



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

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES
DE FEIJÃO-COMUM DO GRUPO PRETO DO
QUARTO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE
PARA PRODUTIVIDADE**

EDUARDO ALMEIDA ALVES

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

Coorientadores:
**Dr. Leonardo Cunha Melo
Dr. Helton Santos Pereira**



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) 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 9.610/98](#), 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.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação Tese Outro*: _____

*No caso de mestrado/doutorado profissional, indique o formato do Trabalho de Conclusão de Curso, permitido no documento de área, correspondente ao programa de pós-graduação, orientado pela legislação vigente da CAPES.

Exemplos: Estudo de caso ou Revisão sistemática ou outros formatos.

2. Nome completo do autor

Eduardo Almeida Alves

3. Título do trabalho

Variabilidade genética de progênies de feijão-comum do grupo preto do quarto ciclo de seleção recorrente para produtividade.

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação. O documento não será disponibilizado 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.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.



Documento assinado eletronicamente por **Eduardo Almeida Alves, Discente**, em 30/04/2025, às 09:29, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Patricia Guimaraes Santos Melo, Professora do Magistério Superior**, em 30/04/2025, às 09:35, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **5021163** e o código CRC **5F7F9A1A**.

EDUARDO ALMEIDA ALVES

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE FEIJÃO-
COMUM DO GRUPO PRETO DO QUARTO CICLO DE SELEÇÃO
RECORRENTE PARA PRODUTIVIDADE**

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

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

Coorientadores:
Dr. Leonardo Cunha Melo
Dr. Helton Santos Pereira

Goiânia, GO - Brasil

Maio, 2025

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Alves, Eduardo Almeida

Variabilidade genética de progênies de feijão-comum do grupo preto do quarto ciclo de seleção recorrente para produtividade [manuscrito] / Eduardo Almeida Alves. - 2025.

CXXVI, 126 f.: il.

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

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2025.

Bibliografia. Apêndice.

Inclui siglas, abreviaturas, gráfico, tabelas.

1. Phaseolus vulgaris L. 2. progresso genético. 3. parâmetros genéticos. 4. diversidade genética. 5. métodos de seleção. I. Melo, Patrícia Guimarães Santos, orient. II. Título.

CDU 631/635



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº 128 da sessão de Defesa de Dissertação de Eduardo Almeida Alves, que confere o título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, na área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas.

Aos onze dias do mês de dezembro de dois mil e vinte e quatro, a partir das treze horas e trinta minutos, no Auditório Roland Vencovsky, realizou-se a sessão pública de Defesa de Dissertação intitulada "Variabilidade genética de progênies de feijão-comum do grupo preto do terceiro ciclo de seleção recorrente para produtividade". Os trabalhos foram instalados pela Orientadora, Professora Doutora Patrícia Guimarães Santos Melo (EA/UFG), com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Doutor João Luis da Silva Filho (Embrapa Algodão), membro titular externo; Doutor Alexandre Siqueira Guedes Coelho (EA/UFG), membro titular interno e Doutor Leonardo Cunha Melo, Coorientador (Embrapa Arroz e Feijão). Durante a arguição os membros da banca fizeram sugestão de alteração do título do trabalho. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação, tendo sido o candidato **Aprovado** pelos seus membros. Proclamados os resultados pela Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA

Variabilidade genética de progênies de feijão-comum do grupo preto do quarto ciclo de seleção recorrente para produtividade



Documento assinado eletronicamente por **Patricia Guimaraes Santos Melo, Professora do Magistério Superior**, em 12/12/2024, às 10:06, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Alexandre Siqueira Guedes Coelho, Professor do Magistério Superior**, em 12/12/2024, às 11:31, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **João Luís da Silva Filho, Usuário Externo**, em 16/12/2024, às 17:52, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **5021164** e o código CRC **5D6B5B83**.

“Alguns querem a linguagem e credibilidade da ciência, mas sem ficarem limitados pelo seu método e suas regras. Porém, parecem não compreender que a credibilidade é consequência do método”.

Carl Sagan

Aos meus pais, Wallessa e Adailton,

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

Ao meu pai, Adailton Almeida da Cruz, e à minha mãe, Wallessa Soares Alves Almeida, por todo o carinho e ensinamentos que propiciaram toda a minha formação, sempre permitindo e influenciando positivamente na minha continuidade nos estudos e formação profissional.

À minha orientadora, Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo, e ao meu coorientador, Dr. Leonardo Cunha Melo, por todo incentivo, apoio e ajuda na completude de minha trajetória acadêmica.

Ao meu coorientador, Dr. Helton Santos Pereira, pela convivência, auxílio contínuo e orientação, desde minha inicial estadia na Embrapa Arroz e Feijão.

Ao Prof. Dr. Alexandre Siqueira Guedes Coelho pelo conhecimento compartilhado comigo durante as aulas e reuniões, assim como pela ajuda e direcionamentos durante o desenvolvimento deste trabalho.

À equipe do setor de melhoramento de feijão-comum da Embrapa Arroz e Feijão, em especial: Dr.^a Paula Torga, Dr. Vilmar, Adelino, Adriano Knupp, Agnaldo, Amarildo Martins, Amanda, Antonio Cosmi, Antonio Rodolfo, Hamilton, João Donizete, Juraci, Lázaro, Luci Teodoro, Mariana Cruzick, Millene, Nilda Pessôa, Tamillys, Paulo Stival e Sebastião Honorato.

Ao Núcleo de Estudos em Genética Melhoramento e Conservação de Plantas – EuGeM, e todos os membros, por contribuírem positivamente no avanço de minhas capacidades acadêmicas e profissionais.

Aos meus colegas do setor de melhoramento de plantas, em especial: Dr. Flávio Pereira, Dr.^a Nayana, Dêmila Duarte, Lucas Lemes, Marco Bahia, Dr. Márcio Guedes, Dr. Renato Menezes, Laís Gabriela, Bruna Florêncio, Laryssa Reis, Marcos Lopes, Ikio Aline, Alessandra, Luciana, Sylluana, Sandy, Thamylla, Renato Gomide, Camila, Cristian, Marília, Letícia, Wanessa, Felipe Pedroso e Lucas Fernandes.

À Universidade Federal de Goiás – UFG e à Embrapa Arroz e Feijão por toda infraestrutura e apoio institucional indispensáveis em minha formação.

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

Muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO	5
ABSTRACT	6
1 INTRODUÇÃO	7
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	9
2.1 ORIGEM DO FEIJÃO-COMUM	9
2.2 IMPORTÂNCIA SOCIOECONÔMICA DO FEIJÃO-COMUM.....	10
2.3 MELHORAMENTO DO FEIJÃO-COMUM.....	18
2.4 SELEÇÃO RECORRENTE.....	22
2.4.1 Parâmetros genéticos	32
2.4.2 Marcadores moleculares e diversidade genética	36
3 MATERIAL E MÉTODOS	40
3.1 CARACTERIZAÇÃO E DELINEAMENTO EXPERIMENTAL.....	40
3.1.1 Material genético	40
3.1.2 Estrutura experimental	42
3.2 ANÁLISES FENOTÍPICAS	43
3.2.1 Arquitetura e acamamento de plantas	43
3.2.2 Resistência a doenças	43
3.2.3 Produtividade e qualidade comercial de grãos	44
3.3 MARCADORES MOLECULARES	44
3.4 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	46
3.4.1 Análise de variância individual	46
3.4.2 Componentes quadráticos e parâmetros genéticos	47
3.4.3 Análise de variância conjunta	51
3.4.4 Componentes de variância e parâmetros genéticos	52
3.5 CORRELAÇÕES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS E AMBIENTAIS	60
3.6 DIVERSIDADE GENÉTICA	60
3.7 ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA.....	61
3.8 CRITÉRIOS E MÉTODOS DE SELEÇÃO	61
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	63
4.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIA INDIVIDUAL	63
4.2 ANÁLISE DE VARIÂNCIA CONJUNTA.....	65
4.2.1 Proporção da variância fenotípica	68
4.2.2 Componentes de variância e parâmetros genéticos	70
4.3 CORRELAÇÕES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS E AMBIENTAIS	76
4.4 MÉTODOS DE SELEÇÃO	78
4.5 ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA.....	83
4.6 DIVERSIDADE GENÉTICA	85
4.7 MÉDIAS E MÉTODOS DE SELEÇÃO	95
5 CONCLUSÕES	98
6 REFERÊNCIAS	99
APÊNDICES	111

RESUMO

ALVES, E. A. **Variabilidade genética de progênies de feijão-comum do grupo preto do quarto ciclo de seleção recorrente para produtividade.** 2025. 126 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2025.¹

A produtividade de grãos segue como o principal objetivo dos programas de melhoramento. Em razão da natureza quantitativa e poligênica deste caráter, os métodos de seleção recorrente são os mais indicados para se conseguir avanços rápidos e efetivos, pois promovem o acúmulo contínuo de alelos favoráveis. Em feijão-comum, as cultivares de sucesso sempre associam produtividade com qualidade comercial de grãos. Objetivou-se neste trabalho estimar parâmetros e avaliar a diversidade genética de progênies de feijão-comum do terceiro ciclo de seleção recorrente para produtividade, do grupo preto, para composição do próximo ciclo de seleção e recombinação. Para obtenção das populações foram utilizados 13 genitores. Nas gerações iniciais foram avaliadas 500 progênies em S_{0:1}, S_{0:2} e S_{0:3}, sendo selecionadas 35 progênies para progresso da geração S_{0:4}. As 35 progênies S_{0:4} e quatro testemunhas foram avaliadas em ensaios conduzidos em delineamento de blocos casualizados (DBC), com três repetições e parcelas de três linhas de três metros, em cinco ambientes, nos estados de Goiás e Paraná. Foi mensurado a produtividade (PROD) (kg ha⁻¹), massa de 100 grãos (M100) (g), rendimento de peneira (RP) (%), acamamento (ACA) e arquitetura de plantas (ARQ), resistência às doenças, como *Fusarium oxysporum* (FOP) e antracnose (AN). Os genótipos foram amostrados para acesso da informação molecular por meio de marcadores microssatélites (SSR). Realizou-se análise de variância, estimação de parâmetros genéticos e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais. Os dados dos marcadores SSR foram utilizados para estimação da divergência e estruturação genética. Para seleção das melhores progênies utilizou-se o algoritmo Kennard-Stone e o índice de seleção de Mulamba & Mock. As médias gerais para PROD, M100 e RP foram 2846 kg ha⁻¹, 21,36 gramas e 86,70%, respectivamente. A análise de variância demonstrou efeito significativo para genótipos, evidenciando variabilidade genética entre as progênies, e para a interação genótipos por ambientes, indicando resposta diferencial das progênies nos diferentes ambientes. A herdabilidade evidenciou alta magnitude para PROD, com 67,97%, alta para M100, com 90,67%, e intermediária para RP, com 74,29%. O ganho esperado considerando a seleção individualizada de caracteres foi de 6,01%, 3,47% e 2,77% para PROD, M100 e RP, respectivamente. A análise molecular indicou agrupamento não consistente e ausência de estruturação genética. Dentre as diferentes estratégias de seleção, utilizando o índice de Mulamba & Mock, o uso do índice com pesos econômicos alcançou melhor ganhos com a seleção concomitante para PROD (5,65%), M100 (1,29%) e RP (1,23%). Para composição do próximo ciclo de recombinação dez progênies foram selecionadas. As dez progênies superiores serão utilizadas para desenvolver novas linhagens elite e para recombinação que dará origem a população do próximo ciclo de seleção recorrente.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., progresso genético, parâmetros genéticos, diversidade genética, métodos de seleção.

¹ Orientadora: Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo. Universidade Federal de Goiás.

¹ Coorientadores: Dr. Leonardo Cunha Melo e Dr. Helton Santos Pereira. Embrapa Arroz e Feijão.

ABSTRACT

ALVES, E. A. **Genetic variability of common bean progenies of the black group from the fourth cycle of recurrent selection for grain yield.** 2025. 126 p. Dissertation (Master in Genetics and Plant breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2025.¹

Grain yield remains the primary objective of plant breeding programs. Due to the quantitative and polygenic nature of this trait, recurrent selection methods are the most appropriate for achieving rapid and effective genetic gains, as they promote the continuous accumulation of favorable alleles. In common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), successful cultivars consistently integrate high yield with commercial grain quality. The present study aimed to estimate genetic parameters and assess the genetic diversity of common bean progenies from the third cycle of recurrent selection for grain yield, within the black bean market class, to guide the composition of the subsequent selection and recombination cycle. To obtain experimental populations, 13 parental genotypes were utilized. In the initial generations, 500 progenies were evaluated at the $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, and $S_{0:3}$ stages, with 35 progenies selected for advancement to the $S_{0:4}$ generation. The 35 $S_{0:4}$ progenies, along with four control cultivars, were evaluated in field trials arranged in a randomized complete block design (RCBD) with three replications. The experimental plots consisted of three-row plots, each three meters in length, across five environments located in the states of Goiás and Paraná. The following agronomic traits were assessed: grain yield (GY) (kg ha^{-1}), 100-seed weight (100M) (g), sieve yield (SY) (%), lodging (LOD), and plant architecture (PAR). Additionally, disease resistance evaluations were conducted for *Fusarium oxysporum* (FOP) and anthracnose (AN). The genotypic characterization was performed using molecular data obtained from microsatellite (SSR) markers. Statistical analyses included analysis of variance, estimation of genetic parameters, and the calculation of genetic, phenotypic, and environmental correlations. The SSR marker data were used to estimate genetic divergence and population structure. For the selection of superior progenies, the Kennard-Stone algorithm and the Mulamba & Mock selection index were applied. The overall means for GY, 100M, and SY were 2846 kg ha^{-1} , 21.36 g, and 86.70%, respectively. Analysis of variance revealed a significant effect for genotypes, demonstrating genetic variability among progenies, as well as a significant genotype-by-environment interaction, indicating differential progeny responses across the tested environments. Heritability estimates were high for GY (67.97%) and 100M (90.67%) and intermediate for SY (74.29%). The expected genetic gain based on individual trait selection was 6.01% for GY, 3.47% for 100M, and 2.77% for SY. Molecular analysis revealed inconsistent clustering patterns and a lack of clear genetic structuring. Among the different selection strategies evaluated, the Mulamba & Mock index with economic weighting yielded the highest selection gains for GY (5.65%), 100M (1.29%), and SY (1.23%). Based on these results, ten superior progenies were selected for inclusion in the next recombination cycle. These progenies will be used to develop new elite lines and to generate the population for the subsequent cycle of recurrent selection.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., genetic progress, genetic parameters, genetic diversity, selection methods.

¹ Advisor: Prof. Dr. Patrícia Guimarães Santos Melo. Universidade Federal de Goiás.

¹ Co-advisors: Dr. Leonardo Cunha Melo and Dr. Helton Santos Pereira. Embrapa Arroz e Feijão.

1 INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) evidencia-se como uma cultura versátil nos sistemas de produção brasileiros, pois pode ser cultivado na maior parte dos estados da federação em até três safras (“Águas”, “Seca” e “Inverno” ou 1º, 2º e 3º safra) e em variados níveis tecnológicos (Melo et al., 2007; Pereira et al., 2009). Na safra 2022/2023, a produção total foi de 3,07 milhões de toneladas (CONAB, 2023). Neste contexto, o Brasil segue como o segundo maior produtor do mundo e figura entre os dez maiores consumidores (Embrapa Arroz e Feijão, 2024; FAOSTAT, 2025).

Os incrementos sucessivos em produtividade seguem como o principal objetivo nos programas de melhoramento. No entanto, a natureza poligênica e influência do ambiente no controle e herança deste caráter torna o processo de desenvolvimento de linhagens laborioso (Ramalho et al., 2012a). Além da produtividade, outros caracteres possuem importância na efetiva adoção de uma cultivar, como resistência a doenças, adaptação à colheita mecanizada, estabilidade de produção e qualidade comercial dos grãos.

A qualidade comercial de grãos é um fator determinante na comercialização de grãos. Neste contexto, o produtor almeja maior produção, a indústria e o consumidor o atendimento a qualidade dos grãos (Pereira et al., 2017). Regionalmente o consumidor apresenta distinções quanto a exigência comercial dos grãos (Melo, 2009; Pereira et al., 2017). Para os grãos do tipo carioca prioriza-se massa de grãos de 25 a 27 gramas, fundo do grão e rajas mais claras (Pereira et al., 2017; Dias et al., 2021). Para grãos do tipo preto a exigência comercial quanto ao aspecto visual é por grãos com ausência de coloração azulada ou arroxeadas. Logo, genótipos que apresentem adequado padrão comercial de grãos e produtividade são os objetivos dos programas de melhoramento.

A base genética utilizada para o desenvolvimento de populações é estreita, restrita em função da exigência comercial para qualidade de grãos (Del Peloso & Melo, 2006). Chiorato et al. (2010) avaliaram os ganhos genéticos em feijão-comum de 1989 a 2007, identificando que após a inserção de avaliações de qualidade de grãos não houve ganhos genéticos significativos para produtividade. O uso de hibridações e avanço de populações segregantes, sem recombinações, não mantém eficientemente a variabilidade genética nas novas populações desenvolvidas. Portanto, o uso da seleção recorrente como

método de melhoramento de populações possui melhor capacidade em desenvolver genótipos produtivos e com maior qualidade de grãos a longo prazo, em razão do acúmulo de alelos favoráveis, visto que essas são as principais características quantitativas no desenvolvimento de novas cultivares (Del Peloso & Melo, 2006).

A seleção recorrente utiliza sucessivos ciclos de obtenção, seleção e recombinação de genótipos, promovendo o avanço genético em consonância à manutenção da variabilidade genética (Ramalho et al., 1993, 2012b). Vários estudos já foram realizados utilizando a seleção recorrente em feijão-comum (Ramalho et al., 2005; Lopes et al., 2019; Cerutti et al., 2021; Queiroz et al., 2021). Para caracteres quantitativos e influenciados por muitos genes, como produtividade, a seleção recorrente evidencia melhor resultado a longo prazo por acumular progressivamente os alelos favoráveis (Ramalho et al., 1993; Vello & Nazato, 2017).

Os parâmetros genéticos são indicativos do avanço com a seleção e predição do ganho genético. As informações de marcadores moleculares, concomitantemente a medidas de diversidade, são eficientes em demonstrar a estratificação e proporção dos alelos dos genitores presentes nas progênes (Melo et al., 2019). Neste sentido, a informação genômica permite coordenar a escolha e determinar o potencial de genitores na exploração eficiente da variabilidade genética em futuras combinações.

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros e avaliar a diversidade genética de progênes de feijão-comum, de um programa de seleção recorrente, do grupo preto, selecionando, para composição do próximo ciclo de recombinação e seleção, genótipos que associem caracteres agronômicos e comerciais.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 ORIGEM DO FEIJÃO-COMUM

A origem do feijão-comum se encontra nas Américas, em uma área que se estende por mais de 7.000 km da América do Norte até o sul da cordilheira dos Andes (Ramalho et al., 1993). Mais precisamente, localizado nas porções geográficas do México, atravessando a América Central e se estendendo à América do Sul, no Peru, Colômbia e norte da Argentina (Gepts & Debouck 1991; Del Peloso & Melo, 2006).

Os estudos arqueológicos são fundamentais para a consolidação do mapeamento, da documentação e da datação da origem do feijão-comum (Freitas, 2006). Em consonância a estes estudos, a utilização de biomarcadores também é essencial para distinções entre grupos gênicos. Neste contexto, os trabalhos relacionados à faseolina, principal proteína de reserva do feijoeiro (Del Peloso & Melo, 2006), utilizam este caráter para diferenciação quanto à região de origem. Os usos da faseolina como marcador evolutivo é particularmente importante porque cada tipo da proteína demonstra uma complexidade molecular única (Gepts & Debouck, 1991). Ademais, caracteres obtidos a partir do advento de ferramentas moleculares, comparativamente aos morfológicos, não se submetem a influências diretas e preferências desencadeadas à pressão de seleção artificial (Gepts & Debouck, 1991). Alguns caracteres moleculares podem não influenciar marcadamente no fenótipo, logo, são menos submetidos a seleções direcionadas (Del Peloso & Melo, 2006). Portanto, a faseolina pode ser usada como marcador para traçar a origem do feijão-comum (Gepts, 1984, 1988a apud Gepts & Debouck, 1991), distinguindo as preferências fenotípicas e a variabilidade genética sob o processo de domesticação.

Os estudos arqueológicos demonstram que a domesticação e as diferentes origens no continente americano proveram grãos distintos. Cultivares da América Central apresentam grãos menores, já os materiais originários da região América do Sul possuem grãos maiores. Os grãos com menor tamanho são denominados grãos de origem mesoamericana, já os grãos de maior tamanho são denominados de origem andinas. As diferenças associadas aos nomes dos grãos com padrões distintos de tamanho estão relacionadas as áreas geográficas. Os grãos mesoamericanos, nome referendado à região

meridional da América, são originários das regiões da América Central e México. Comparativamente, os grãos andinos, que recebem este nome em referência às regiões próximas e circunscritas à cordilheira dos andes, são originários da América do Sul (Gepts & Debouck, 1991). Conforme relatado por Gepts (1984) citado por Ramalho et al. (1993), propõem-se a existência de duas áreas de domesticação para o feijão-comum. Uma região na América Central, originando grãos pequenos e com faseolina do tipo S, duas regiões presentes nos Andes, ao norte, grãos também pequenos e faseolina S, e sul dos Andes, grãos grandes e faseolinas do tipo T, C, H e A (Ramalho et al., 1993).

Além das diferenças entre os grãos, as distintas origens do feijão também influenciaram em outros caracteres morfológicos. Conforme relatado por Vanderborght (1982, 1983 e 1986) citado por Gepts & Debouck (1991) plantas de feijão-comum silvestres apresentam diferenças morfológicas em razão da sua origem. Comparativamente às formas silvestres do sul dos Andes, o feijão-comum silvestre originário do México apresenta, morfológicamente, brácteas florais maiores, mais nós florais por racemo, pedúnculo do racemo mais curto e sementes menores (Gepts & Debouck, 1991). Além disso, as variedades silvestres, em razão da menor proporção de flores que atingem a maturação, possuem menores quantidades de vagens e sementes (Del Peloso & Melo, 2006). Gepts & Debouck (1991) discutem como as diferentes áreas geográficas de domesticação do feijão-comum influenciaram em distinções morfológicas entre os tipos selvagens e cultivados. Conforme os autores, fica evidente as influências da domesticação, e consequentemente a seleção de indivíduos, na distinção fenotípica entre materiais silvestres e cultivados. Marcadamente, genótipos cultivados passaram a demonstrar internódios mais curtos, maior variabilidade do tamanho das folhas, incluindo folhas, vagens e grãos maiores. Neste contexto, vários caracteres sofreram alterações, como o hábito de crescimento, dimensões foliares, sensibilidade ao fotoperíodo, coloração e tamanho dos grãos.

2.2 IMPORTÂNCIA SOCIOECONÔMICA DO FEIJÃO-COMUM

O feijão é um alimento de origem vegetal com alto consumo direto e acessível em carboidratos, proteínas e minerais (Hayat et al., 2014; Izquierdo et al., 2018). O valor nutricional do feijão torna possível a segurança alimentar de várias populações, principalmente para aquelas com menor poder aquisitivo (Posse et al., 2010; Barbosa & Gonzaga, 2012). O Brasil segue como um dos maiores consumidores do mundo (FAOSTAT,

2025). A grande parte do consumo de feijão-comum no Brasil é de grãos do tipo carioca, que possuem coloração bege clara no fundo dos grãos e listras marrons claras. Este tipo de grão, que ainda demonstra exigência regional distinta pela qualidade comercial, representa 70% do mercado consumidor (Melo, 2009; Pereira et al., 2017). O grupo de grãos do tipo preto é o segundo mais consumido representando 20% do mercado, e os feijões especiais e de exportação representam 10% restantes (Melo, 2009).

No ano de 2023, a produção mundial de feijão foi de 28,50 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2025). De acordo com dados da FAO, de 1961 a 2023, ou seja, em 62 anos, a produção mundial de feijão aumentou em 253,87% (Figura 1). Neste contexto, o ano de 2017 foi o ano de maior produção histórica (FAOSTAT, 2025).

A área total destinada ao cultivo do feijão aumentou ao longo do tempo, em 1961, 22,76 milhões de hectares foram utilizados para o cultivo do feijão, e, em 2023, 37,75 milhões hectares (Figura 1), um aumento de 65,81% de 2023 em relação a 1961 (FAOSTAT, 2025). Nos dados mundiais da FAO estão incluídas informações da quase totalidade de informações presentes no mundo. Posto isto, deve-se considerar que o aumento da área se deve, em grande parte, à necessidade do aumento da produção de feijão para atendimento da demanda mundial. Ademais, parte das áreas mundiais de cultivo do feijão não adotam elevado nível tecnológico, o que influencia diretamente na manutenção da ampliação de áreas para aumento da produção. Soma-se a isto as características inerentes a cada sistema de cultivo, como, por exemplo, o manejo fitotécnico adotado, influenciando positivamente ou negativamente em uma maior produtividade.

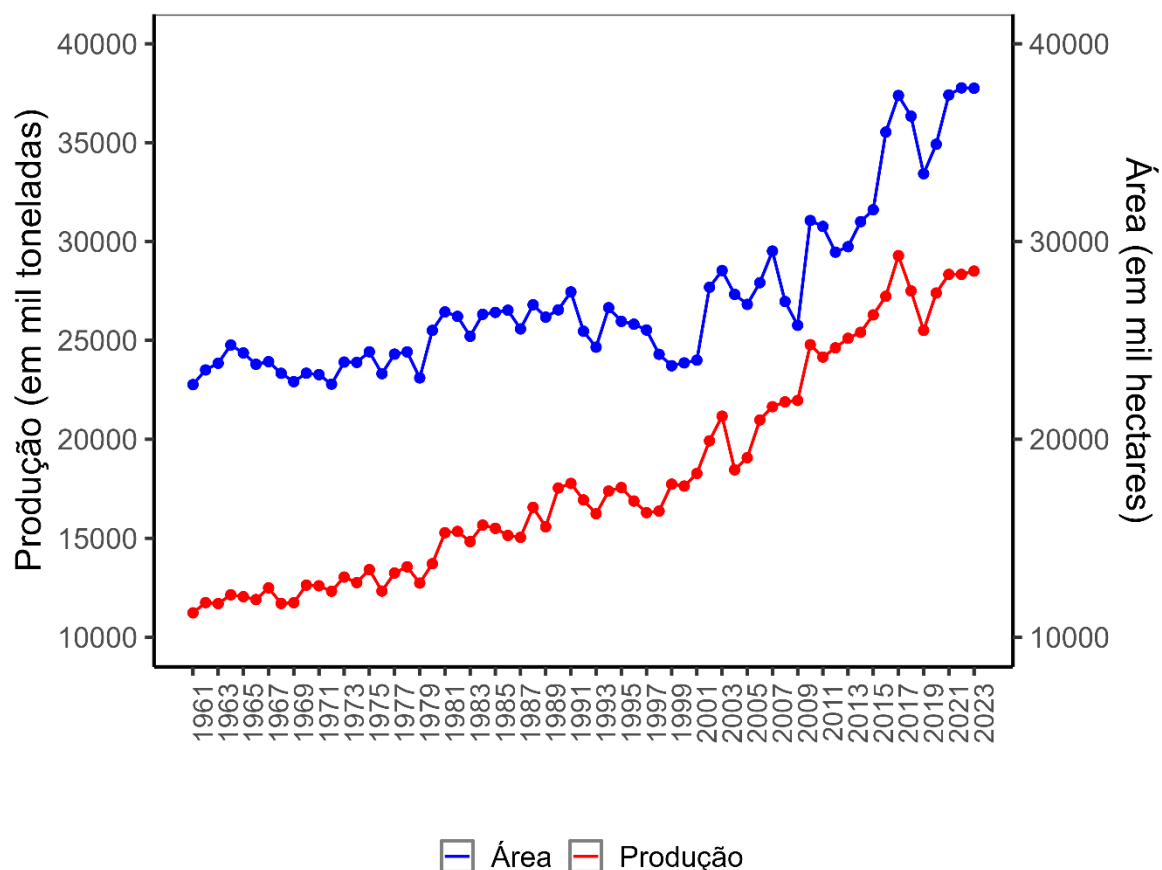


Figura 1. Área e produção mundial de feijão de 1961 a 2023 (Fonte: FAOSTAT, 2025).

Nas considerações de regiões continentais (Figura 2), a Ásia é o continente com maior produção mundial, 12,57 milhões de toneladas em 2023 (44,10% do total), sendo seguida pela África, com 8,32 milhões de toneladas (29,20%), América, com 7,08 milhões (24,85%), Europa com 341,70 mil toneladas (1,20%) e Oceania com 185,00 mil toneladas (0,65%) (FAOSTAT, 2025).

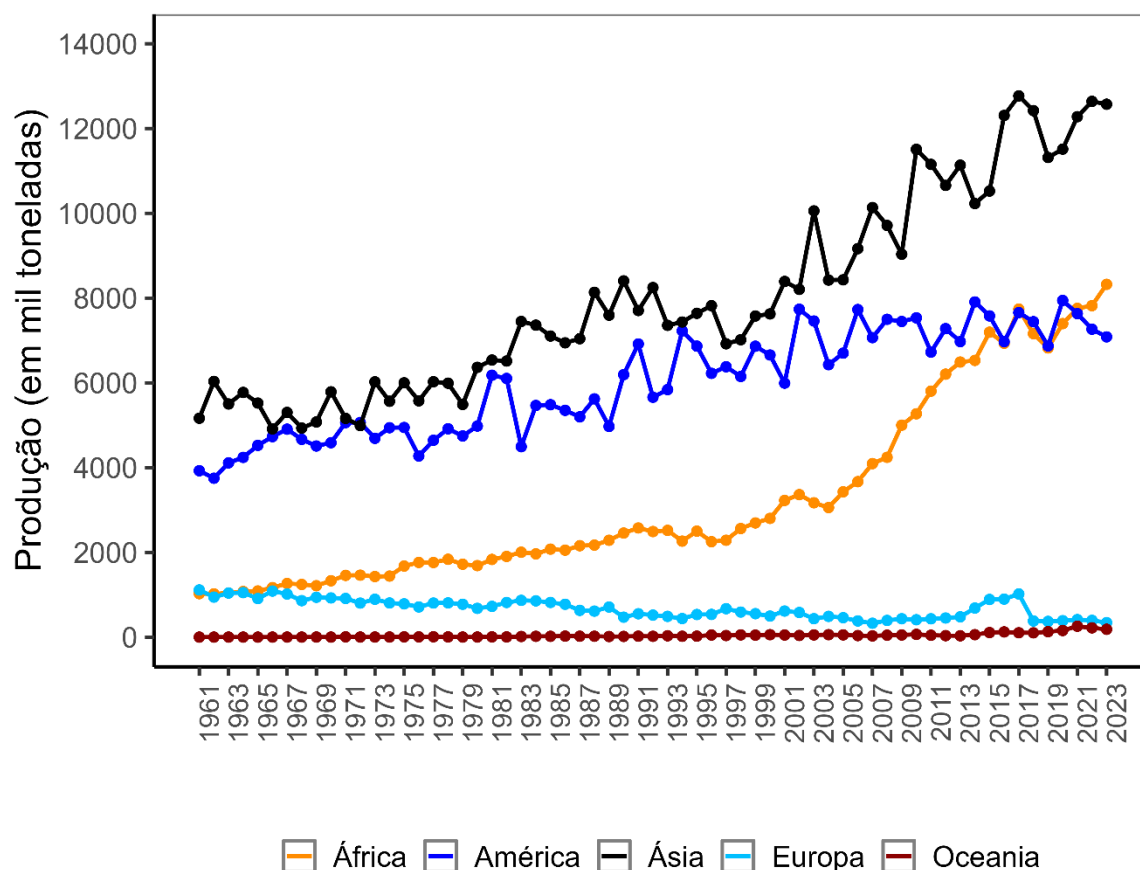


Figura 2. Produção total dos cinco continentes de 1961 a 2023 (Fonte: FAOSTAT, 2025).

O Brasil é o segundo maior produtor de feijão do mundo (FAOSTAT, 2025). No ano de 1985 a área de cultivo e a produção total foram, respectivamente, de 4,80 milhões de hectares e 2,47 milhões de toneladas, resultando em uma produtividade de 514 kg ha⁻¹ (Figura 3) (Embrapa Arroz e Feijão, 2024). Já em 2023 o cenário entre as curvas de produção e área plantada se inverteu, com uma produtividade média de 1.676 kg ha⁻¹, a área de cultivo foi 1,50 milhões de hectares e a produção total de 2,51 milhões de toneladas (Embrapa Arroz e Feijão, 2024).

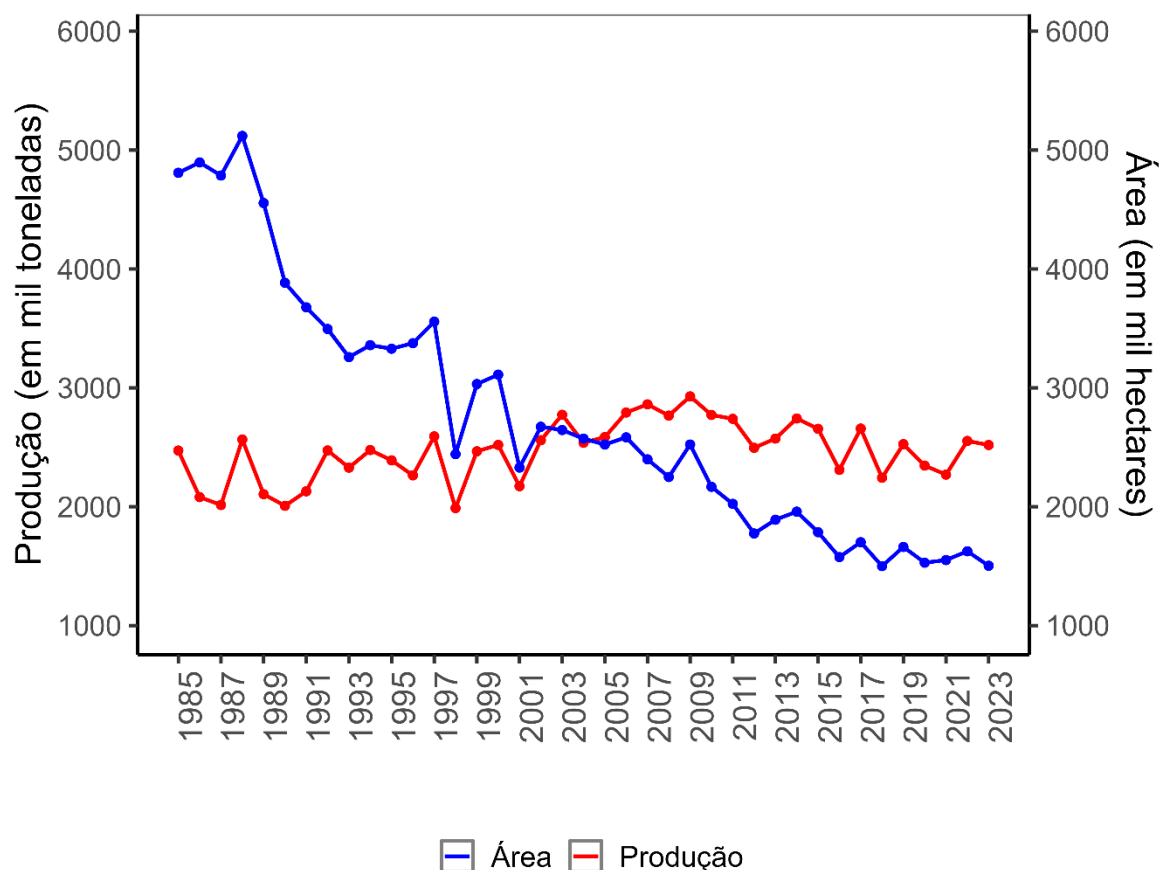


Figura 3. Área e produção total do Brasil de 1985 a 2023 (Fonte: Embrapa Arroz e Feijão, 2024).

Em uma análise por regiões, o Sudeste é o maior produtor, contribuindo com 33% (757,38 mil t) da produção nacional no ano de 2021, seguido pela região Sul, com 33% (731,59 mil t), Centro-oeste, representando 27% (610,89 mil t), Nordeste, com 6% (141,61 mil t) e região Norte, com 1% (28,37 mil t) (Embrapa Arroz e Feijão, 2024). Os cinco estados com maior produção nacional são, nesta ordem, Paraná (544,10 mil t), Minas Gerais (537,42 mil t), Goiás (297,79 mil t), Mato Grosso (273,80 mil t) e São Paulo (208,88 mil t). Estes estados concentram cerca de 82% da produção total do Brasil. Apenas o estado do Paraná (24%) e de Minas Gerais (24%) representam, conjuntamente, 48% da produção.

O feijão-comum é semeado na maior parte dos estados brasileiros, em até três safras, durante o ano (Melo et al., 2007; Pereira et al., 2009). A primeira safra, ou também conhecida como safra das “Águas”, tem às sementeiras ocorrendo de agosto a novembro, já a segunda safra ou “Seca” possui os meses dezembro a março como período da sementeira; a terceira safra ou “Inverno” apresenta como época os meses abril a julho (Pereira et al., 2010; Faria et al., 2013a). Estas épocas de cultivo do feijão-comum durante o ano agrícola

garantem o fornecimento ideal de grãos durante todo o ano para o mercado consumidor. Além de que, comparativamente a outras culturas agrícolas, como a soja, milho, sorgo e trigo, as três épocas de cultivo do feijão garantem menor variação dos preços de mercado em função de sazonalidades de produção.

Historicamente, a safra das “Águas” provém maior produção durante o ano, sendo, a safra da “Seca” e do “Inverno”, a segunda e terceira safras com maiores produções, respectivamente. No ano de 1985 a safra das “Águas”, “Seca” e “Inverno” apresentaram uma produção de 1,39 milhão toneladas, 998,37 mil toneladas e 80,21 mil toneladas, respectivamente (Figura 4); já em 2023, foram, nesta ordem: 740 mil toneladas, 1.001 mil toneladas e 777 mil toneladas (Embrapa Arroz e Feijão, 2024). Estes resultados demonstram que ocorreu maior disponibilização das produções de feijão ao longo do ano, diminuindo a dependência a apenas uma única época do ano. Esses efeitos também são devidos à maior diversificação das áreas de produção ao longo do tempo. Como na época das “Águas” há maior concorrência do plantio do feijão com a soja, e a época da “Seca” com o cultivo do milho, por vezes, alguns produtores utilizam a safra do “Inverno”, nas áreas disponíveis com irrigação, para o cultivo do feijão. Contribui a este último aspecto o aumento das áreas disponíveis com irrigação, saltando de 462 mil ha, em 1960, a 6,95 milhões de ha, em 2015 (ANA, 2017). De 2004 a 2013 a contribuição da terceira safra de feijão aumentou de 5,4% a 17,6%, em razão do uso de irrigação (ANA, 2017). Portanto, estes são alguns dos fatores que explicam o incremento tanto da área de cultivo como de produção de 1985 (82 mil ha; 80 mil t) a 2023 (264 mil ha; 777 mil t) na safra de “Inverno” ou terceira safra.

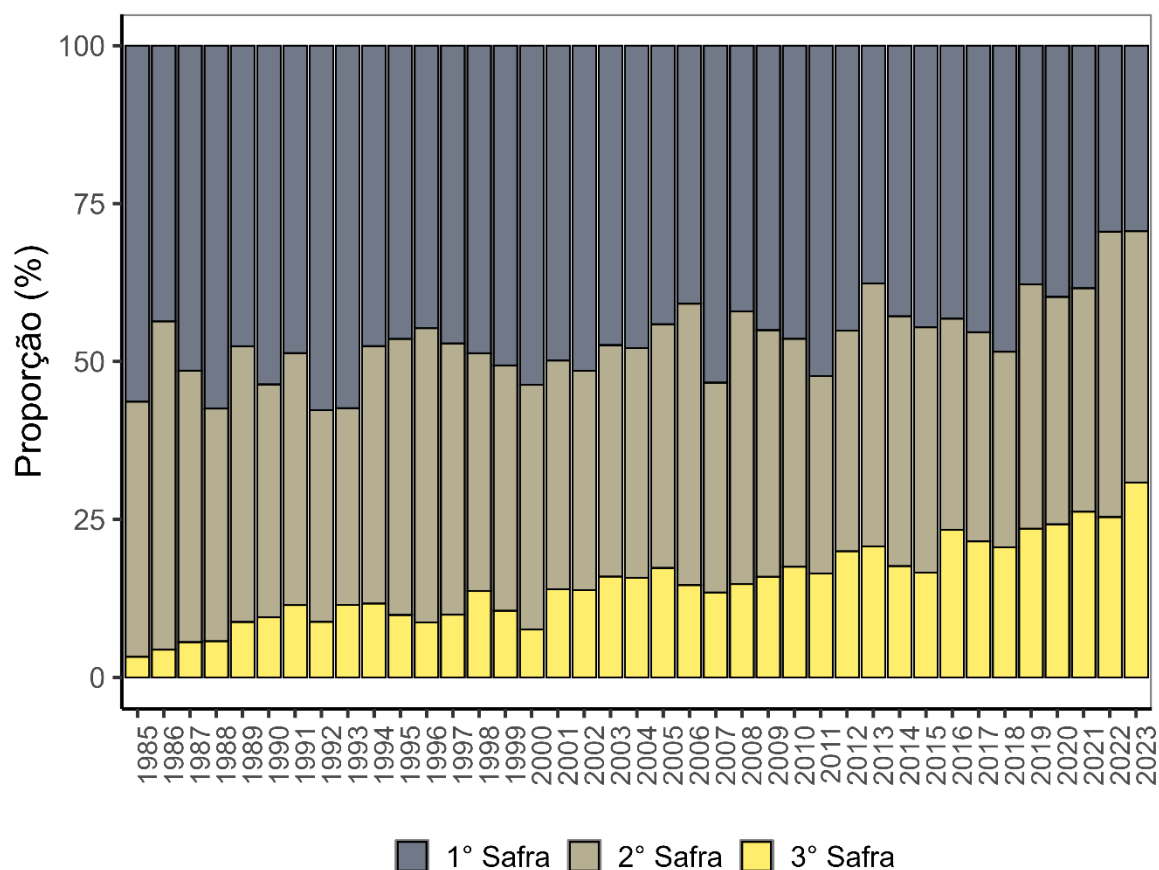


Figura 4. Proporção da produção total das safras brasileiras de feijão-comum de 1985 a 2023 (Fonte: Embrapa Arroz e Feijão, 2024).

O Brasil segue como um dos dez maiores consumidores de feijão do mundo, no ano de 2022 a média *per capita* anual foi de 11,97 kg, acima da média mundial de 2,72 kg (FAOSTAT, 2025). Historicamente, o consumo de feijão no Brasil vem apresentando decréscimos ao longo do ano. Em 2010, o consumo foi de 16,12 kg *per capita*⁻¹ ano⁻¹, já, em 2022, foi de 11,97 kg *per capita*⁻¹ ano⁻¹ (Figura 5).

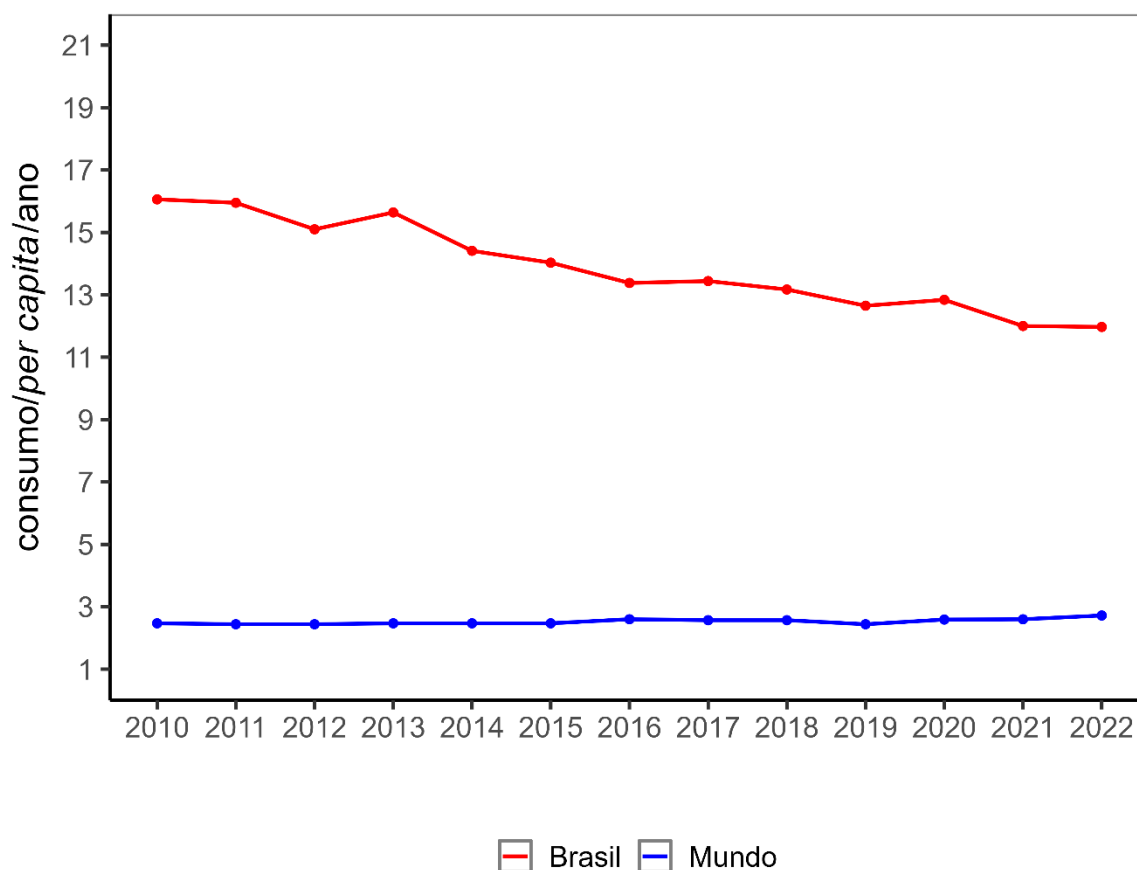


Figura 5. Consumo brasileiro e mundial de feijão de 2010 a 2022 (Fonte: FAOSTAT, 2025).

Mundialmente a Índia, China e os Estados Unidos da América são os três maiores importadores de feijão com valores, em 2020, de 510,00, 263,00 e 209,00 mil toneladas, respectivamente (FAOSTAT, 2025). Neste sentido, o Brasil figura como o 11º maior importador no ano de 2020, com uma importação de 114,00 mil toneladas (FAOSTAT, 2025).

Em relação às estimações de exportações, em 2020, à nível mundial, Myanmar, com 1.182,00 mil toneladas, Estados Unidos da América, com 445,00 mil toneladas, e Argentina, com 423,00 mil toneladas, figuram como os três maiores exportadores de feijão (FAOSTAT, 2025). Neste contexto, o Brasil segue como o 9º maior exportador com 143,00 mil toneladas em 2020 (FAOSTAT, 2025) e 150,00 mil toneladas em 2023 (CONAB, 2023).

2.3 MELHORAMENTO DO FEIJÃO-COMUM

Pioneiramente, em 1932, o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) iniciou seu programa de melhoramento de feijão-comum, apresentando maior sucesso em 1970 (Carbonell et al., 2012), sendo elencado como o programa de melhoramento de feijão mais antigo do Brasil (Pompeu (1993) apud Bezerra et al., 2021). Já no Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR) as atividades do programa de melhoramento começaram em 1973 (Moda-Cirino et al., 2012).

No Brasil, factualmente, o trabalho realizado para o melhoramento da cultura do feijão-comum é realizado por meio do setor público através de universidades e institutos de pesquisa, no âmbito nacional ou estadual. As universidades federais de Lavras (UFLA), de Viçosa (UFV), e a Escola Superior de Agricultura Luíz de Queiroz (ESALQ-USP), em conformidade com seus programas de pós-graduação, atuaram na montagem e implementação de programas de melhoramento de feijão-comum. Os trabalhos e colaborações conjuntas entre as universidades federais, institutos e empresas públicas de pesquisa são fundamentais para o desenvolvimento de novos genótipos e indicações regionalizadas de cultivares, principalmente no estado de Minas Gerais (Sediyama et al., 2012).

Em 1973, com a criação da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA, houve a implementação de um programa de melhoramento de feijão-comum, com perspectivas e abrangência nacional. Deste modo, os institutos de pesquisa como o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e o Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR), atualmente denominado Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR-Paraná), também atuam na manutenção de programas de melhoramento do feijão-comum, promovendo o desenvolvimento de novas cultivares para indicação a nível nacional, mas, mais precisamente, a nível regional, com uma eficiência na indicação regionalizada e específica de genótipos. Com relação ao setor privado, verifica-se maior atuação das empresas Agro Norte pesquisa e sementes Ltda. e TAA sementes.

No Brasil, a principal demanda é por grãos do tipo comercial carioca, em nível internacional isto não ocorre. Logo, mundialmente a grande demanda por esse tipo de grão é brasileira. Neste contexto, a exigência mercadológica por padrões de grãos carioca faz com que o Brasil necessite alcançar uma autossuficiência. Na ausência de um cenário favorável, ou seja, de autossuficiência, as diferenças nas curvas de oferta e demanda gerarão crises no

preço adotado no mercado, sendo estas crises denominadas “crises do feijão”. Estas crises ocorriam devido a interrupção da produção por motivos climáticos (Vieira et al., 2006), ou por motivos bióticos. Ainda, a manutenção da demanda e interrupção da oferta durante o ano desencadeavam um aumento do preço, impossibilitando o acesso de algumas populações a oferta de grãos. Portanto, é fundamental que o país adote estratégias de pesquisa e mercado para a manutenção de sua produção, garantindo fornecimento interno de grãos. Os programas de melhoramento brasileiros são essenciais neste sentido, promovendo o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas a distintas condições de cultivos e tolerantes a estresses bióticos e abióticos.

Para a fundamentação e consolidação de programas de melhoramento de feijão-comum brasileiros, é crescente a atuação e fortalecimento do poder público, já que a iniciativa privada não assume protagonismo no desenvolvimento de novas cultivares. A ausência da iniciativa privada se correlaciona com a baixa utilização de sementes certificadas pelos agricultores. No ano de 2021 apenas 18% de sementes certificadas foram utilizadas (Abrasem, 2023).

A busca por incrementos potenciais de produtividade segue como um dos objetivos principais de um programa de melhoramento. A produtividade do feijão-comum é definida pelo ambiente de produção e potencial genético de características como hábito de crescimento, número de vagens e grãos por vagem (Graham & Ranalli, 1997). Além da produtividade, outros caracteres assumem grande importância na adoção efetiva de um novo genótipo, como arquitetura de plantas, resistência a doenças e qualidade de grãos. Nas áreas de produção de feijão melhoria em arquitetura de plantas é relacionada a prospecção de plantas mais eretas, angulação mais estreita entre os ramos e menor comprimento dos ramos e pecíolos. Este tipo de arquitetura é preconizado para favorecer a colheita de plantas mecanizada de forma direta. Plantas tipo I são de hábito de crescimento determinado e plantas do tipo II de hábito indeterminado, ambas possuem arquitetura ereta sendo referenciadas para regiões de alta umidade e com presença de doenças de solo, já plantas com hábito indeterminado do tipo III, com arquitetura prostada, e IV, com grande capacidade trepadora, são mais bem posicionadas para regiões semiáridas permitindo compensar baixa densidade de plantio e tolerar a seca (Graham & Ranalli, 1997; Vieira et al., 2013). Conforme relatado por Kelly & Adams (1987), plantas de hábito de crescimento tipo II são adaptadas, principalmente, a ambientes mais quentes, úmidos e com baixa altitude, enquanto plantas do tipo III são favorecidas a ambientes mais frios e semiáridos.

Distintas doenças são problemas para o cultivo do feijão-comum, dentre as principais, podemos citar a antracnose [*Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magn.) Scribner], crestamento bacteriano comum [*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Smith) Vaut], ferrugem [*Uromyces appendiculatus* (Pers) Unger], mancha angular [*Pseudocercospora griseola* (Sacc) Ferr], murcha de *curtobacterium* [*Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Hedges) Collins & Jones], mosaico dourado (*Bean Golden Mosaic Virus* - BGMV), murcha de *fusarium* (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*), podridão-radicular-seca (*Fusarium solani* f. sp. *phaseoli*), podridão-radicular (*Rhizoctonia solani*) e mofo-branco (*Sclerotinia sclerotiorum*). O desenvolvimento de cultivares que apresentem tolerância ou resistência a estes fitopatógenos são importantes para adoção de uma nova cultivar e manutenção da viabilidade de produção do feijão-comum em algumas regiões. Neste sentido, os programas de melhoramento para o feijão-comum têm objetificado a melhoria de caracteres agronômicos, como precocidade, menores perdas durante a colheita e estabilidade de produção (Melo et al., 2019), mas também resistência a estresses bióticos.

Os resultados de aumento de produtividade podem ser explicados pelos avanços no desenvolvimento de cultivares com maior potencial genético, adaptação e melhoria das estratégias fitotécnicas. Neste contexto, cerca de 50% do avanço pode ser elencado ao melhoramento genético de plantas (Borém et al., 2017). Os aumentos sucessivos dos potenciais genéticos dos genótipos desenvolvidos pelos melhoristas, representados pelas novas cultivares disponibilizadas ao mercado, propiciam o sucesso agrícola do Brasil (Ramalho et al., 2012c).

Faria et al. (2013b) avaliaram o progresso genético para a cultura do feijão-comum, do tipo comercial carioca, evidenciando ganhos de 0,72% por ano para produtividade, 2,00% para arquitetura e acamamento de plantas e 2,40% para qualidade de grãos. Semelhantemente, para grupo grão preto, Faria et al. (2014), também demonstraram ganhos genéticos para produtividade, acamamento de plantas e massa de 100 grãos de 1,10%, 1,70% e 0,65%, respectivamente. Ainda, Chiorato et al. (2010) mensuraram o ganho genético de programa de melhoramento de feijão-comum do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) de 1989 a 2007. Neste contexto, verificou-se um ganho genético anual de 1,07% de 1989 a 1996. No entanto, de 1997 a 2007 não houve ganho genético significativo, apesar do incremento médio de produtividade de 1.000 kg ha⁻¹.

A seleção por padrões de grão é o que por vezes retém a exploração eficiente da variabilidade genética presente nos bancos de germoplasma. Recorrentemente, devido a

estes fatos, os genitores escolhidos para comporem a formação de novas populações são os mesmos ou são aparentados entre si. A ausência de significância em ganhos genéticos para produtividade no período de 1997 a 2007, para o trabalho de Chiorato et al. (2010), se deve, principalmente, a inclusão da melhoria para qualidade de grãos como critério de seleção no programa de melhoramento. Portanto, a base genética estreita, restringida em função da exigência do padrão comercial do grão no desenvolvimento de novas cultivares, desencadeia em menores ganhos para produtividade. Logo, apesar dos progressos elencados por distintos trabalhos (Tabela 1), se faz necessário que a seleção para várias características seja atingida por métodos de melhoramento que propiciem acúmulo de alelos favoráveis, como a seleção recorrente.

Tabela 1. Estimativas de progresso genético em programas de melhoramentos de feijão-comum para diversos caracteres.

GC ¹	Caráter	PG (%) ²	Período	Fonte
-	Produtividade	4,36	1974-2004	Matos et al. (2007)
Carioca	Acamamento de plantas	2,00	1985-2006	Faria et al. (2013b)
Carioca	Aparência do grão	1,36	1986-2013	Barili et al. (2016b)
Carioca	Arquitetura de plantas	2,00	1985-2006	Faria et al. (2013b)
Carioca	Massa de grãos	2,08	1989-2013	Barili et al. (2016b)
Carioca	Número de grãos por vagem	4,59	1990-2013	Barili et al. (2016b)
Carioca	Número de vagens	5,62	1994-2013	Barili et al. (2016b)
Carioca	Produtividade	0,72	1985-2006	Faria et al. (2013b)
Carioca	Produtividade	6,74	1990-2013	Barili et al. (2016b)
Carioca	Qualidade de grão	2,40	1985-2006	Faria et al. (2013b)
Preto	Acamamento de plantas	1,70	1985-2006	Faria et al. (2014)
Preto	Aparência do grão	1,85	1987-2013	Barili et al. (2016a)
Preto	Arquitetura de plantas	1,35	1991-2013	Barili et al. (2016a)
Preto	Massa de grãos	1,42	1990-2013	Barili et al. (2016a)
Preto	Massa de grãos	0,65	1985-2006	Faria et al. (2014)
Preto	Número de grãos por vagem	2,24	1989-2013	Barili et al. (2016a)
Preto	Número de vagens	2,36	1989-2013	Barili et al. (2016a)
Preto	Produtividade	2,42	1988-2013	Barili et al. (2016a)
Preto	Produtividade	1,64	1977-1995	Fonseca Júnior (1997)
Preto	Produtividade	1,10	1985-2006	Faria et al. (2014)
Preto e Carioca	Produtividade	1,07	1989-1996	Chiorato et al. (2010)
Preto e Cores	Produtividade	1,90	1972-1991	Abreu et al. (1994)
Cores	Produtividade	1,42	1977-1995	Fonseca Júnior (1997)

¹Grupo comercial, ²Progresso genético.

2.4 SELEÇÃO RECORRENTE

O método de melhoramento com o uso de hibridações é comumente utilizado para início de um programa. A partir dos cruzamentos, as populações são avaliadas por sucessivos ciclos de autofecundação e seleção. O rápido aumento da endogamia com as sucessivas gerações pode influenciar na eficácia da seleção artificial, já que ocorre a estruturação da variabilidade genética a nível de indivíduos. Este fato é mais evidente à seleção de caracteres qualitativos. Neste âmbito, verifica-se a necessidade de proposição de um método de melhoramento de populações que congregue manutenção da variabilidade genética e possibilite a recombinação, admitindo o dinamismo de um programa de melhoramento (Allard, 1960).

A seleção recorrente é um método de melhoramento de populações, que utiliza sucessivos ciclos de avaliação, seleção e recombinação de progênies (Figura 6) mantendo

significativa variabilidade genética em justaposição ao progresso genético em função da população original (Ramalho et al., 1993; Borém et al., 2017; Melo et al., 2019).

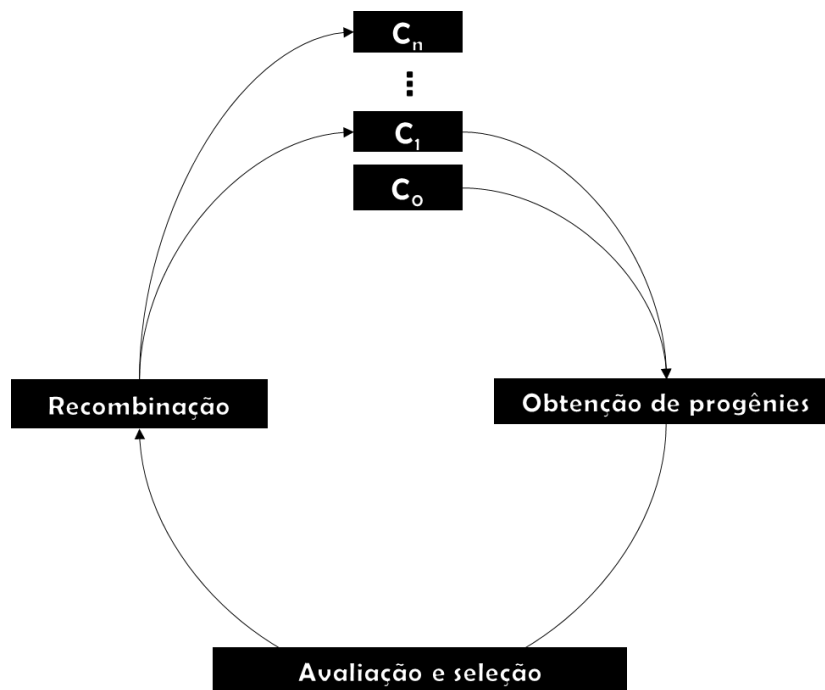


Figura 6. Ciclo e etapas de um programa de seleção recorrente (Fonte: Borém, et al. (2017), adaptado).

Os primeiros esquemas semelhantes a seleção recorrente foram propostos em 1919 por Hayes & Garber citado por Allard (1960) e, independentemente, em 1920, por East & Jones citado por Allard (1960). Além disso, a seleção recorrente foi empregada inicialmente por M. T. Jenkins em 1940 e descrito por F. H. Hull em 1975 (Vello & Nazato, 2017). Porém, em 1945, Hull já evidenciava o termo seleção recorrente após verificação de que a seleção após intercruzamentos incrementava a capacidade geral de combinação (Allard, 1960). A seleção recorrente permite, em consequência do acúmulo de alelos favoráveis, maior possibilidade de obtenção de combinações desejáveis. Esta possibilidade está contida no intercruzamento dos genótipos selecionados, permitindo maior possibilidade de seleção de combinações com a maior parte dos alelos favoráveis.

Com os avanços dos vários ciclos de obtenção, seleção e recombinação das progênes, em conformidade com o caractere em estudo, e o seu atendimento ao tratamento estatístico-experimental, decorre o progresso genético (Figura 7). Ainda, além do progresso genético, a manutenção da variabilidade a ser explorada é uma vantagem inerente a seleção

recorrente que possibilita, inclusive em espécies de menor base genética, melhor oportunidade de obtenção de genótipos melhorados.

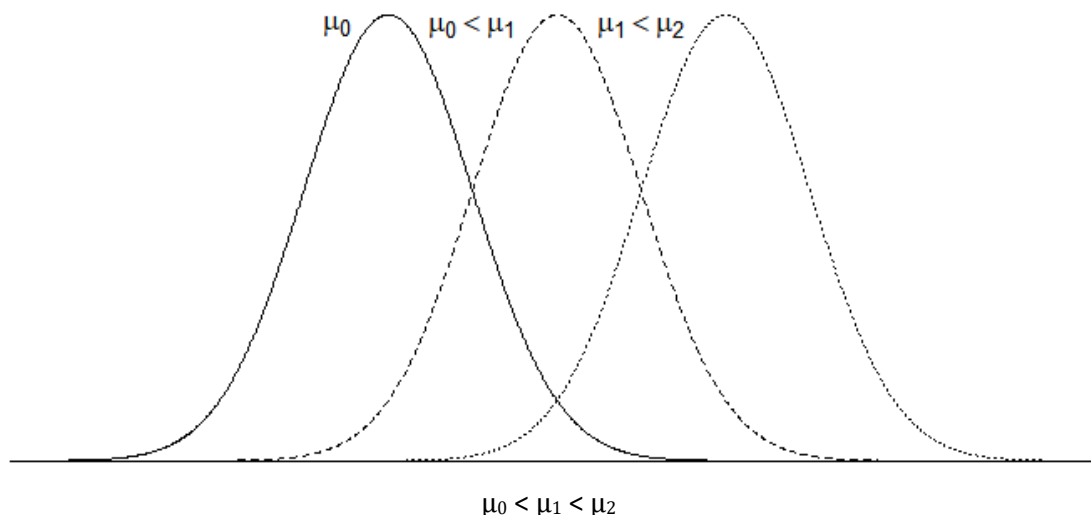


Figura 7. Progresso genético da média de uma população ao longo dos ciclos de seleção recorrente em consonância com a manutenção da variabilidade genética (Fonte: Ramalho et al. (2012b) e Borém et al. (2017), adaptado).

A seleção recorrente é comumente e mais precisamente utilizada no melhoramento de plantas alógamas. Isso se deve a maior facilidade em se realizar o processo de recombinação das melhores progênies em razão do sistema de cruzamento e da estrutura floral. Em autógamas, como no feijão-comum, ocorre o processo de cleistogamia em que a fertilização ocorre antes da abertura floral. Ademais, o processo de cruzamento artificial pode ser trabalhoso e demorado, em função da necessidade de se verificar detalhes da estrutura floral e métodos das operações dos cruzamentos manuais (Ramalho et al., 1993). Na seleção recorrente para facilitar o processo de cruzamento artificial pode-se adotar a utilização de machoesterelidade e inibidores de pólen, como gameticidas (Cargnin, 2007).

A etapa inicial em um programa de seleção recorrente é a escolha dos genitores para a formação de uma população inicial. Os genitores podem ser cultivares elite, genótipos em desenvolvimento provindos de outros programas de melhoramento e/ou materiais exóticos (Allard, 1960; Vello & Nazato, 2017). Neste sentido, a escolha e divergência dos genitores irá determinar a variabilidade genética, e, conseqüentemente, o potencial de progresso com a seleção na condução das populações segregantes (Falconer, 1960). Os cruzamentos podem, em razão da decisão do melhorista, ser configurados em esquemas como os dialelos completos e parciais, e cruzamentos em cadeia circular ou circulantes

(Vello & Nazato, 2017). O número de genótipos para obtenção das populações pode variar conforme o objetivo. Alves et al. (2015) utilizaram 20 parentais para obtenção das populações em um programa de seleção recorrente de feijão-comum. Já Menezes Júnior et al. (2013) utilizaram 11 parentais. Ramalho et al. (2005) utilizaram 20 genótipos na etapa de recombinação. O maior número de genitores não garante maior sucesso no desenvolvimento de populações desejáveis (Carneiro et al., 2002).

Na etapa de avaliação das progênies, ensaios com repetições são implantados para discriminar os tratamentos (progênies), avaliar o efeito do ambiente e, se presente, o efeito da interação de genótipos por ambientes. Geralmente ensaios de avaliações de progênies em programas de melhoramento de seleção recorrente possuem muitos tratamentos em avaliação, sendo necessário, por vezes, o sacrifício do número de repetições em consonância com delineamentos experimentais que congregam a estimação destes efeitos na diferenciação dos tratamentos. Ainda assim, o número adequado de progênies amostradas, avaliadas em repetições, é essencial para estimar a variabilidade genética presente (Hallauer & Darrah, 1985).

Para caracteres que possuem alta herdabilidade poucas repetições e número de ensaios são necessários (Hallauer & Darrah, 1985). Neste sentido, a seleção fenotípica visual, a nível de plantas individuais ou massal, pode ser adotada, acelerando o processo com a seleção recorrente e diminuindo o tempo e trabalho (Vello & Nazato, 2017). Porém, caso os caracteres possuam baixa herdabilidade, como produtividade de grãos, mais experimentos serão necessários para uma melhor precisão dos estimadores dos parâmetros da população em seleção (Hallauer & Darrah, 1985). Outrossim, a presença de baixa herdabilidade e influência do ambiente deve justificar um rígido critério, recomendando-se a avaliação das progênies em mais de um ambiente, com repetições, garantindo a seleção das melhores progênies (Ramalho et al., 1993; Vello & Nazato, 2017). A consideração do controle genético para o caráter em seleção nos programas de melhoramento para seleção recorrente é de suma importância, pois delinea a forma e amplitude experimental de condução nos ensaios de avaliação de progênies. Conforme demonstrado eficientemente por Pereira & Vencovsky (1988), coeficientes de variação altos e de herdabilidade repetidamente baixos comprometem permanentemente o teto seletivo em programas de seleção recorrente.

O principal objetivo da fase de recombinação é a formação de uma nova população para um novo ciclo de seleção (Hallauer & Darrah, 1985). Além disso, a recombinação possibilita o incremento de alelos favoráveis através de novas combinações

dos genes presentes na população (Vello & Nazato, 2017). A distinção e vantagem da seleção recorrente para com outros métodos se encontra na etapa de recombinação. Ainda, outra vantagem da etapa de recombinação na seleção recorrente é capacidade de inclusão de outros genótipos bem avaliados em outros programas, tornando o processo mais dinâmico (Ramalho et al., 2005). Enquanto em alguns métodos as combinações favoráveis quando obtidas são perdidas durante o avanço das populações, na etapa de recombinação da seleção recorrente a probabilidade de obtenção destas combinações desejáveis ainda é presente. Em consideração do tamanho amostral dos genótipos selecionados para participar da etapa de recombinação, deve-se ponderar que amostras com poucos genótipos não possibilitarão a exploração de boa parte da variabilidade presente devido a menor quantidade de recombinações, no entanto, uma amostra grande aumenta custos, tempo e insumos (Hallauer e Darrah, 1985; Vello & Nazato, 2017).

Os métodos de seleção recorrente irão se diferenciar quanto a escolha por melhoria de uma população, sendo estes denominados intrapopulacionais, ou de mais de uma população, definindo os métodos interpopulacionais. A seleção recorrente intrapopulacional se refere ao melhoramento da população *per se* em que ao final do processo obtém-se genótipos melhorados obtidos a partir da própria população. A seleção recorrente interpopulacional tem como princípio o melhoramento de mais de uma população conjuntamente, em que ao final obtém-se genótipos que serão utilizados como genitores para a formação de híbridos (Allard, 1960). Os métodos intrapopulacionais são mais utilizados em razão da fácil condução e aplicação à maioria dos caracteres agrônômicos. Já os métodos interpopulacionais são utilizados visando o desenvolvimento de linhagens com alta capacidade geral e/ou específica de combinação, para obtenção de híbridos, porém, são métodos mais complexos e necessitam de maior labor na condução das atividades (Allard, 1960, Borém et al., 2017).

Ganhos com seleção recorrente não são facilmente comparados devido as diferenças metodológicas utilizadas nos programas (Ramalho et al., 2005; Menezes Júnior et al., 2013), sendo os ganhos estimados pela comparação das progênies obtidas após recombinações; uso de controles comuns nas avaliações de progênies; avaliação aleatória ou baseada na produção de grãos de progênies em S_2 e S_3 ; e avaliação das melhores linhagens obtidas em cada ciclo (Ramalho et al., 2005). Comparar linhagens obtidas em cada ciclo é uma forma de mensurar o progresso ainda pouco usada e não necessita de ensaios adicionais (Silva et al., 2010). O uso das melhores linhagens obtidas se torna mais eficiente por

evidenciar a avaliação em várias gerações, estimação dos efeitos de interação e percepção do ganho por ciclo (Ramalho et al., 2005).

Os métodos de seleção recorrente já foram eficientemente aplicados a culturas alógamas como o milho (Guimarães et al., 2018 ; Kolawole et al., 2018), eucalipto (Abreu et al., 2013; Resende & Assis, 2008) e cana-de-açúcar (Lingle et al., 2010); e também para plantas autógamas como o arroz (Morais Júnior et al., 2015; 2017), feijão-comum (Silva et al., 2010; Alves et al., 2015), soja (Vello & Nazato, 2017; Soares et al., 2020), trigo (Machado et al., 2010; Niu et al., 2010) e ervilha (Beeck et al., 2008).

Em feijão-comum, o método de seleção recorrente já foi utilizado para obtenção de progênies com desempenho superior a vários caracteres como produtividade (Cunha et al., 2005; Ramalho et al., 2005; Menezes Júnior et al., 2013), arquitetura de plantas (Cunha et al., 2005), qualidade nutricional de grãos (Queiroz et al., 2021) e resistência a doenças (Menezes Júnior et al., 2013).

Para o feijão-comum, para adequar a formação de populações base de diferentes conjuntos gênicos, com adequado planejamento a longo prazo, o uso da seleção recorrente apresenta a vantagem de congregar características favoráveis (Kelly & Adams, 1987). Os cruzamentos com genitores divergentes, buscando explorar a eficiência do método, e com características favoráveis, é uma estratégia eficaz (Vello & Nazato, 2017). Neste sentido, em feijão-comum, a variação genética para caracteres morfológicos e agrônômicos, como produção de grãos, é maior entre raças, que comparativamente a grupos de mesmo *pool* gênico (Singh et al., 1999). Conforme relatado por Vello & Nazato, (2017), os cruzamentos em programas de seleção recorrente podem assumir a conformação de dialelos. Para feijão, Singh et al. (1999), utilizando seleção recorrente, utilizaram dialelo completo, na ausência de recíprocos, com as dez melhores progênies para avanço dos ciclos. Semelhantemente, Silva et al. (2007) empregaram esquemas de dialelos parciais para obtenção de uma população base de seleção recorrente para precocidade, assim como Arantes et al. (2010) para mancha-angular também em feijão-comum. Alves et al. (2015) utilizaram dialelo circulante para obtenção da população base e recombinação. Assim, evidencia-se as possibilidades de esquematização na forma de obtenção e recombinação de genótipos.

Conforme relatado por Vieira et al. (2006), os atuais genótipos lançados ao mercado de cultivares de feijão-comum são originários de populações com um mesmo *pool* gênico, portanto, aparentados entre si. A utilização de genótipos com *pool* gênico semelhante é um desafio ao progresso genético para produtividade em feijão. Estes fatos implicam em

um menor ganho com a seleção no curto prazo, devido à ausência da exploração eficiente da variabilidade genética presente em diversas populações dos programas.

Para produtividade, a formação da população deve ser baseada em genitores que evidenciem maior distância genética e complementariedade entre si, assim como cultivares com bom desempenho individual (Elias et al., 2007). No entanto, a grande dificuldade dos melhoristas de feijão em angariar genitores com uma maior distância genética entre si, preconizando um maior avanço para produtividade, é a qualidade comercial dos grãos das progênes obtidas. A exigência regional por distintos tipos de grãos (Pereira et al., 2017) e a grande demanda por grãos do tipo carioca (Melo et al., 2019), são imposições de mercado que restringem efetivamente a escolha de genitores para a formação de uma população base em programas de melhoramento. Em decorrência disso prevê-se, constantemente, o uso de cultivares e linhagens elite como formadores de populações base, nos distintos programas de melhoramento para feijão-comum, que são aparentados.

É um fato que excelentes materiais já foram desenvolvidos com altos níveis produtivos, porém, não são alçados ao mercado devido a não aceitação dos grãos. Semelhantemente, para grãos do tipo preto, a exigência quanto a qualidade comercial dos grãos é existente, no entanto, em menor proporção comparativamente aos do tipo carioca. Devido a isso, menores dificuldades associadas são evidentes na escolha de genitores para composição de programas de melhoramento, principalmente quanto a seleção recorrente.

Através da melhor eficiência na exploração da variabilidade genética entre os genótipos, e em função dos sucessivos ciclos de recombinação, a seleção recorrente pode ser um método de melhoramento adotado para desenvolvimento de novas cultivares, mesmo com uma base genética mais restrita, em razão do acúmulo de alelos favoráveis. Alguns resultados para o progresso genético de diversos caracteres em feijão-comum podem ser observados na Tabela 2.

Tabela 2. Estimativas de progresso genético em programas de seleção recorrente de feijão-comum para diversos caracteres.

Unidade seletiva	Caráter ¹	NC ²	PG (%) ³	Fonte
F _{2:3} ; F _{2:4} ; F _{2:5}	Mancha angular	2	8,3	Alves et al. (2015)
F _{2:3} ; F _{2:4} ; F _{2:5}	Produtividade	2	8,6	Alves et al. (2015)
Progênes S _{0:1} e S _{3:4}	Mancha angular	8	2,49	Arantes et al. (2010)
Progênes S _{0:1} e S _{3:4}	Produtividade	8	2,34	Arantes et al. (2010)
Progênes S _{0:1} e S _{3:4}	Nota de grão	8	2,47	Arantes et al. (2010)
Progênes S ₀	Sistema radicular	2	12,30	Cerutti et al. (2021)
Progênes S _{0:2} ; S _{0:3} ; S _{0:4} e S _{0:6}	Arquitetura	2	9,09	Cunha et al. (2005)
Progênes S _{0:2} ; S _{0:3} ; S _{0:4} e S _{0:5}	Produtividade	2	3,24	Cunha et al. (2005)
Progênes S _{0:2} ; S _{0:3} ; S _{0:4} e S _{0:7}	Tipo de grão	2	5,41	Cunha et al. (2005)
Progênes S _{0:1} e S _{0:2}	Mofa Branco	4	0,21	Lopes et al. (2019)
Progênes S _{0:1} ; S _{0:2} e S _{0:4}	Arquitetura	3	5,11	Menezes Júnior et al. (2008)
Progênes S _{0:1} ; S _{0:2} e S _{0:5}	Nota de grão	3	11,24	Menezes Júnior et al. (2008)
Progênes S _{0:1} ; S _{0:2} e S _{0:3}	Produtividade	3	3,13	Menezes Júnior et al. (2008)
F _{3:5} ; F _{3:6} ; F _{5:6} ; F _{5:7}	Ferrugem *	2	33,40	Menezes Júnior et al. (2013)
F _{3:5} ; F _{3:6} ; F _{5:6} ; F _{5:7}	Mancha angular *	2	13,20	Menezes Júnior et al. (2013)
F _{3:5} ; F _{3:6} ; F _{5:6} ; F _{5:7}	Nota de grão	2	7,00	Menezes Júnior et al. (2013)
F _{3:5} ; F _{3:6} ; F _{5:6} ; F _{5:7}	Produtividade	2	7,50	Menezes Júnior et al. (2013)
Progênes S _{0:1} e S _{0:2}	Produtividade	4	5,70	Ramalho et al. (2005)
Progênes S _{0:1} e S _{0:2}	Tipo de grão	4	10,50	Ramalho et al. (2005)
Progênes S _{1:2}	Florescimento	5	0,73	Silva et al. (2007)
Linhagens e progênes S _{0:2}	Produtividade	8	3,30	Silva et al. (2010)
Progênes S ₁	Produtividade	2	15	Singh et al. (1999)

¹ Nomenclaturas relacionadas a doenças referem-se à resistência. ² Número de ciclos. ³ Progresso com a seleção (valores em módulo); * escala de severidade.

Mesmo interdependente de outros caracteres que compõem os componentes de produção, a produtividade de grãos é o principal objetivo dos programas de melhoramento. O dificultado labor da melhoria deste caráter se encontra na sua natureza quantitativa e sensivelmente influenciável pelos fatores ambientais (Ramalho et al., 2012a, 2012b). Grande parte dos programas, não apenas de feijão-comum, utilizam as hibridações como método de melhoramento. Ademais, após os cruzamentos, os métodos de condução de populações segregantes como *bulk*, *Single Seed Descente* - SSD e *pedigree* são recorrentemente utilizados. Estes métodos requerem longos períodos para completar um ciclo; utilizam poucos genitores; e apresentam progresso para poucos caracteres dos diferentes genitores (Singh et al., 1999). Ainda, apesar da facilidade destes métodos, principalmente quanto ao princípio metodológico do *bulk* da atuação da seleção artificial, a ausência da possibilidade de recombinação de genótipos impede melhor exploração da variabilidade. Além disso, as

sucessivas gerações de autofecundação, mesmo em populações autógamias, diminuem eficientemente a acurácia da seleção artificial em consonância com a fixação de alelos (Allard, 1960). Outrossim, os sucessivos anos de programas de melhoramento que utilizam sempre, ao final de cada etapa, a recombinação dos melhores genótipos para novas populações, indiretamente estão aplicando a característica da seleção recorrente como método de melhoramento de populações. Há afirmações de que este último fato é “inconscientemente aplicado pelos melhoristas”. Porém, há de se predizer que isto é bastante conhecido, e que a afirmação poderia ser abordada de outro modo, que a seleção recorrente é aplicada por todos indiretamente, mas não inconscientemente.

No melhoramento para o feijão-comum, as características de qualidade tecnológica de grãos são fundamentais na aceitação dos grãos pelos consumidores e são implicantes no futuro sucesso de cultivares (Pereira et al., 2017, 2021). Neste sentido, a necessidade de associar distintas características de qualidade de grãos a genótipos produtivos segue como um desafio passível de ser superado pelo uso da seleção recorrente.

Grande parte dos cruzamentos realizados pelos programas de melhoramento são por linhagens elite ou cultivares. Neste contexto, para produtividade, ainda há variabilidade genética a ser explorada já que se verifica a presença de adequados ganhos. Recorrentemente, os cruzamentos interraciais simples e sem recombinação de grupos gênicos de feijão-comum evidenciam a dificuldade de seleção de genótipos por não verificar associação de caracteres de interesse. No contexto de seleção de genótipos em populações base para posterior participação em cruzamentos elite, a seleção recorrente verifica-se como um adequado método por propiciar a associação de diferentes alelos para várias características (Del Peloso & Melo, 2006).

Ramalho et al. (2005) avaliaram o progresso genético para produtividade e outros caracteres de grãos após quatro ciclos de seleção recorrente em feijão-comum, com grão comercial tipo carioca. A fim de demonstrar o progresso genético, o estudo utilizou as avaliações médias das melhores linhagens em cada ciclo. O ganho anual com a seleção para produtividade foi de 5,7% e 10,5% para qualidade de grãos.

Menezes Júnior et al. (2008) avaliaram o progresso com a seleção recorrente para três caracteres, sendo estes produtividade, arquitetura de plantas e notas para tipo de grão. O estudo avaliou o progresso a partir do desempenho médio das dez melhores progênies de três ciclos de seleção recorrente (C_0 , C_I e C_{II}). O progresso com a seleção para produtividade, arquitetura e nota de grão foram, respectivamente, 3,13%, -5,11% (como

realizou-se a avaliação com uma escala de notas decrescente para o melhor tipo de planta o ganho identificado foi negativo) e 11,24%. O progresso médio para os três caracteres, utilizando a padronização dos dados foi de 3,1% por ciclo. Relata-se a eficiência da seleção recorrente para obtenção de genótipos produtivos que associam caracteres favoráveis.

Menezes Júnior et al. (2013) mensuraram o progresso genético com a seleção recorrente em feijão-comum de grão tipo vermelho. Neste estudo, além da produtividade, foram avaliados a qualidade visual dos grãos, arquitetura de plantas e resistência às doenças de ferrugem e mancha-angular. Para estimativa do progresso genético o trabalho utilizou as médias das melhores linhagens entre os diferentes ciclos, evidenciando um progresso de genético na média de 7,5% para produtividade, 7% para aparência visual de grãos, 33,4% para resistência à ferrugem e 13,2% à mancha-angular.

Cunha et al. (2005) avaliaram o uso e progresso com a seleção recorrente para produtividade, arquitetura de plantas e qualidade de grãos. Para todos os caracteres avaliados foi possível identificar, a partir da análise das médias das melhores linhagens com os genótipos controles, ganhos genéticos. Para produtividade, arquitetura de plantas e tipo de grão os ganhos foram, nesta ordem, após o primeiro ciclo de seleção recorrente: 3,24%, 9,09% e 5,41%.

A variabilidade genética presente em feijão-comum pode ser mais bem explorada a partir de hibridações entre indivíduos de conjuntos gênicos distintos. Neste sentido, Singh et al. (1999) verificaram o uso e comparação da seleção recorrente para duas populações provindas de cruzamentos entre grupos interraciais e intrarraciais. Para avaliação do progresso com a seleção os autores utilizaram as médias de 45 famílias S_1 a uma intensidade de 20%. Os resultados obtidos dos parâmetros genéticos evidenciaram maior variância genética, para produção, na população GX 9438 (inter-racial), $\sigma_G^2 = 53.415,81$, comparativamente a população GX 9437 (intrarraciais), $\sigma_G^2 = 41.751,2$, no ciclo I e II, $\sigma_G^2 = 10.272,5$ e $\sigma_G^2 = 81.919,9$, respectivamente. O incremento médio em produção ocorreu para ambas as populações, a partir da seleção de dez melhores progênies. Com uma média de 1315 a 2335 kg ha⁻¹ do C_0 ao C_2 para a população GX 9437 e de 945 a 1951 kg ha⁻¹ GX 9438.

Silva et al. (2007) verificaram a aplicação da seleção recorrente para redução do número de dias de florescimento em feijão-comum. Para estimação do progresso o trabalho utilizou a avaliação das 53 melhores progênies $S_{1:2}$ de cada ciclo (C_0 , C_I , C_{II} , C_{III} , C_{IV} , C_V) em um experimento totalizando 318 progênies $S_{1:2}$, para estimação por regressão entre a

variável resposta, desempenho das progênies, e preditora, número de ciclos. Apesar da não redução do ciclo total das progênies, o trabalho identificou progresso com a seleção de 2,2% ao ano, após cinco ciclos de seleção. Comparativamente ao número de ciclos por ano utilizado por Ramalho et al. (2005), sendo de dois ciclos por ano considerando produtividade, para o número de dias para o florescimento o progresso poderia ser de -4,4% (Silva et al., 2007).

Arantes et al. (2010) mensuraram o progresso genético para resistência a mancha-angular em feijão-comum por oito ciclos. Semelhantemente ao utilizado por Silva et al. (2007), o estudo utilizou estimativas de regressão para estimação do ganho esperado. Além da severidade à mancha-angular, avaliou-se a produtividade e qualidade de grãos. Para os três caracteres houve progresso com os ciclos de seleção, sendo na ordem de 2,34%, -2,49%, e -2,47%, respectivamente, para produtividade, mancha-angular e qualidade de grãos.

2.4.1 Parâmetros genéticos

O caráter produção de grãos é interdependente a vários outros caracteres morfológicos. Ademais, este é muito influenciado pelo ambiente, e poligênico, ou seja, há um efeito pequeno de cada gene na manifestação fenotípica (Ramalho et al., 2012b). Neste contexto, os parâmetros genéticos possuem sua importância em um programa de melhoramento por delinear os métodos utilizados, modo de condução e seleção das populações segregantes, e definindo o sucesso com a seleção (Ramalho et al., 1993).

As estimativas de variância permitem avaliar efetivamente as influências decorrentes da variabilidade ambiental e genética em uma determinada população, informando o potencial com a seleção e o controle genético do caráter (Ramalho et al., 2012b). Inerente a variação fenotípica observável (σ_F^2) verifica-se, por meio de variâncias, a proporção decorrente do efeito genético (σ_G^2) e do ambiente (σ_E^2). Incluído na proporção genética, estão presentes, ainda, os efeitos genéticos aditivos (σ_A^2) e de dominância (σ_D^2).

A utilização da avaliação de progênies obtidas a partir do cruzamento de genitores formadores da população base em um programa de seleção recorrente fornecem adequadas estimativas dos componentes de médias e variâncias. Os tipos de famílias obtidas podem ser, por exemplo, F₃ e F₄ provindas de plantas F₂ avaliadas em experimentos com repetições. Neste contexto, a avaliação a partir dos dados experimentais permite a estimação

e análise das variâncias genéticas entre famílias, a variância fenotípica dentro de famílias e a covariâncias entre as médias das famílias (Ramalho et al., 1993).

A covariância é um parâmetro estatístico que possibilita, à semelhança da estimativa de correlação, a associação entre duas variáveis. No melhoramento de plantas, as estimativas de covariância possuem dois principais usos: mensurar o grau de semelhança entre indivíduos aparentados, estimando o progresso esperado com a seleção, sendo o progresso dependente da unidade de seleção e indivíduos descendentes selecionados; e estimar a correlação entre caracteres, possibilitando verificar como mudanças direcionadas com a seleção para determinado caráter afetam concomitantemente outro caráter (Ramalho et al., 1993).

A variação observável para os distintos caracteres alvos dos programas de melhoramento provém da influência genética e dos fatores do ambiente, logo, a proporção fenotípica é resultado das somas destes fatores, e, adicionalmente, um efeito de interação. Neste contexto, a herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros genéticos mais importantes para os melhoristas, pois pode prever o sucesso com a seleção e o avanço do programa de melhoramento (Ramalho et al., 1993; 2012a). Ainda, pode ser conceituada como a proporção da variação fenotípica inerente a fatores genéticos (Ramalho et al., 2012a). Para caracteres qualitativos em que o resultado fenotípico é função da atuação de poucos genes, o efeito do ambiente é menos influente, logo, o caráter possui maior herdabilidade. Diversamente, dentre a vasta gama de caracteres passíveis de serem objetivos como alvo de seleção no melhoramento de plantas, os caracteres quantitativos são, reconhecidamente, os mais presentes na realidade da pesquisa. Caracteres que são influenciados por muitos genes possuem maior efeito do ambiente como resultado da expressão fenotípica, e possuem, por essa natureza, menor herdabilidade.

A herdabilidade pode ser estimada no sentido restrito (h_r^2) e amplo (h_a^2). A herdabilidade no sentido restrito considera apenas a variância genética aditiva (σ_A^2), associada ao valor reprodutivo, logo, que é fixada com a seleção. Já a herdabilidade no sentido amplo considera toda a variância genética ($\sigma_A^2 + \sigma_D^2$) (Ramalho et al., 2012a). A herdabilidade no sentido amplo evidencia sua importância no melhoramento de espécies que se propagam de forma vegetativa, em razão da totalidade variância genética herdável do genótipo (Ramalho et al., 2012b). A herdabilidade no sentido restrito assume maior importância por incluir no cálculo a proporção total aditiva que é herdável (Ramalho et al., 1993). Outrossim, os valores de herdabilidade para determinado caráter podem aumentar em

razão da melhoria da precisão experimental, distinguindo mais precisamente a parte genética e ambiental, e introdução de mais variabilidade genética na população (Ramalho et al., 2012b).

As correlações mensuram grau de associação de duas variáveis explicitando associações positivas, negativas ou nulas. No contexto do melhoramento de plantas, a associação de caracteres fornece importantes informações acerca das influências dos critérios de seleção sobre os distintos caracteres. Por vezes, algumas características podem evidenciar baixa associação, no entanto, esta ausência não é decorrente da falta de correlação, mas sim a menor variabilidade atuante (Ramalho et al., 1993).

Em consideração de parâmetros genéticos, Martins et al. (2023) avaliando linhagens de feijão-comum com potencial para qualidade nutricional de grãos, evidenciaram maior proporção da variância genotípica para produtividade, massa de 100 grãos e acamamento de plantas, seguida pela variância da interação de genótipos por ambientes e pela variância ambiental. Ademais, para estes três caracteres os valores de herdabilidade no sentido amplo foram de 74,1%, 73,5% e 67%. Para aparência de grão, o estudo também evidenciou alto valor de herdabilidade, 91,2%, assim como melhor proporção da variância genética em razão da ambiental. Para massa de 100 grãos, Alvares et al. (2016) encontraram altos valores de herdabilidade de 93% a 98,2%.

Para produtividade, Chimenez-franzon et al. (2022) estimaram maiores valores da variância ambiental e de interação de genótipos por ambientes em detrimento da variância genética, demonstrando também menor herdabilidade, no sentido amplo, 13%. Resultados semelhantes também foram calculados por Delfini et al. (2018) para produtividade em feijão-comum do tipo carioca e preto, com herdabilidade de 12% para os dois grupos de grãos.

O caráter produtividade é resultado da influência de diversos fatores bioquímicos, morfológicos e fisiológicos. No entanto, a produtividade pode ser eficientemente considerada como resultante dos componentes de produção, como número de vagens por planta, grãos por vagem e grãos por planta, entre outros. Neste contexto, Delfini et al. (2018) apresentaram baixos valores de herdabilidade para número de vagens por planta, número de sementes por vagens e produtividade, 7%, 22% e 12%, respectivamente, para feijão carioca; e 14%, 11% e 12% para feijão preto. Estes valores indicam que a herdabilidade destes caracteres apresenta baixa magnitude. Ainda, Quadros et al. (2022) também demonstraram baixos valores de herdabilidade para componentes de produção, 36,4% para número de vagens por planta e 23,3% para número de sementes por

planta. Diversamente, Coelho et al. (2021) observaram estimacões de herdabilidade de 86,63% para número de grãos por vagem e 88,66% para número de grãos por planta.

Para caracteres de qualidade nutricional de grãos, como ferro e zinco, a herdabilidade tende a alcançar maiores valores. Dias et al. (2021) apresentou valores de herdabilidade para teor de ferro e zinco nos grãos de 54% e 78,66%, respectivamente; e Martins et al. (2023) encontraram herdabilidade de 76,7% e 78,9%.

Em consideracão de progênies de feijão obtidas por seleçãõ recorrente, Queiroz et al. (2021) demonstram alto valor de herdabilidade para produtividade, 76,8%. Os mesmos autores evidenciaram, para massa de 100 grãos, valores de herdabilidade variando de 80% a 97,5%; e para caracteres de qualidade nutricional de grãos, os resultados evidenciaram variaçãõ de 43,3% a 58,7% para concentraçãõ de teor de ferro nos grãos, e 52,4% a 66,6% para o teor de zinco. Os valores de herdabilidade do estudo citado indicam que boa parte da variaçãõ fenotípica para produtividade é herdável. Ainda, para massa de 100 grãos e teores de ferro e zinco os resultados indicam adequada proporçãõ herdável.

A estimacão dos parâmetros genéticos em programas de seleçãõ recorrente propicia o sucesso com a seleçãõ. Assim, indicam o estado atual das populações com relaçãõ as proporções genéticas herdáveis e efeitos ambientais. A Tabela 3 apresenta algumas estimacões para distintos caracteres em programas de seleçãõ recorrente.

Tabela 3. Estimativas da herdabilidade (h^2), variância fenotípica (σ_F^2) e de progênies (σ_P^2) de distintos caracteres em programas de seleção recorrente de feijão-comum.

Caráter	⁽¹⁾ $h^2(\%)$	⁽¹⁾ σ_F^2	⁽¹⁾ σ_P^2	Fonte
Arquitetura	41,90	0,06	0,03	Menezes Júnior et al. (2008)
Arquitetura	42,60	0,09	0,04	Menezes Júnior et al. (2013)
Ciclo	72,00	-	3,33	Singh et al. (1999)
Ferrugem	77,60	0,85	0,66	Menezes Júnior et al. (2013)
Florescimento	88,36	-	-	Silva et al. (2007)
Mancha angular	50,98	0,88	0,48	Arantes et al. (2010)
Mancha angular	42,80	0,78	0,33	Menezes Júnior et al. (2013)
Mancha angular	29,17 a 96,67	0,46	0,384	Pádua et al. (2021)
Mofo Branco	31,16	-	-	Lopes et al. (2019)
Nota de grão	60,05	0,07	0,05	Menezes Júnior et al. (2008)
Nota de grão	71,18	0,17	0,12	Menezes Júnior et al. (2013)
Peso de grãos	76,00	-	2,40	Singh et al. (1999)
Produtividade	41,99	345316,29	148030,41	Arantes et al. (2010)
Produtividade	46,63	94065,57	43717,93	Menezes Júnior et al. (2008)
Produtividade	25,55	97639,50	24732,35	Menezes Júnior et al. (2013)
Produtividade	46,31	-	-	Ramalho et al. (2005)
Produtividade	36,00	-	46839,75	Singh et al. (1999)
Sistema radicular	37 a 44	-	-	Cerutti et al. (2021)

¹ Valores médios.

2.4.3 Marcadores moleculares e diversidade genética

O princípio de marcador surgiu ainda de base morfológica sendo utilizado na identificação de materiais conforme distinções fenotípicas. Os marcadores de base morfológica foram importantes na identificação de genitores, cruzamentos direcionados análise de ligação gênica e construção de mapas genéticos (Ferreira & Grattaplagia, 1998). No entanto, o número de marcadores baseados em caracteres morfológicos é limitado. O desenvolvimento molecular possibilitou, ao menos virtualmente, um aumento ilimitado de marcadores disponíveis para a análise genética (Ferreira & Grattaplagia, 1998).

Os marcadores moleculares do tipo SSR (*Simple Sequence Repeats*), também denominados microssatélites (Yu et al., 2000), ou ainda SSRP (*Simple Sequence Repeat Polymorphisms*), são baseados na vasta distribuição aleatória de polimorfismos repetidos em tandem no genoma (Ferreira & Grattaplagia, 1998). Estudos comprovaram, em eucariotos, a existência de regiões no genoma com configurações distintas de sequências repetidas de um a quatro nucleotídeos que são mantidas ao longo das gerações (Hamada et al., 1982;

Tautz & Renz, 1984; Ferreira & Grattapaglia, 1998). A primeira evidência documental da presença de SSR em plantas foi realizada por Condit & Hubbell, (1991).

As informações de marcadores moleculares possuem a vantagem de captar de modo mais eficiente a variação genética. Comparativamente com as informações fenotípicas, de caráter limitado quanto ao número, os polimorfismos moleculares são em grande número e estão amplamente distribuídos no genoma. Além disso, as estimativas de diversidade genética são úteis para verificar a natureza da variabilidade alélica presente em uma determinada população. Em programas de melhoramento de plantas que utilizam dos métodos de seleção recorrente, as estimativas da diversidade de progênies se prestam para verificar a variabilidade presente, sugerindo indiretamente, o progresso com a seleção nos sucessivos ciclos de seleção, avaliação e recombinação das progênies.

Em feijão-comum há também uma grande dispersão de microssatélites ao longo do genoma (Yu et al., 2000). Neste contexto, Oliveira et al. (2008) utilizaram marcadores microssatélites para verificar a eficiência de realização de cruzamentos biparentais e similaridade entre amostras de grãos com a cultivar BRS Estilo. O estudo demonstrou eficiência do uso dos marcadores em identificar a representatividade dos genitores nos híbridos obtidos. Ademais, demonstrou a alteração genética nas amostras da cultivar BRS Estilo, indicando a atuação de cruzamentos naturais na alteração do conjunto gênico dos genótipos de áreas de produção. De mesmo modo, Morais et al. (2016) também utilizaram marcadores microssatélites para efetividade de retrocruzamentos. O estudo evidenciou a importância da realização de retrocruzamento de forma assistida por marcadores, contribuindo para melhor eficiência e seleção em gerações mais precoces.

O uso de marcadores SSR em um programa de seleção recorrente possibilita avaliar a variabilidade genética inicial e sua manutenção durante o avanço dos ciclos de seleção. Além disso, o uso da diversidade genética permite delinear mudanças na base genética empregada em razão da avaliação da variabilidade presente (Melo et al., 2019).

A identificação e representatividade dos genitores em cada progênie permite avaliar o uso destes nos ciclos de recombinação (Melo et al., 2019). A ausência significativa de alelos dos genitores nas progênies desenvolvidas é um indicativo da não contribuição do genitor. Deste modo, a análise de diversidade genética pode delinear a escolha de genitores nos ciclos de recombinação, promovendo progresso genético.

Hinze et al. (2005) avaliaram a diversidade genética de duas populações distintas, CB (*Iowa Corn Borer Synthetic*) e SS (*Iowa Stiff Stalk Synthetic*), provindas de um

programa de seleção recorrente recíproca em milho, utilizando marcadores microsatélites. O estudo demonstrou eficiência no uso dos marcadores para mensurar a diversidade genética presente nas populações. Como resultado foi possível verificar o decaimento da porcentagem de locos polimórficos, número de alelos por loco e heterozigosidade esperada em ambas as populações após 15 ciclos de seleção. Ainda, verificou-se o efetivo aumento da distância genéticas dos genitores entre as progênes. Estes resultados demonstram a efetividade do uso de informações de base molecular para verificação da variabilidade e influência com a seleção em populações.

Liu et al. (2007) utilizaram marcadores morfológicos e moleculares para avaliação da diversidade de genótipos obtidos por seleção recorrente em trigo. O estudo verificou o uso de microsatélites para informações moleculares e mensurou a diversidade genética de Nei. A distância genética dos genótipos foi distinta dos parentais, sendo este resultado provável resultante das hibridações e recombinações. Ademais, a diversidade genética acessada por marcadores possibilitou verificar que não ocorreu decréscimo significativo da variação genética após ciclos de seleção.

Em feijão-comum, Melo et al. (2019) utilizaram, em um programa de seleção recorrente para resistência ao crestamento bacteriano comum, medidas de diversidade como um método adicional para selecionar progênes para o caráter em estudo, como também para composição dos ciclos sucessivos de recombinação. No estudo citado, identificou-se 11 progênes para resistência ao crestamento bacteriano comum com um avanço médio para produtividade de 144 kg ha⁻¹. Os autores evidenciaram a eficiente utilização de marcadores SSR para análise da representatividade genética dos genitores nas progênes selecionadas, possibilitando a orientação na seleção de genótipos divergentes potencializando o uso da variabilidade genética nos ciclos de recombinação.

Em um contexto de análise da diversidade genética em programas de melhoramento, comumente aplica-se técnicas de análise multivariada. Esta avaliação pode ser verificada em estudos de banco de germoplasma ou análises anteriores de divergência genética. Informações condizentes da variação genética presente podem ser de natureza fenotípica ou ainda de origem molecular. As informações de marcadores moleculares podem fornecer melhor adequação da captação da variabilidade presente em razão da facilidade e grande número de polimorfismos identificados.

A estatística multivariada tem como objetivo propor a análise de dados a partir de múltiplas variáveis na avaliação do objeto em estudo. No contexto estatístico, em razão

da mensuração simultânea de mais de duas variáveis em estudo é que se denomina a análise como multivariada (Johnson & Wichern, 2007). Os métodos multivariados podem incluir análises de componentes ou de coordenadas principais, análise de agrupamento ou *cluster analysis*, correlações canônicas, regressão múltipla, análise de variância multivariada, entre outras ferramentas estatísticas.

A partir do princípio multivariado, as análises de agrupamento são frequentemente utilizadas para verificar a associação entre diferentes grupos de variáveis de um fenômeno. O objetivo da análise *cluster* é identificar os agrupamentos de itens ou variáveis com propriedades homogêneas e/ou heterogêneas entre si (Johnson & Wichern, 2007; Härdle & Simar, 2015). Nos estudos de diversidade ou divergência as técnicas de agrupamento são importantes por proporem melhor visualização da associação entre genótipos, a partir da construção de dendrogramas, projeções de distância em gráficos bi ou tridimensionais (Cruz et al., 2020), ou ainda coordenadas principais.

As hipóteses de distinções entre grupos de genótipos podem ser verificadas a partir de informações fenotípicas, utilizadas frequentemente em estudos de divergência em acessos em bancos de germoplasmas, ou baseadas em informações moleculares. Recorrentemente, no contexto do melhoramento de plantas, conjuntamente a informações morfológicas ou moleculares, a análise *cluster* está associada a medidas de diversidade ou divergência. Dentre estas medidas de distância genética pode-se citar a de Nei (1972), Rogers (1972) citado por Wright (1978), Rogers modificada por Wright (Wright, 1978) e Cavalli-Sforza & Edwards (1967) citado por Wright (1978). As análises de agrupamento podem ser utilizadas para elaboração de dendrogramas que possuem por objetivo representar matrizes de similaridade ou dissimilaridade obtidas a partir das matrizes de distância genética entre distintos genótipos. A vantagem neste modo de análise é representar graficamente, de forma acessível, as informações da associação de grupos de genótipos presente nas matrizes de dissimilaridade (Cruz et al., 2020). Como exemplificação dos algoritmos de agrupamentos pode-se citar o método UPGMA, WUPGMA, distância euclidiana média, vizinho mais próximo e vizinho mais distante.

O método *Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages* (UPGMA) é um algoritmo de agrupamento frequentemente utilizado em taxonomia, ecologia e sistemática. Tem como princípio de construção as médias aritméticas dos valores de dissimilaridade dos grupos, iniciando-se a partir dos grupos com maior similaridade (Cruz et al., 2020).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 CARACTERIZAÇÃO E DELINEAMENTO EXPERIMENTAL

Os dados da presente pesquisa se referem aos ensaios conduzidos no programa de melhoramento de feijão-comum da Embrapa Arroz e Feijão. Foram utilizadas informações de cinco ensaios conduzidos em dois municípios, Ponta Grossa - PR e Santo Antônio de Goiás - GO na safra de 2022/2023 (Tabela 4). A disposição destes municípios baseia-se na infraestrutura disponível pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa, assim como a representatividade de ambientes de produção da cultura do feijão-comum.

Tabela 4. Caracterização dos ensaios do programa de seleção recorrente de feijão-comum nos anos de 2022 e 2023.

	STA-GO ¹	PG-PR ²	PG-PR ²	STA-GO ¹	STA-GO ¹
Altitude	821	975	976	821	821
Latitude	16° 29' 2"	25° 5' 42"	25° 5' 42"	16° 29' 2"	16° 29' 2"
Longitude	49° 18' 39"	50° 9' 43"	50° 9' 43"	49° 18' 39"	49° 18' 39"
Ano	2022	2022	2023	2022	2023
Época	Inverno	Águas	Seca	Inverno	Inverno
PROD	+	+	+		+
RP	+	+			+
M100	+	+	+		+
ARQ	+		+		
ACA	+		+		+
FOP				+	+
AN			+		+

¹STA-GO: Santo Antônio de Goiás/Goiás; ²PG-PR: Ponta Grossa/Paraná; PROD = produtividade, RP = rendimento de peneira, M100 = massa de 100 grãos, ARQ = arquitetura de plantas, ACA = acamamento de plantas, FOP = *Fusarium oxysporum*, AN = antracnose.

3.1.1 Material genético

As progênies avaliadas são provindas do programa de seleção recorrente para produtividade de grão preto da Embrapa Arroz e Feijão. O programa teve início em 1997 objetivando a obtenção de genótipos com incremento em produtividade. As populações foram obtidas, inicialmente nos ciclos 0, I e II, a partir do cruzamento de 13 genitores (A525,

A806, LM95204101, A797, A429, AN9022180, VAX1, IAPAR14, Aporé, A774, ARC1, MAN48 e Pérola) de grão preto e carioca com destacado desempenho para arquitetura de plantas, resposta a baixa fertilidade, fixação biológica de nitrogênio, produtividade e qualidade de grãos, resistência a doenças (mosaico dourado, mancha angular, antracnose, crestamento bacteriano comum, murcha de *fusarium* e ferrugem) e à seca. Posteriormente, após o ciclo II, incluiu-se as cultivares BRS Esplendor, BRS Esteio e BRS FP403 na etapa de recombinação.

Os cruzamentos para obtenção das populações se iniciaram em 1997 e 1998. Em 2000 foi semeado *bulk* com 5500 sementes da geração C_0S_0 em um local, com alta incidência de antracnose. Desta população inicial selecionou-se 500 plantas individuais, com resistência para antracnose. Das 500 plantas selecionadas realizou-se uma avaliação para qualidade comercial de grãos, reduzindo-se o número para 400 plantas. Ainda no ano de 2000, as 400 progênies $C_0S_{0:1}$ foram semeadas sob condições de estresse hídrico. A partir da avaliação sob estresse hídrico selecionou-se 100 progênies $C_0S_{0:1}$. As 100 progênies selecionadas foram avançadas para multiplicação, $C_0S_{0:2}$, e avaliadas em dois locais. Após isso, das 100 progênies $C_0S_{0:2}$, selecionou-se 60 progênies $C_0S_{0:3}$ para avaliação em cinco locais, com experimentação. Dentre as 60 progênies $C_0S_{0:3}$, selecionou-se 20 progênies para composição da avaliação de progênies $C_0S_{0:4}$ em cinco locais. A partir das 20 progênies $C_0S_{0:4}$ avaliadas, as 10 melhores progênies foram recombinadas por meio de um dialelo parcial. Apenas para o ciclo zero utilizou-se de um dialelo parcial, para os ciclos seguintes (I, II e III) a recombinação dos genótipos foi realizada por meio de um dialelo completo.

Nos ciclos I, II e III, a obtenção das progênies ocorreu em a partir de 1500 sementes em Santo Antônio de Goiás-GO. Das 1500 sementes obteve-se 1000 progênies para condução da geração $S_{0:1}$ também em Santo Antônio de Goiás-GO. Para a geração $S_{0:2}$ semeou-se 400 progênies em ambiente sem delineamento, com cada progênie sendo representado por três linhas de três metros em Ponta Grossa-PR. A geração $S_{0:3}$ foi constituída de 200 progênies também conduzidas em ausência de delineamento com três linhas de três metros para cada progênie em Ponta Grossa-PR, sendo alocada uma testemunha a cada nove progênies.

No presente trabalho propôs-se a avaliação de progênies provindas do quarto ciclo (C_3) do programa de seleção recorrente de feijão-comum do grupo preto para produtividade da Embrapa Arroz e Feijão. A esquematização dos diferentes ciclos está disposta na Figura 8.

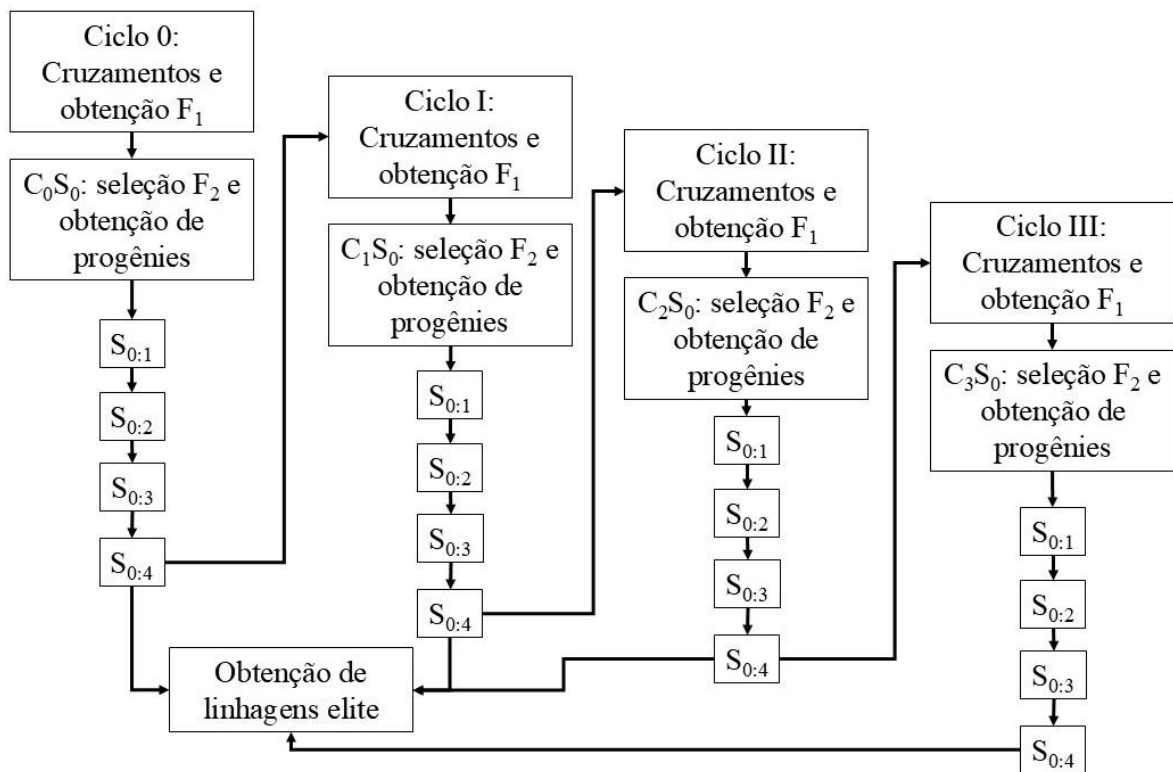


Figura 8. Esquema do programa de seleção recorrente de feijão-comum de grão do tipo preto para produtividade e qualidade de grãos.

3.1.2 Estrutura experimental

Os experimentos foram compostos de 39 tratamentos, 35 progênies $C_3S_{0:4}$ e quatro testemunhas, BRS Esteio, BRS FP403, BRS FP417 e BRS Esplendor. As testemunhas para comporem os ensaios foram escolhidas em função do alto desempenho para qualidade tecnológica de grãos, como a BRS FP403 (Souza et al., 2019), arquitetura ereta e potencial produtivo, como a BRS Esplendor (Costa et al., 2009) e BRS FP417 (Aguiar et al., 2023), e estabilidade de produção, como a BRS Esteio (Pereira et al., 2014), assim como, resistência às doenças. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. As parcelas foram constituídas de três linhas de três metros, com uma densidade de plantas de 12 plantas por metro linear e espaçamento de 0,45 metros entre linhas. Os ensaios foram conduzidos conforme as recomendações técnicas para a cultura, sendo as recomendações de adubação de base e manutenção realizadas conforme a análise de solo. O controle de pragas, doenças e plantas daninhas foi baseado nas recomendações técnicas para a cultura conforme as necessidades das áreas de instalação e para manutenção dos ensaios.

3.2 ANÁLISES FENOTÍPICAS

3.2.1 Arquitetura e acamamento de plantas

A arquitetura e resistência ao acamamento de plantas foram avaliadas conforme uma escala de notas de 1 a 9. Para arquitetura considera-se três características: comprimento das guias (Guias Curtas – GC, < 20 cm; Guias Intermediárias – GI, 20 a 60 cm; Guias Longas – GL, > 60 cm), altura da vagem em relação ao solo (Vagens Altas – VA, > 15 cm; Vagens Intermediárias – VI, 10 a 15 cm; Vagens Baixas – VB, < 10 cm) e ângulo de inserção das ramificações (Ramificações Muito Fechadas – RMF, < 10 graus; RF – Ramificações Fechadas, 10 a 30 graus; Ramificações Intermediárias – RI, 31 a 50 graus; Ramificações Abertas – RA, 51 a 70 graus; Ramificações Muito Abertas – RMA, 71 a 90 graus). Baseado nestas características as notas são definidas, com as combinações possíveis identificadas no germoplasma de feijão-comum, do seguinte modo: nota 1, GC, VA e RMF; nota 2, GC, VA e RF; nota 3, GC, VI e RF; nota 4, GC, VI e RI; nota 5, GC, VB e RI, ou GI, VI e RA; nota 6, GI, VB e RA; nota 7, GI, VB e RMA; nota 8, GL, VB e RMA; e nota 9, plantas de hábito trepador (Melo, 2009).

Para acamamento as notas 1 até 9 se referem a porcentagem de plantas acamadas na parcela, sendo nota 1 para ausência de plantas acamadas; nota 2, de 1 a 10% de plantas acamadas; nota 3, de 11 a 20%; nota 4, de 21 a 40%; nota 5, de 41 a 60%; nota 6, de 61 a 70%; nota 7, de 71 a 80%; nota 8, de 81 a 90%; e nota 9, de 91% a 100% (Melo, 2009).

3.2.2 Resistência a doenças

A avaliação para resistência a doenças foi baseada na ocorrência natural dos fitopatógenos nas áreas de instalação ensaios, sendo as avaliações realizadas em uma escala diagramática de notas de 1 a 9. A nota um se refere a nenhuma planta infectada, e nota nove a 100% de infecção e maior parte das plantas mortas (Melo, 2009).

3.2.3 Produtividade e qualidade comercial de grãos

A produtividade foi mensurada a partir do peso obtido por área útil da parcela com correção a 13% de umidade e estimação do valor obtido para kg ha^{-1} . Para avaliação da qualidade comercial de grãos dos genótipos foi avaliado o rendimento de peneira e massa de 100 grãos. O rendimento de peneira é mensurado a partir de uma amostra de 300 gramas de cada parcela. Utilizando uma peneira de furos oblongos com 4,25 mm de espessura e 22 mm de comprimento, a amostra foi peneirada, e, a partir dos grãos retidos na peneira, realizou-se a pesagem dos grãos, o valor obtido é dividido pelo valor inicial da amostra para a obtenção do rendimento de peneira em porcentagem. A partir dos grãos obtidos pelo rendimento de peneira foi obtida a massa de 100 grãos, em gramas, por meio de uma balança de precisão, conforme a caracterização de cada local.

3.3 MARCADORES MOLECULARES

Todos os genótipos foram amostrados para análise genética molecular. A amostragem foi de 10 plantas de cada tratamento, do ensaio conduzido em Santo Antônio de Goiás. A classe de marcadores utilizados foram microssatélites - SSR (*Simple Sequence Repeat*) (Ferreira & Grattaplagia, 1998). Para a análise por marcadores utilizou-se quatro painéis multiplex contendo seis marcadores cada, totalizando 24 marcadores moleculares com adequada amplificação, conteúdo informativo e distribuição no genoma (Valdisser et al., 2013; Morais et al., 2016; Melo et al., 2019). Conforme relatado por Valdisser et al. (2013) e Morais et al. (2016), os painéis são formados por 12 marcadores série BM (Gaitán-Solís et al., 2002), oito série PvBR (Buso et al., 2006) e quatro Pv-ESTBR (Garcia et al., 2011), conforme a Tabela 5.

Tabela 5. Painéis de marcadores moleculares microssatélites (SSR) com as identificações dos locos, fluorescência, faixa de amplificação em pares de base (pb) e localização no genoma.

Painel	Marcador	Fluorescência	Faixa de amplificação (pb)	Cromossomo ¹
1	BM143	HEX	100-170	Pv02
	PVBR25	6-FAM	140-180	Pv09
	BM164	NED	130-190	Pv02
	BM114	6-FAM	230-260	Pv09
	BM138	NED	190-210	Pv05
	PVBR169	HEX	195-220	Pv03
2	PVBR5	HEX	160-220	Pv06
	PVBR35	6-FAM	190-260	Pv04
	BM202	6-FAM	100-173	Pv11
	BM189	NED	80-120	Pv03
	BM210	NED	160-220	Pv07
	BM155	HEX	100-145	Pv05
3	BM187	HEX	120-220	Pv06
	PVBR113	NED	60-110	Pv06
	PVBR87	NED	150-201	Pv05
	PVBR272	6-FAM	70-135	Pv02
	BM154	6-FAM	205-317	Pv09
	PVBR13	6-FAM	159-200	Pv06
4	PVBR11	HEX	175-192	Pv02
	BM181	NED	170-250	Pv05
	BM183	6-FAM	130-170	Pv07
	PVBR163	6-FAM	180-350	Pv06
	BM201	NED	90-120	Pv01
	PVBR251	HEX	193-220	Pv01

Fonte: Valdisser et al. (2013) e Morais et al. (2016), adaptado. ¹ Conforme relatado por Morais et al. (2016), localização baseada no mapeamento (Grisi et al. 2007), do banco de dados *PhaseolusGenes*, ou na análise BLAST usando o genoma de referência de *Phaseolus vulgaris* L. (Schmutz et al. 2014).

As amostras para extração de DNA foram obtidas a partir de dois discos foliares. O método de extração foi realizado conforme Xin et al. (2003), com adequações às necessidades do laboratório de biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão. Para amplificação do conteúdo genômico as reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) foram conduzidas em um termociclador *GeneAmp* PCR System 9700 (*Applied Biosystems*) utilizando ao final volume de 5 µL. Para as reações de amplificação foi utilizado o kit Qiagen® PCR Multiplex, composto por Master-Mix (50% do volume da reação) e Q-Solution (10% do volume), além dos primers marcados com fluorescência, com concentrações que variaram de 0,03 µM a 1,2 µM, dependendo da intensidade do produto amplificado, e água Milli-Q (quantidade

necessária para completar o volume final da reação de PCR para 5,0 µL). Os produtos de amplificação foram diluídos e homogeneizados usando 0,5 µL de cada produto da reação para obtenção do volume final de 10,0 µL, contendo os reagentes formamida e o marcador interno Rox vermelho. Em seguida, as amostras foram analisadas em analisador automático de fragmentos ABI3500xL (*Applied Biosystems*) e, posteriormente, genotipadas, o com o auxílio do programa *GeneMapper* 4.1 (*Applied Biosystems*).

3.4 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

3.4.1 Análise de variância individual

Para cada caráter analisado em cada ensaio foi realizada a análise de variância individual considerando efeito de genótipos como fixo. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, utilizando seguinte modelo, conforme Pimentel-Gomes (1990):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : valor analisado relativo à parcela que recebeu o i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, I$), no j -ésimo no bloco ($j = 1, 2, \dots, J$);

μ : média geral do ensaio;

g_i : efeito do i -ésimo genótipo, ($i = 1, 2, \dots, I$);

b_j : efeito do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, J$);

ε_{ij} : valor do erro experimental associado ao i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco.

Tabela 6. Esquema geral da análise de variância individual e conjunta com as respectivas esperanças matemáticas do quadrado médio E(QM).

Análise individual			
FV ¹	GL ²	QM ³	E(QM) ⁴
Repetições (R)	$R - 1$	QM_B	$\sigma^2 + J\phi_R^2$
Genótipos (G)	$G - 1$	QM_G	$\sigma^2 + I\phi_G^2$
Progênes (P)	$P - 1$	QM_P	$\sigma^2 + I\phi_P^2$
Cultivares (C)	$C - 1$	QM_C	$\sigma^2 + I\phi_C^2$
P vs C	$(G - 1) - (P + C - 2)$	$QM_{P \times C}$	-
Resíduo	$(R - 1)(G - 1)$	QM_e	σ^2

¹ FV = fonte de variação; ² GL = graus de liberdade; ³ QM = quadrado médio; ⁴ E(QM) = esperança de quadrado médios.

3.4.2 Componentes quadráticos e parâmetros genéticos

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos foram computados conforme as sucessivas descrições abaixo, utilizando para tanto os respectivos estimadores da análise de variância individual e conjunta.

A variância fenotípica, ao nível de médias, foi mensurada de acordo com Vencovsky & Barriga (1992), conforme a seguinte expressão:

$$\hat{\phi}_{FG}^2 = \frac{QM_G}{r}$$

Em que:

QM_G : é o quadrado médio de genótipos.

A variância fenotípica de progênes, ao nível de médias, foi mensurada de acordo com Vencovsky & Barriga (1992), conforme a seguinte expressão:

$$\hat{\phi}_{FP}^2 = \frac{QM_P}{r}$$

Em que:

QM_P : é o quadrado médio de progênes.

Para o cálculo dos valores intervalares de confiança da variância fenotípica de genótipos ($\hat{\sigma}_{FG}^2$) e progênies ($\hat{\sigma}_{FP}^2$) utilizou-se a seguinte expressão, de acordo com Burdick & Graybill (1992) e Barbin (2019):

$$IC(\hat{\phi}_F^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\phi}_F^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\phi}_F^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right]$$

Em que:

n_t : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente de variância.

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

A variância genotípica de genótipos foi estimada do seguinte modo, conforme Vencovsky & Barriga (1992):

$$\hat{\phi}_{GG}^2 = \frac{QM_G - QM_e}{r}$$

Em que:

QM_G : é o quadrado médio de genótipos.

QM_e : é o quadrado médio do erro ou resíduo.

A variância genotípica de progênies, a nível de médias, também foi estimada do seguinte modo:

$$\hat{\phi}_{GP}^2 = \frac{QM_P - QM_e}{r}$$

Em que:

QM_G : é o quadrado médio de genótipos.

QM_e : é o quadrado médio do erro ou resíduo.

Conforme cada estimativa de variância, para o cálculo dos valores intervalares de confiança da variância genotípica de genótipos ($\hat{\phi}_{GG}^2$) e progênies ($\hat{\phi}_{GP}^2$) utilizou-se a seguinte expressão, de acordo com Burdick & Graybill (1992) e Barbin (2019):

$$IC(\hat{\phi}_G^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\phi}_G^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\phi}_G^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right]$$

Em que:

n_t : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente de variância.

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

A variância residual foi estimada do seguinte modo:

$$\hat{\sigma}_e^2 = QM_e$$

Em que:

QM_e : é o quadrado médio do erro ou resíduo.

Para o cálculo dos valores intervalares de confiança da variância residual utilizou-se a seguinte expressão, de acordo com Burdick & Graybill (1992) e Barbin (2019):

$$IC(\hat{\sigma}_e^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\sigma}_e^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\sigma}_e^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right]$$

Em que:

n_t : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente de variância.

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

O coeficiente de variação genético foi estimado conforme a seguinte expressão:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\phi}_P^2}}{\bar{X}}$$

O coeficiente de variação experimental foi verificado conforme a seguinte expressão:

$$CV_e: \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}}$$

O índice b proporciona verificar a relação entre o coeficiente de variação genético e experimental, sendo estimado como a razão de ambos os coeficientes, conforme a seguir:

$$b = \left(\frac{CV_g}{CV_e} \right)$$

A herdabilidade, no sentido amplo, foi verificado da seguinte maneira, conforme Ramalho et al. (2012c):

$$\hat{h}^2 = \left(\frac{\hat{\phi}_P^2}{\hat{\phi}_F^2} \right) 100$$

Para o cálculo dos valores intervalares de confiança da herdabilidade utilizou-se a seguinte expressão, conforme Knapp et al. (1985) e Burdick & Graybill (1992):

$$IC(\hat{h}^2)_{0,95} = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QM_P}{QM_e} \right) F_{0,975;f_1;f_2} \right]^{-1} \leq \frac{\hat{\phi}_G^2}{\hat{\phi}_F^2} \leq 1 - \left[\left(\frac{QM_P}{QM_e} \right) F_{0,025;f_1;f_2} \right]^{-1} \right\}$$

Em que:

$F_{0,975;f_1;f_2}$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição F associado a f_1 graus de liberdade de progênie e f_2 graus de liberdade do erro.

$F_{0,025;f_1;f_2}$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição F associado a f_1 graus de liberdade de progênie e f_2 graus de liberdade do erro.

Adotando uma intensidade de seleção de 28%, o ganho esperado com a seleção foi obtido do seguinte modo:

$$GS(\%) = \left(\frac{ds\hat{h}^2}{\bar{X}} \right) 100$$

Em que:

ds : é o diferencial de seleção, obtido pela diferença entre as médias das progênies (\bar{X}) e a média das progênies selecionadas.

3.4.3 Análise de variância conjunta

A análise de variância conjunta foi realizada considerando os efeitos de genótipos e de ambientes fixo, conforme Ramalho et al. (1993):

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + b_{k(j)} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : observação do i -ésimo genótipo, no j -ésimo ambiente e k -ésimo bloco;

μ : média geral do ensaio;

g_i : efeito do i -ésimo genótipo, ($i = 1, 2, \dots, I$);

a_j : efeito do j -ésimo ambiente j , ($j = 1, 2, \dots, J$);

$(ga)_{ij}$: efeito da interação do i -ésimo genótipo com o j -ésimo ambiente;

$b_{k(j)}$: efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente;

ε_{ijk} : valor do erro experimental associado ao i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco no k -ésimo ambiente.

Tabela 7. Esquema geral da análise de variância individual e conjunta com as respectivas esperanças matemáticas do quadrado médio E(QM).

Análise conjunta			
FV ¹	GL ²	QM ³	E(QM) ⁴
Blocos (R)	$R - 1$	QM_B	-
Blocos/A	$A(R - 1)$	$QM_{B/L}$	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Genótipos (G)	$G - 1$	QM_G	$\sigma^2 + ar\phi_g^2$
Progênes (P)	$P - 1$	QM_P	$\sigma^2 + ar\phi_p^2$
Cultivares (C)	$C - 1$	QM_C	$\sigma^2 + ar\phi_c^2$
P vs C	$(G - 1) - (P + C - 2)$	QM_{PxC}	-
Ambiente (A)	$A - 1$	QM_L	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + gr\phi_a^2$
Interação G x A	$(A - 1)(G - 1)$	QM_{GxL}	$\sigma^2 + r\phi_{gxa}^2$
P x A	$(P - 1)(A - 1)$	QM_{PxL}	$\sigma^2 + r\phi_{pxa}^2$
C x A	$(C - 1)(A - 1)$	QM_{CxL}	$\sigma^2 + r\phi_{cxa}^2$
(P vs C) x A	$(AC - 2) - (A - 1)$	QM_{PxCxL}	-
Resíduo	$A(R - 1)(G - 1)$	QM_e	σ^2

¹ FV = fonte de variação; ² GL = graus de liberdade; ³ QM = quadrado médio; ⁴ E(QM) = esperança de quadrado médios.

Durante a análise conjunta observou-se a homogeneidade das variâncias por meio da relação 7:1 dos quadrados médios residuais conforme relatado por Pimentel-Gomes (2000). Quando necessário, os graus de liberdade do resíduo e da interação de genótipos por ambientes foram ajustados segundo o método de Cochran (1954).

3.4.4 Componentes de variância e parâmetros genéticos

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos foram computados conforme as sucessivas descrições abaixo, utilizando para tanto os respectivos estimadores da análise de variância individual e conjunta.

A variância fenotípica de genótipos foi mensurada de acordo com Vencovsky & Barriga (1992), conforme a seguinte expressão:

$$\hat{\phi}_{FG}^2 = \frac{QM_G}{ar}$$

Em que:

QM_G : é o quadrado médio de genótipos.

A variância fenotípica de progênies foi mensurada de acordo com Vencovsky & Barriga (1992), conforme a seguinte expressão:

$$\hat{\phi}_{FP}^2 = \frac{QM_P}{ar}$$

Em que:

QM_P : é o quadrado médio de progênies.

Para o cálculo dos valores intervalares de confiança da variância fenotípica de genótipos ($\hat{\sigma}_{FG}^2$) e progênies ($\hat{\sigma}_{FP}^2$) utilizou-se a seguinte expressão, de acordo com Burdick & Graybill (1992) e Barbin (2019):

$$IC(\hat{\phi}_F^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\phi}_F^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\phi}_F^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right]$$

Em que:

n_t : é estimativa de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio.

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

Para o cálculo do valor de n_t na análise de variância conjunta seguiu-se o procedimento proposto por Satterthwaite (1946) utilizado para calcular o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio resultante da combinação linear de dois quadrados médios, com números de graus de liberdade conhecidos.

$$n_t = \frac{[QM_{FG} - QM_e]^2}{\frac{(QM_{FG})^2}{f_1} + \frac{(QM_e)^2}{f_2}}; \frac{[QM_{FP} - QM_e]^2}{\frac{(QM_{FP})^2}{f_1} + \frac{(QM_e)^2}{f_2}}$$

Em que:

f_1 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas de tratamento.

f_2 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas residuais.

A variância genotípica de genótipos, foi estimada do seguinte modo, conforme Vencovsky & Barriga (1992):

$$\hat{\phi}_{GG}^2 = \frac{QM_G - QM_e}{ar}$$

Em que:

QM_G : é o quadrado médio de genótipos.

QM_e : é o quadrado médio do erro ou resíduo.

A variância genotípica de progênies também foi estimada do seguinte modo:

$$\hat{\phi}_{GP}^2 = \frac{QM_P - QM_e}{ar}$$

Em que:

QM_P : é o quadrado médio de genótipos.

QM_e : é o quadrado médio do erro ou resíduo.

Conforme cada estimativa de variância, para o cálculo dos valores intervalares do componente quadrático médio de genótipos ($\hat{\phi}_{GG}^2$) e progênies ($\hat{\phi}_{GP}^2$) utilizou-se a seguinte expressão, de acordo com Burdick & Graybill (1992) e Barbin (2019):

$$IC(\hat{\phi}_G^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\phi}_G^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\phi}_G^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right]$$

Em que:

n_t : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio.

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

Para o cálculo do valor de n_t na análise de variância conjunta seguiu-se o procedimento proposto por Satterthwaite (1946) utilizado para calcular o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio resultante da combinação linear de dois quadrados médios, com números de graus de liberdade conhecidos.

$$n_t = \frac{[QM_{GG} - QM_e]^2}{\frac{(QM_{GG})^2}{f_1} + \frac{(QM_e)^2}{f_2}}; \frac{[QM_{GP} - QM_e]^2}{\frac{(QM_{GP})^2}{f_1} + \frac{(QM_e)^2}{f_2}}$$

Em que:

f_1 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas de tratamento.

f_2 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas residuais.

A variância residual foi estimada do seguinte modo:

$$\hat{\sigma}_e^2 = QM_e$$

Em que:

QM_e : é o quadrado médio do erro ou resíduo.

Para o cálculo dos valores intervalares de confiança da variância residual utilizou-se a seguinte expressão, de acordo com Burdick & Graybill (1992) e Barbin (2019):

$$IC(\hat{\sigma}_e^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\sigma}_e^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\sigma}_e^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right]$$

Em que:

n_t : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio.

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

O componente quadrático médio de ambientes foi estimado do seguinte modo:

$$\hat{\phi}_a^2 = \frac{QM_L - QM_B}{gr}$$

Em que:

QM_a : é o quadrado médio de ambientes.

QM_e : é o quadrado médio do erro ou resíduo.

Para o cálculo dos valores intervalares de confiança do componente quadrático médio de ambientes utilizou-se a seguinte expressão, de acordo com Burdick & Graybill (1992) e Barbin (2019):

$$IC(\hat{\phi}_a^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\phi}_a^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\phi}_a^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right]$$

Em que:

n_t : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio.

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

Para o cálculo do valor de n_t na análise de variância conjunta seguiu-se o procedimento proposto por Satterthwaite (1946) utilizado para calcular o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio resultante da combinação linear de dois quadrados médios, com números de graus de liberdade conhecidos.

$$n_t = \frac{[QM_a - QM_e]^2}{\frac{(QM_a)^2}{f_1} + \frac{(QM_e)^2}{f_2}}$$

Em que:

f_1 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas de ambientes.

f_2 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas residuais.

O componente quadrático médio da interação de genótipos por ambientes foi estimado do seguinte modo:

$$\hat{\phi}_{gxa}^2 = \frac{QM_{gxa} - QM_e}{r}$$

Em que:

QM_{gxa} : é o quadrado médio da interação de genótipos com ambientes.

QM_e : é o quadrado médio do erro ou resíduo.

Para o cálculo dos valores intervalares de confiança do componente quadrático médio da interação genótipos por ambientes utilizou-se a seguinte expressão, de acordo com Burdick & Graybill (1992) e Barbin (2019):

$$IC(\hat{\phi}_{gxa}^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\phi}_{gxa}^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\phi}_{gxa}^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right]$$

Em que:

n_t : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio.

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

Para o cálculo do valor de n_t na análise de variância conjunta seguiu-se o procedimento proposto por Satterthwaite (1946) utilizado para calcular o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio resultante da combinação linear de dois quadrados médios, com números de graus de liberdade conhecidos.

$$n_t = \frac{[QM_{gxa} - QM_e]^2}{\frac{(QM_{gxa})^2}{f_1} + \frac{(QM_e)^2}{f_2}}$$

Em que:

f_1 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas de ambientes.

f_2 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas residuais.

O componente quadrático médio da interação progênies por ambientes foi estimado do seguinte modo:

$$\hat{\phi}_{pxa}^2 = \frac{QM_{pxa} - QM_e}{r}$$

Em que:

QM_{pxa} : é o quadrado médio da interação de progênes com ambientes.

QM_e : é o quadrado médio do erro ou resíduo.

Para o cálculo dos valores intervalares de confiança do componente quadrático médio da interação progênes por ambientes utilizou-se a seguinte expressão, de acordo com Burdick & Graybill (1992) e Barbin (2019):

$$IC(\hat{\phi}_{pxa}^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\phi}_{pxa}^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\phi}_{pxa}^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right]$$

Em que:

n_t : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio.

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

Para o cálculo do valor de n_t na análise de variância conjunta seguiu-se o procedimento proposto por Satterthwaite (1946) utilizado para calcular o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente quadrático médio resultante da combinação linear de dois quadrados médios, com números de graus de liberdade conhecidos.

$$n_t = \frac{[QM_{pxa} - QM_e]^2}{\frac{(QM_{pxa})^2}{f_1} + \frac{(QM_e)^2}{f_2}}$$

Em que:

f_1 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas de progênes com ambientes.

f_2 : é o número de graus de liberdade associado as estimativas residuais.

A variância genética foi verificada conforme a seguinte expressão:

$$CV_g: \frac{\sqrt{\hat{\phi}_p^2}}{\bar{X}}$$

O coeficiente de variação experimental foi verificado conforme a seguinte expressão:

$$CV_e: \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}}$$

O índice b proporciona verificar a relação entre o coeficiente de variação genético e experimental, sendo estimado como a razão de ambos os coeficientes, conforme a seguir:

$$b = \left(\frac{CV_g}{CV_e} \right)$$

A herdabilidade a nível de progênies, no sentido amplo, foi verificado da seguinte maneira, conforme Ramalho et al. (2012c):

$$\hat{H}_p^2 = \left(\frac{\hat{\phi}_{GP}^2}{\hat{\phi}_{FP}^2} \right) 100$$

Para o cálculo dos valores intervalares de confiança do coeficiente de determinação utilizou-se a seguinte expressão, conforme Knapp et al. (1985) e Burdick & Graybill (1992):

$$IC(\hat{H}_p^2)_{0,95} = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QM_P}{QM_e} \right) F_{0,975;f_1;f_2} \right]^{-1} \leq \frac{\hat{\phi}_{GP}^2}{\hat{\phi}_{FP}^2} \leq 1 - \left[\left(\frac{QM_P}{QM_e} \right) F_{0,025;f_1;f_2} \right]^{-1} \right\}$$

Em que:

$F_{0,975;f_1;f_2}$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição F associado a f_1 graus de liberdade de progênies e f_2 graus de liberdade do erro.

$F_{0,025;f_1;f_2}$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição F associado a f_1 graus de liberdade de progênies e f_2 graus de liberdade do erro.

Adotando uma intensidade de seleção de 28%, o ganho esperado com a seleção foi obtido do seguinte modo:

$$GS (\%) = \left(\frac{ds \hat{H}^2}{\bar{X}} \right) 100$$

Em que:

ds: é o diferencial de seleção, obtido pela diferença entre as médias das progênies (\bar{X}) e a média das progênies selecionadas.

Ademais, para a verificação da confiabilidade dos resultados experimentais e dos valores genotípicos foi estimada a Acurácia Seletiva (AS) (Resende & Duarte, 2007), para análises individuais e conjuntas. Utilizou-se para a seguinte escala, conforme Resende & Duarte (2007) e Cargnelutti et al. (2009): $\geq 0,90$, muito alta; $< 0,90$ e $\geq 0,70$, alta; $< 0,70$ e $\geq 0,50$, moderada; e $< 0,50$, baixa.

3.5 CORRELAÇÕES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS E AMBIENTAIS

Foram estimadas as correlações genéticas, fenotípicas e ambientais entre os caracteres de produtividade, massa de 100 grãos e rendimento de peneira. As mensurações foram tanto para os ensaios individuais como na análise conjunta, em procedimento demonstrado por Vencovsky & BARRIGA (1992). Para a verificação da significância das estimativas de correlações foi utilizado o teste t de *Student* e procedimento *Bootstrap* com 10.000 repetições.

3.6 DIVERSIDADE GENÉTICA

A partir dos dados de marcadores, para obtenção da matriz de distâncias e estimação da diversidade genética entre as progênies, utilizou-se a distância genética Rogers modificada por Wright (Wright, 1978). Ademais, para cada loco foram estimadas as seguintes medidas de diversidade: número de alelos por loco (*An*); heterozigosidade esperada (*H_E*); heterozigosidade observada (*H_O*); e índice de fixação intrapopulacional (*f*).

Buscando elaborar graficamente a matriz de dissimilaridade e o dendrograma se utilizou do algoritmo UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*).

A representatividade dos nós do dendrograma foi observada através de procedimento *Bootstrap* com 30.000 mil reamostragens. A verificação da correlação entre o dendrograma e a matriz de dissimilaridade, e entre coordenadas principais e a matriz de distâncias ocorreu pelo teste de Mantel (Mantel, 1967). A probabilidade de erro associada a correlação cofenética foi realizada por processo iterativo com 10.000 reamostragens. Além do uso dos dendrogramas, como alternativa a facilitar a visualização de grupos, foi utilizada estimativas de componentes principais para as informações moleculares.

3.7 ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA

Com o objetivo de verificar a eficiência dos cruzamentos e a confirmação da efetiva exploração do potencial da variabilidade genética das progênies foi mensurado o grau de estruturação genética a partir das informações dos marcadores moleculares e frequências alélicas. Para isso foi utilizado um procedimento de Monte-Carlo via Cadeias de Markov (algoritmo MCMC) através do *software Sstructure* (Pritchard et al., 2000). Para o procedimento foi utilizado o valor de 6.000 interações de *burn-in*. Após isso, considerou-se o processo iterativo com 60.000 randomizações para obtenção das estimativas. Para as simulações o número de grupos ou *clusters* (K) variou de um, admitindo ausência de estruturação genética, a 10, pressupondo estruturação genética com 10 populações diferentes, com 30 iterações para cada K . O valor de ΔK ideal de grupos foi definido pelo método de Evanno et al. (2005).

3.8 CRITÉRIOS E MÉTODOS DE SELEÇÃO

A intensidade de seleção foi definida em 28% para a escolha de progênies para composição do próximo ciclo de seleção recorrente. Levou-se em consideração para o critério de seleção apenas produtividade e qualidade comercial de grãos. Com o objetivo de avaliar as informações fenotípicas e moleculares foram utilizadas diferentes estratégias para seleção de progênies. Inicialmente foi utilizado a seleção simultânea que combinou as melhores escolhas para todos os caracteres. Posteriormente, utilizou-se o algoritmo Kennard-Stone (Kennard & Stone, 1969) para seleção de amostras mais divergentes com base nas informações moleculares. Também se verificou uma associação da seleção simultânea e do algoritmo Kennard-Stone buscando ponderar a diversidade genética. Ainda,

foi usado o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978), sem e com pesos econômicos (peso dois para produtividade de grãos, e peso um para qualidade comercial de grãos), conforme a expressão a seguir:

$$I_{mm(i)} = u_1 r_{i1} + u_2 r_{i2} + \dots + u_n r_{in}$$

Em que:

$I_{mm(i)}$: valor do índice do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, I$);

u_n : peso estabelecido para o caráter n ($n = 1, 2, \dots, N$);

r_{in} : ranqueamento do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, I$), associado à média fenotípica do caráter n ($n = 1, 2, \dots, N$).

As análises estatísticas foram realizadas utilizando os *softwares* R (R Core Team, 2024), GENES (Cruz, 2016) e *Sstructure* (Pritchard et al., 2000).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIA INDIVIDUAL

Houve diferenças significativas na produtividade e na qualidade tecnológica dos grãos, levando em consideração os caracteres de massa de 100 grãos e o rendimento de peneira (Apêndices A-C). Essa observação sugere a existência de variabilidade genética entre os genótipos. Quanto à adaptação para a colheita mecanizada, a significância foi observada apenas em um ensaio que avaliou a arquitetura e o acamamento de plantas (Apêndices D-E), o que pode indicar a influência do ambiente na expressão do potencial genético dos genótipos. Em relação à reação a doenças, com exceção do ensaio de Santo Antônio de Goiás em 2022, todos os demais demonstraram diferenças estatisticamente significativas entre os genótipos para reação ao *Fusarium oxysporum* (Apêndice F) e à antracnose (Apêndice G).

As estimativas dos componentes quadráticos e parâmetros genéticos estão inscritas no Apêndice H ao P. Para produtividade, em todos os ambientes, as estimativas dos componentes quadráticos evidenciaram diferença significativa de zero ($\alpha=0,05$) e a amplitude, avaliada pelos limites superiores e inferiores, com baixa magnitude (Apêndices H e I). As estimativas do coeficiente de determinação (herdabilidade) variaram de intermediária a alta magnitude, 49,87% a 83,09%, respectivamente. O coeficiente de variação genético de progênies variou de 5,77% a 14,97%. O índice *b*, que estima a variação genética a nível de médias, variou de 0,58 a 1,26.

Para massa de 100 grãos as estimativas evidenciaram precisão e diferença significativa ($\alpha=0,05$) do valor zero (Apêndices J e K). O coeficiente de determinação variou de 74,72% a 86,35% suscitando uma alta magnitude, mesmo para uma característica quantitativa, resultado da precisão das estimativas e da qualidade experimental dos ensaios. O coeficiente de variação genético variou de 2,70% a 5,02%. As estimativas da variação genética pelo índice B foi de 0,99 a 1,45.

Para rendimento de peneira todas as estimativas dos componentes quadráticos demonstraram diferença significativa ($\alpha=0,05$) e alta precisão. A nível de variâncias, a herdabilidade, variou de média magnitude, 50,68%, a alta magnitude, 91,79%. O coeficiente de variação genético variou de 2,05% a 6,95%. O índice *b* variou de 0,59 a 1,94.

A exceção do componente quadrático médio genotípico de progênes para arquitetura, e de genótipos e progênes, para acamamento de plantas, os demais demonstraram diferenças significativas ($\alpha=0,05$), com magnitudes condizentes dos limites superiores e inferiores. O coeficiente de determinação, em Santo Antônio de Goiás, no ano de 2022, para arquitetura e acamamento de plantas; e em Santo Antônio de Goiás, no ano de 2023, para acamamento de plantas, não se diferiu de zero. Já para os outros coeficientes, a variação foi de 68,07%, para acamamento, e de 73,50%, para arquitetura.

Para reação a doenças, os valores das estimativas de todos os componentes quadráticos para *Fusarium oxysporum* e antracnose demonstraram resultado distinto de zero ($\alpha=0,05$) e precisão das estimativas. O coeficiente de determinação não foi diferente de zero para nenhum valor de *Fusarium oxysporum*. Já os valores do coeficiente de variação genético variaram de 35,96% a 41,56%. O índice B variou de 0,69 a 1,29. Para antracnose, o coeficiente de determinação variou de 62,13% a 64,06%. O coeficiente de variação genético variou 43,01% a 65,37%. O índice *b* variou de 0,70 a 1,38.

Os valores dos coeficientes de variação, abaixo de 15%, para as características de produtividade, massa de 100 grãos, rendimento de peneira e arquitetura de plantas, evidenciam precisão experimental. Já para as características de acamamento de plantas, *Fusarium oxysporum* e antracnose, os valores foram considerados altos. Isto ocorreu em razão da natureza da estimativa destas características, assim como do efeito do ambiente sobre os fatores de genótipos e fitopatógenos. Neste sentido, o efeito do ambiente foi outro fator para as baixas médias observadas para o município de Ponta Grossa, no ano de 2023, na época da “Seca”. Neste ambiente a menor disponibilidade de água no solo foi determinante para menor média observada para produtividade (1597 kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (16,92 g). Soma-se a este efeito o alto nível de plantas acamadas para o mesmo ensaio, com média de 4,92. Ademais, a média para antracnose também foi baixa, 1,53, evidência da menor umidade presente. Conforme demonstrado por Rava & Costa (2002), em ensaios com diferentes estratégias de irrigação, na ausência de umidade relativa à parte aérea, como sistemas de irrigação por inundação, os esporos não possuem viabilidade para provocar a doença. Logo, a menor média para antracnose é justificada pela menor presença de umidade.

A herdabilidade demonstra o quanto da proporção fenotípica é de origem genética e passível de ser explorada pela seleção, sendo uma estimativa a nível de variâncias. O índice *b* também evidencia a proporção herdável, porém a nível de médias. As estimativas do índice *b* corroboraram os resultados da herdabilidade para todas as características, com

maior valor do índice associado as maiores herdabilidades. A média da herdabilidade foi de 61,10% para produtividade, 78,29% para massa de 100 grãos e 74,68% para rendimento de peneira. Estes altos valores de herdabilidade evidenciam chance de sucesso com a seleção, fato observável pelas altas médias do ganho com a seleção de 10,48%, 4,86% e 3,43%, para produtividade, massa de 100 grãos e rendimento de peneira, respectivamente.

4.2 ANÁLISE DE VARIÂNCIA CONJUNTA

A análise de variância conjunta para produtividade demonstrou diferença significativa para todas as fontes de variação, exceto testemunha (Tabela 8). Houve variabilidade genética entre as progênies e o contraste destas com as testemunhas foi significativo. O efeito de ambiente foi significativo indicando variabilidade presente nos ambientes em que os ensaios foram conduzidos. A interação genótipos por ambientes foi significativa, resultado semelhante para interação com progênies e testemunhas, portanto, tanto progênies, como as testemunhas responderam de maneira diferenciada frente aos distintos estímulos ambientais. O efeito de contraste entre grupos com ambientes também foi significativo, isso demonstra que ao menos um dos grupos evidenciou uma interação com ambientes.

As médias de progênies foram de 2883 kg ha⁻¹, 21,37 gramas e 86,63% para produtividade, massa de 100 grãos e rendimento de peneira, respectivamente (Tabela 8). O coeficiente de variação foi de 3,36% a 12,87% para os três caracteres, indicando precisão das estimativas. A acurácia seletiva foi de 0,87 a 0,97, indicando confiabilidade dos resultados e precisão dos valores genotípicos estimados (Resende & Duarte, 2007).

Tabela 8. Resumo da análise de variância conjunta para produtividade (kg ha⁻¹) (PROD), massa de 100 grãos (g) (M100) e rendimento de peneira (%) (RP).

FV ¹	PROD		M100		RP	
	GL ²	QM ³	GL ²	QM ³	GL ²	QM ³
Blocos/Ambiente	8	126381	8	0,99	6	30,13
Genótipos (G)	38	547606 **	38	8,77 **	38	101,09 **
Progênes (P)	34	419073 **	34	5,52 **	34	96,02 **
Testemunhas (T)	3	314979 ns	3	48,50 **	3	186,34 **
P vs T	1	5615619 **	1	0,15 ns	1	17,59 ns
Ambientes (A)	3	102995459 **	3	1076,80 **	2	8459,38 **
G x A	114	351853 **	114	1,31 **	57 (*)	66,71 **
P x A	102	296006 **	102	1,25 **	68	53,28 **
T x A	9	383507 **	9	1,95 **	6	16,19 ns
(P vs T) x A	3	2155693 **	3	1,43 *	2	40,95 ns
Resíduo	304	134240	304	0,52	136 (*)	24,69
Total	467		467		350	
Média Genótipos (G)	2846,04		21,36		86,70	
Média Progênes (P)	2883,07		21,37		86,63	
CVe (%) ⁴ Genótipos	12,87		3,36		4,42	
CVe (%) ⁴ Progênes	12,71		3,36		4,43	
AS ⁵	0,87		0,97		0,87	

* Graus de liberdade corrigidos pelo método de Cochran (1954). ¹ FV = fonte de variação; ² GL = graus de liberdade; ³ QM = quadrado médio; ⁴ CVe (%) = coeficiente de variação; ⁵ AS = acurácia seletiva.

Para os caracteres que indicam a adaptação à colheita mecanizada houve diferença significativa para o efeito de genótipos, assim como para os desdobramentos em progênes e testemunhas. Logo, este resultado fenotípico observado se deve as linhagens e testemunhas (Tabela 9). O efeito de contraste entre grupos foi significativo para ambos os caracteres evidenciando a diferenciação dos grupos. Ainda, os ambientes foram distintos em razão da diferença significativa. Já para a interação de genótipos por ambientes, a significância foi observada apenas para arquitetura de plantas, considerando o efeito de genótipos e o desdobramento em progênes.

As médias de arquitetura e acamamento de plantas, quanto a progênes, foram, nesta ordem, de 3,88 e 2,99. O coeficiente de variação variou de 14,12% a 29,79%. Os valores da acurácia seletiva foram de 0,78 a 0,87. O coeficiente de variação e a acurácia seletiva indicam precisão das estimativas e confiabilidade dos dados.

Tabela 9. Resumo da análise de variância conjunta para adaptação à colheita mecanizada, relacionados com a arquitetura (ARQ) e acamamento de plantas (ACA).

FV ¹	ARQ		ACA	
	GL ²	QM ³	GL ²	QM ³
Blocos/Ambiente	2	0,10	3	0,26
Genótipos (G)	38	1,20 **	38	2,05 **
Progênes (P)	34	1,11 **	34	1,76 **
Testemunhas (T)	3	2,23 **	3	4,38 **
P vs T	1	1,37 *	1	4,81 *
Ambientes (A)	1	160,03 **	2	87,90 **
G x A	38	0,79 **	76	1,04 ns
P x A	34	0,82 **	68	1,00 ns
T x A	3	0,73 ns	6	1,50 ns
(P vs T) x A	1	0,04 ns	2	0,94 ns
Resíduo	76	0,30	114	0,79
Total	155		233	
Média Genótipos (G)	3,91		3,03	
Média Progênes (P)	3,88		2,99	
CVe (%) ⁴ Genótipos	14,00		29,32	
CVe (%) ⁴ Progênes	14,12		29,79	
AS ⁵	0,87		0,78	

¹FV = fonte de variação; ²GL = graus de liberdade; ³QM = quadrado médio; ⁴CVe (%) = coeficiente de variação; ⁵AS = acurácia seletiva.

Na avaliação quanto à reação a doenças de ocorrência natural foram avaliadas a reação a *Fusarium oxysporum* e Antracnose (Tabela 10). Houve efeito significativo para genótipos e progênes, evidenciando variabilidade genética. O efeito de significância para testemunhas e, logo, para o contraste entre grupos, ocorreu apenas para Antracnose. Já para o efeito de ambientes, a diferença estatística foi observada apenas para para *Fusarium oxysporum*. O efeito da interação de genótipos por ambientes não foi significativo para *Fusarium oxysporum*, contribui para este fato de o município ser o mesmo para os dois ambientes avaliados. Diferentemente, para antracnose, a interação foi significativa evidenciando um responsividade diferenciada dos genótipos frente a variação dos ambientes.

A média de progênes para *Fusarium oxysporum* foi de 2,18, e para antracnose de 1,38. O coeficiente de variação de progênes variou de 39,08% a 64,02%, já a acurácia seletiva foi de 0,71 a 0,83. Os valores para o coeficiente de variação estão relacionados a amplitude das estimativas por escala de notas, assim como das influências do ambiente sobre os genótipos e fitopatógenos, sendo os resultados próximos ao obtido por Torres et al. (2022) para *Fusarium oxysporum* e por Couto et al. (2008) para antracnose.

Tabela 10. Resumo da análise de variância conjunta para reação às doenças, *Fusarium oxysporum* (FOP) e antracnose (AN).

FV ¹	FOP		AN	
	GL ²	QM ³	GL ²	QM ³
Blocos/Ambiente	4	1,52	2	3,93
Genótipos (G)	38	1,45 **	38	2,24 **
Progênes (P)	34	1,52 **	34	1,69 **
Testemunhas (T)	3	1,04 ns	3	6,40 **
P vs T	1	0,29 ns	1	8,35 **
Ambientes (A)	1	167,54 **	1	3,39 ns
G x A	38	0,82 ns	38	1,47 **
P x A	34	0,83 ns	34	0,64 ns
T x A	3	0,82 ns	3	6,40 **
(P vs T) x A	1	0,34 ns	1	14,93 **
Resíduo	152	0,72	76	0,69
Total	233		155	
Média Genótipos (G)	2,19		1,38	
Média Progênes (P)	2,18		1,30	
CVe (%) ⁴ Genótipos	38,86		60,39	
CVe (%) ⁴ Progênes	39,08		64,02	
AS ⁵	0,71		0,83	

¹ FV = fonte de variação; ² GL = graus de liberdade; ³ QM = quadrado médio; ⁴ CVe (%) = coeficiente de variação; ⁵ AS = acurácia seletiva.

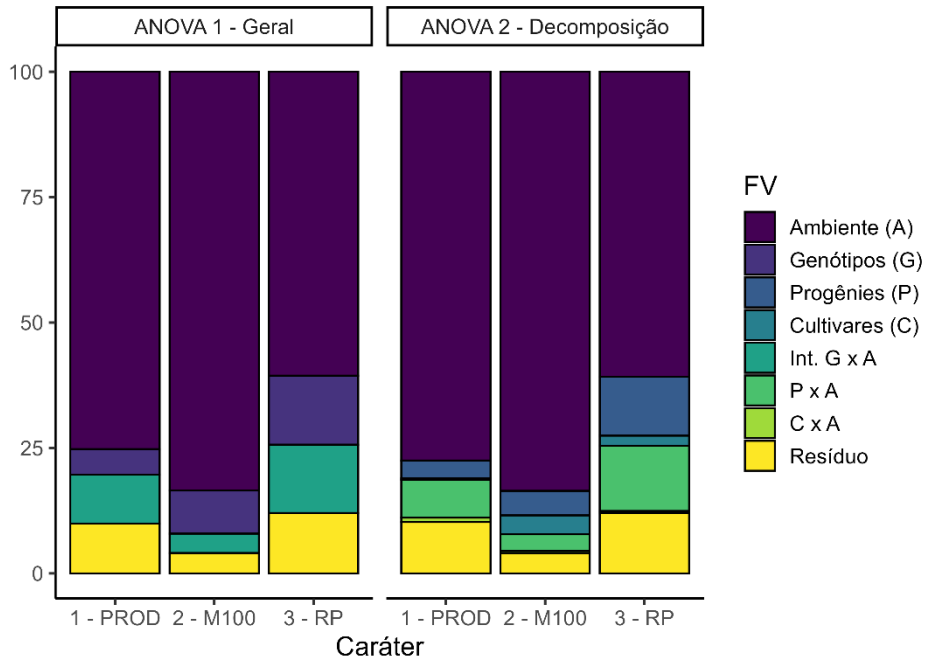
4.2.1 Proporção da variância fenotípica

Os valores da proporção total explicada pela soma de quadrados podem ser visualizados na Figura 9. A considerar todos os caracteres, exceto antracnose, o efeito do ambiente foi o mais influente, confirmando a natureza poligênica para a maior parte dos caracteres. Para produtividade, rendimento de peneira e acamamento de plantas, o efeito da interação de genótipos por ambientes foi o segundo mais importante. Já para massa de 100 grãos, arquitetura de plantas e *Fusarium oxysporum* o efeito de genótipos foi o segundo mais importante. Apenas para antracnose verificou-se maior efeito de genótipos como maior, sendo da interação genótipos por ambientes o segundo.

No desdobramento dos efeitos, para genótipos, verificou-se que a proporção de maior influência é de progênes, logo, a maior variabilidade observada provém do efeito de progênes. Isto decorre, além do estreitamento da variabilidade genética evidente em cultivares, do maior número de progênes que possuem frequências alélicas não fixadas. Para o efeito da interação de genótipos por ambientes, em razão dos fatos anteriormente citados,

verifica-se, por consequência, que a maior proporção da interação é proveniente do efeito da interação de progênies com ambientes.

(a)



(b)

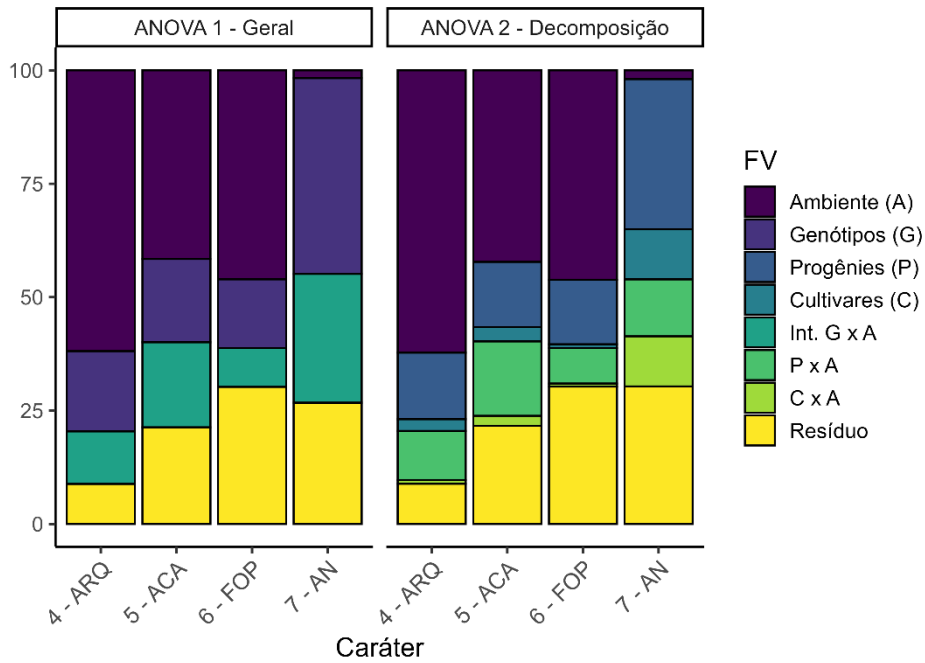


Figura 9. Proporção da variação fenotípica total explicada a partir da soma de quadrados para produtividade (PROD), massa de 100 grãos (M100), rendimento de peneira (RP), arquitetura (ARQ) e acamamento de plantas (ACA), *Fusarium oxysporum* (FOP) e antracnose (AN).

4.2.2 Componentes de variância e parâmetros genéticos

Os componentes quadráticos médios e os parâmetros genéticos estimados a partir da análise de variância conjunta estão dispostos na Tabelas 11, 12 e 13. Os valores da acurácia seletiva (AS) e coeficiente de variação (CV) evidenciaram precisão das informações experimentais (Figura 10), com maiores valores do CV relacionados aos caracteres qualitativos. Os valores do índice b e herdabilidade se correlacionaram positivamente, se diferenciando quanto a natureza de médias e variâncias, respectivamente. As maiores observações do ganho potencial com a seleção foram positivamente correlacionadas com o maior coeficiente de variação genético e herdabilidade.

Para produtividade e qualidade de grãos (Tabela 11), as estimativas foram consistentes e significativas, portanto, diferente de zero ($\alpha=0,05$). O valor do coeficiente de determinação atingiu média magnitude para produtividade, com 67,97%, já para massa de 100 grãos e rendimento de peneira os valores foram de 90,67% e 74,29%, relacionados como muito alta e alta magnitude, respectivamente. Estes caracteres apresentam natureza quantitativa, logo, poligênicos, e sensíveis às influências ambientais (Ramalho et al., 1993, 2012a). Ainda assim, para o programa de seleção recorrente em questão, verifica-se um valor médio elevado da herdabilidade, predizendo o sucesso com a seleção. O coeficiente de variação genético de genótipos variou de 1,16% a 6,52%, já entre progênies a variação foi de 0,90% a 5,34%. O índice b , que também é uma estimativa da herdabilidade a nível de médias, foi de 0,42 a 0,90. O diferencial de seleção foi de 251 kg ha⁻¹, 4,24 gramas e 2,77% para produtividade, massa de 100 grãos e rendimento de peneira, respectivamente. Os ganhos com a seleção para produtividade, massa de 100 grãos e rendimento de peneira foram, nesta ordem de 6,01%, 3,47% e 2,77%. Estes valores obtidos para cada caráter, individualmente, evidenciam o potencial máximo de ganho com a seleção em virtude da seleção restrita das melhores progênies.

Para arquitetura e acamamento, as estimativas podem ser observadas na Tabela 12. Todos os valores dos componentes quadráticos médios foram diferentes de zero ($\alpha=0,05$) e evidenciaram precisão a partir da análise dos limites superiores e inferiores. O coeficiente de variação genético de progênies foi de 11,59% e 15,07% para arquitetura e acamamento de plantas, respectivamente. O índice b foi de 0,82 para arquitetura e de 0,45 para acamamento. Já o diferencial de seleção variou de 0,64 e 0,70. Os ganhos com a seleção foram para arquitetura e acamamento, nesta ordem, de 13,03% e 11,52%.

As estimativas do componente quadráticos médios e demais parâmetros para reação às doenças podem ser verificada na Tabela 13. Ausente os componentes quadráticos de genótipos por ambientes para *Fusarium oxysporum*, e progênes por ambientes para ambas as características, as demais estimativas foram distintas do valor zero ($\alpha=0,05$) e apontaram precisão. O coeficiente de determinação foi de 52,40% para *Fusarium oxysporum* e de 58,97% para antracnose. Ainda, o coeficiente de variação variou de 16,74% a 38,38%. O alto valor para o CV é relacionado a alta variabilidade e dispersão das doenças presentes no campo. O índice *b* variou de 0,43 a 0,60 e o diferencial de seleção de 0,44 a 0,38, para *Fusarium oxysporum* e antracnose, respectivamente. Ainda, nesta ordem, os ganhos com a seleção foram de 10,49% e 16,18%.

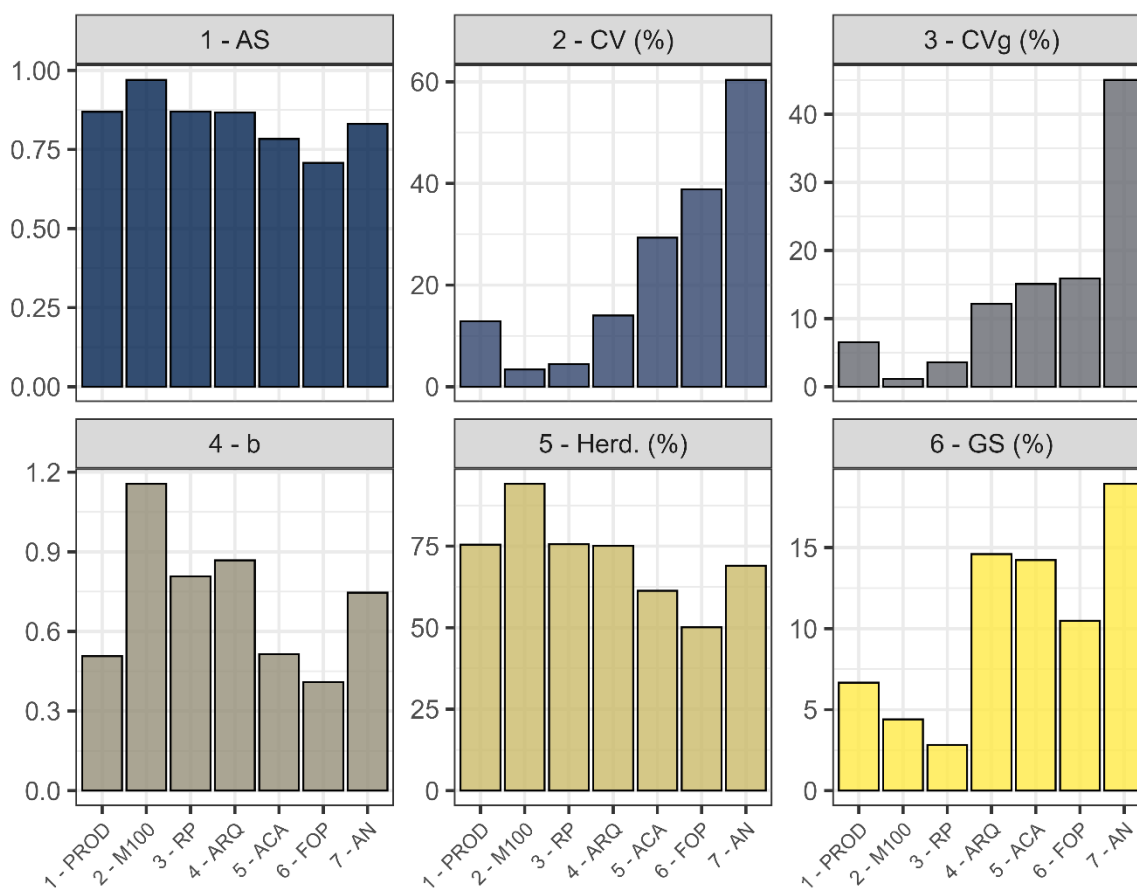


Figura 10. Estimativas de precisão experimental (acurácia seletiva - AS e coeficiente de variação experimental - CV) e parâmetros genéticos (coeficiente de variação genético - CVg, índice *b*, coeficiente de determinação - Herd., ganho com a seleção - GS) para produtividade (PROD), massa de 100 grãos (M100), rendimento de peneira (RP), arquitetura (ARQ) e acamamento de plantas (ACA), *Fusarium oxysporum* (FOP) e antracnose (AN).

Tabela 11. Estimativas de parâmetros genéticos para produtividade kg ha⁻¹ (PROD), massa de 100 grãos (g) (M100) e rendimento de peneira (%) (RP) em todos os ambientes.

Estimativas	PROD	LS ¹ -LI ²	M100	LS ¹ -LI ²	RP	LS ¹ -LI ²
$\hat{\phi}_{FG}$	45633	80536	0,73	1,30	11,23	19,72
		30240		0,49		7,41
$\hat{\phi}_{GG}$	34447	71995	0,69	1,22	8,49	17,62
		20866		0,46		5,11
$\hat{\sigma}_e$	134240	158424	0,52	0,61	24,69	31,80
		115216		0,44		19,73
$\hat{\phi}_{gxa}$	72537	118954	0,27	0,45	11,77	24,48
		49527		0,18		7,09
$\hat{\phi}_{FP}$	34922	61633	0,46	0,82	10,67	18,74
		23142		0,31		7,04
$\hat{\phi}_{GP}$	23736	58858	0,42	0,80	7,93	17,77
		13408		0,27		4,64
$\hat{\phi}_a$	660227	9178522	6,90	95,96	72,30	2855,79
		211873		2,22		19,60
$\hat{\phi}_{pxa}$	20220	37642	0,09	0,16	4,77	11,14
		12960		0,06		2,79
\hat{H}_p^2	67,97	79,71	90,67	94,09	74,29	84,32
		43,93		83,68		53,97
<i>CVgg</i> (%)	6,52		1,16		3,57	
<i>CVgp</i> (%)	5,34		0,90		3,47	
<i>bp</i>	0,42		0,90		0,78	
<i>DSp</i>	251,46		0,82		3,23	
<i>GSp</i> (%)	6,01		3,47		2,77	

¹ LS = limite superior; ² LI = limite inferior; $\hat{\phi}_{FG}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{GG}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\sigma}_e$: componente de variância residual; $\hat{\phi}_{gxa}$: componente quadrático da interação de genótipos por ambientes; $\hat{\phi}_{FP}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\phi}_{GP}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\phi}_a$: componente quadrático ambiental; $\hat{\phi}_{pxa}$: componente quadrático da interação de progênies com ambientes; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; *CVgg* (%): coeficiente genético de genótipos; *CVgp* (%): coeficiente genético de progênies; *bp*: índice *b* de progênies; *DSp*: diferencial de seleção de progênies; *GSp* (%): ganho com a seleção de progênies.

Tabela 12. Estimativas de parâmetros genéticos para adaptação à colheita mecanizada com relação a arquitetura (ARQ) e acamamento de plantas (ACA) em todos os ambientes.

Estimativas	ARQ	LS ¹ -LI ²	ACA	LS ¹ -LI ²
$\hat{\phi}_{FG}$	0,30	0,54 0,20	0,34	0,60 0,22
$\hat{\phi}_{GG}$	0,23	0,49 0,14	0,21	0,57 0,11
$\hat{\sigma}_e$	0,30	0,42 0,22	0,79	1,04 0,62
$\hat{\phi}_{gxa}$	0,24	0,66 0,13	0,13	1,85 0,04
$\hat{\phi}_{FP}$	0,28	0,50 0,18	0,29	0,51 0,19
$\hat{\phi}_{GP}$	0,20	0,47 0,12	0,16	0,58 0,08
$\hat{\phi}_a$	2,05	2089,07 0,41	0,75	29,67 0,20
$\hat{\phi}_{pxa}$	0,13	0,38 0,07	0,04	1,57 0,01
\hat{H}_p^2	72,94	84,35 50,10	55,00	72,92 18,85
<i>CVgg</i> (%)	12,16		15,07	
<i>CVgp</i> (%)	11,59		13,45	
<i>bp</i>	0,82		0,45	
<i>DSp</i>	0,70		0,64	
<i>GSp</i> (%)	13,03		11,52	

¹LS = limite superior; ²LI = limite inferior; $\hat{\phi}_{FG}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{GG}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\sigma}_e$: componente de variância residual; $\hat{\phi}_{gxa}$: componente quadrático da interação de genótipos por ambientes; $\hat{\phi}_{FP}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\phi}_{GP}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\phi}_a$: componente quadrático ambiental; $\hat{\phi}_{pxa}$: componente quadrático da interação de progênies com ambientes; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; *CVgg* (%): coeficiente genético de genótipos; *CVgp* (%): coeficiente genético de progênies; *bp*: índice *b* de progênies; *DSp*: diferencial de seleção de progênies; *GSp* (%): ganho com a seleção de progênies.

Tabela 13. Estimativas de parâmetros genéticos para reação às doenças *Fusarium oxysporum* (FOP) e antracnose (AN) em todos os ambientes.

Estimativas	FOP	LS ¹ -LI ²	AN	LS ¹ -LI ²
$\hat{\phi}_{FG}$	0,24	0,43 0,16	0,56	1,01 0,37
$\hat{\phi}_{GG}$	0,12	0,50 0,06	0,39	0,88 0,22
$\hat{\sigma}_e$	0,72	0,92 0,58	0,69	0,98 0,52
$\hat{\phi}_{gxa}$	0,03	0,00 0,00	0,39	1,38 0,20
$\hat{\phi}_{FP}$	0,25	0,45 0,17	0,42	0,76 0,28
$\hat{\phi}_{GP}$	0,13	0,54 0,07	0,25	0,84 0,13
$\hat{\phi}_a$	2,15	2187,15 0,43	0,04	44,27 0,01
$\hat{\phi}_{pxa}$	0,03	0,00 0,00	0,00	0,00 0,00
\hat{H}_p^2	52,40	70,77 15,14	58,97	76,27 24,34
<i>CVgg</i> (%)	15,90		45,06	
<i>CVgp</i> (%)	16,74		38,38	
<i>bp</i>	0,43		0,60	
<i>DSp</i>	0,44		0,38	
<i>GSp</i> (%)	10,49		16,18	

¹ LS = limite superior; ² LI = limite inferior; $\hat{\phi}_{FG}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{GG}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\sigma}_e$: componente de variância residual; $\hat{\phi}_{gxa}$: componente quadrático da interação de genótipos por ambientes; $\hat{\phi}_{FP}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\phi}_{GP}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\phi}_a$: componente quadrático ambiental; $\hat{\phi}_{pxa}$: componente quadrático da interação de progênies com ambientes; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; *CVgg* (%): coeficiente genético de genótipos; *CVgp* (%): coeficiente genético de progênies; *bp*: índice *b* de progênies; *DSp*: diferencial de seleção de progênies; *GSp* (%): ganho com a seleção de progênies.

Os componentes de variância são estimativas que permitem verificar a natureza genética dos caracteres, possibilitando verificar os efeitos das influências ambientais e genotípicas. As estimativas dos parâmetros genéticos são importantes para o entendimento da ação gênica e eficiência dos métodos de melhoramento, logo, caracteres com maior variância genética podem ser trabalhados por métodos de melhoramento menos laboriosos e mais simples, como a seleção massal (Cruz & Carneiro, 2006). No entanto, o que se verifica na exigência de genótipos alçados ao mercado é a associação de caracteres, sendo isto dependente do uso do método de hibridações para alcançar este objetivo. Logo, no uso de

cruzamentos entre genitores com desempenho favorável, o que se preza, quando a variância genética apresenta elevada magnitude, são ganhos mais eficientemente tangíveis. Ainda, no contexto da seleção recorrente, os ganhos efetivos promovem menor necessidade de sucessivos ciclos de recombinação para o objetivo do programa.

No presente trabalho, os valores da variância ambiental demonstraram maior magnitude. Porém, a razão entre a variação de natureza genética e ambiental (\hat{H}_p^2) evidenciou adequado valor para as características quantitativas e qualitativas. Neste âmbito, o adequado valor da variância genética, em grande parte pelo efeito de progênies, demonstra que os ganhos para o programa de seleção recorrente são factíveis de serem alcançados com a possibilidade da adequada exploração da variabilidade nos ciclos de seleção e recombinação.

A fração da variância genética que importa, para fins de seleção, é da variância genética aditiva (Falconer, 1960; Ramalho et al., 2012b). As progênies são de geração $S_{0:4}$, logo, grande parte da variância genética observada é de efeito aditivo, em razão do avanço da endogamia. Portanto, ao estimar o coeficiente de determinação (\hat{H}_p^2) pode-se considerar sua proximidade a interpretação a nível restrito.

A variação genotípica não varia muito em frequências gênicas intermediárias, porém, a estratificação do componente aditivo e dominância variam profundamente conforme a natureza de dominância e sobredominância (Falconer, 1960). Neste sentido, a avaliação de progênies $S_{0:2}$ pode ser mais eficiente na observação da variabilidade genética presente e melhorar a eficiência com a seleção a depender da intensidade adotada. Ramalho et al. (2005), Menezes Júnior et al. (2008) e Lopes et al. (2019) utilizaram progênies $S_{0:2}$ provindas de um programa de seleção recorrente em feijão-comum. O menor nível de gerações impacta na quantidade de sementes disponível para avaliação em mais de um local. Em razão disto, alguns trabalhos utilizam maior avanço de gerações de progênies, proporcionando maior locais de avaliação.

As influências do ambiente não são iguais para todos os genótipos, mesmo em condições ambientais semelhantes, sendo que genótipos com baixa endogamia demonstram responsividade diferente a variância do ambiente (Falconer, 1960). Ademais, progênies $S_{0:4}$ possuem maior proporção da variância genética aditiva, propiciando melhor eficiência a nível de seleção, caso a intensidade seja congruente a variabilidade presente. A definição da intensidade de seleção é importante, pois define o grau de manutenção das frequências gênicas e alélicas. Mesmo com alta variabilidade genética presente, o alto valor da intensidade de seleção pode ser prejudicial para os futuros ciclos de seleção e recombinação

de progênies. Conforme evidenciado por Pereira & Vencovsky (1988) o tamanho efetivo e a intensidade de seleção influem permanentemente no potencial da exploração da variabilidade genética. Para contornar dificuldades relacionadas a variabilidade genética, pode-se adotar a inclusão de novos genótipos nas recombinações. Isto, contudo, pode afetar, de forma negativa ou positiva, a depender do conhecimento da natureza genética do caráter, as magnitudes adequadas das médias já alcançadas para os ciclos anteriores do programa de seleção recorrente.

Conforme evidenciado por Falconer (1960), os genes contribuem mais para a variação em frequências intermediárias do que em frequências gênicas extremas positivas ou negativas. Neste trabalho, os valores estimados provindos de progênies $S_{0:4}$ e a magnitude do componente quadrático médio ($\hat{\phi}_a$) sob as progênies se mantêm pouco alterado ao longo das gerações.

Avaliar progênies $S_{0:4}$ proporciona uma estimativa mais factível a nível de ensaios multi-ambientais. Dados fenotípicos de avaliação para diversidade em poucos ambientes associam um viés causado pela interação de genótipos por ambientes (Pereira et al., 2019). Portanto, o uso de progênies $S_{0:4}$ permite a avaliação de progênies em vários locais e consideração da herdabilidade das características em sentido restrito, predizendo com melhor eficiência os efeitos genéticos que são efetivamente afetados com seleção.

Ambas as considerações da variância da interação de genótipos por ambientes ($\hat{\phi}_{gxa}$) como de progênies por ambientes ($\hat{\phi}_{pxa}$) foram semelhantes nos valores obtidos. Isto em razão de parte da variação estar duplicada no componente quadrático médio da interação de genótipos ($\hat{\phi}_{gxa}$) pelo efeito de progênies ($\hat{\phi}_{pxa}$).

4.3 CORRELAÇÕES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS E AMBIENTAIS

As correlações permitem verificar um grau de associação entre duas variáveis. No contexto de estimação de parâmetros genéticos e estudos de controle genético, esta medida permite inferir a influência dos efeitos genéticos e ambientais na associação entre caracteres. Os efeitos de associação podem ser decorrentes de pleiotropia, desequilíbrio de ligação e ligação gênica. No melhoramento a presença de correlação pode ser utilizada como uma estratégia de resposta correlacionada. Neste sentido, a eficiência da seleção pode ser maior para um caráter principal quando da seleção em outro caráter relacionado, sendo isto dependente da correlação entre ambos e quando a herdabilidade do caráter secundário for maior que o primário (Vencovsky & Barriga, 1992).

Os valores das correlações fenotípicas, genéticas e ambientais estão apresentados na Tabela 14. A maior parte dos valores estimados das correlações genéticas, fenotípicas e ambientais não evidenciaram significância ou indicativo de associação. Para a correlação fenotípica quatro estimativas foram significativas: entre produtividade e massa de 100 grãos nos ensaios conduzidos em Santo Antônio de Goiás, em 2022 ($\hat{r}_F = 0,27^+$), e Ponta Grossa, em 2023 ($\hat{r}_F = 0,57^{++}$); para produtividade e rendimento de peneira, em Ponta Grossa, em 2022 ($\hat{r}_F = 0,37^+$), e massa de 100 grãos e rendimento de peneira, Ponta Grossa, em 2022 ($\hat{r}_F = 0,57^{++}$). Dois destes valores evidenciam uma associação intermediária e positiva do efeito fenotípico entre produtividade e massa de 100 grãos, e rendimento de peneira e massa de 100 grãos. No entanto, no resultado da análise conjunta a associação não foi evidenciada, em razão da ausência de significância. Estes resultados indicam que o efeito para a associação observados foram causados pelo local, sendo a validade inerente ao município de Ponta Grossa nos anos de 2022 e 2023, para estas progênies. Logo, no estudo da natureza dos caracteres, em razão da análise conjunta, não se espera efeito indireto da seleção baseada no valor fenotípico de um caráter em função de outro.

Às estimativas da correlação genotípica, na maior parte dos valores, não houve significância. A significância foi observada entre produtividade e massa de 100 grãos em Ponta Grossa, no ano de 2023 ($\hat{r}_G = 0,65^{++}$), produtividade e rendimento de peneira ($\hat{r}_G = 0,43^{++}$), e massa de 100 grãos e rendimento de peneira ($\hat{r}_G = 0,67^{++}$), em Ponta Grossa 2022. Os valores indicam uma correlação genotípica intermediária e positiva entre os caracteres em consideração. Porém, de mesmo modo para a correlação fenotípica, o resultado conjunto não indicou associação pela ausência de significância. Portanto, estes resultados, de efeito genético positivo entre produtividade, massa de 100 grãos e rendimento de peneira são válidos apenas para o município de Ponta Grossa nos anos de 2022 e 2023. No estudo conjunto, não se verifica incremento em razão do efeito genotípico entre caracteres.

Com relação aos efeitos ambientais, a significância foi observada para as combinações de produtividade e massa de 100 grãos, em Santo Antônio de Goiás, em 2023 ($\hat{r}_E = 0,30^{++}$); produtividade e rendimento de peneira ($\hat{r}_E = 0,39^{**}$), e massa de 100 grãos e rendimento de peneira ($\hat{r}_E = 0,41^{**}$), em Santo Antônio de Goiás, no ano de 2022. Ademais, para a análise conjunta todas as estimativas foram significativas. Apesar da significância das estimativas e valores positivos, a magnitude foi baixa, evidenciando pouco influência dos efeitos ambientais para a associação dos caracteres de produtividade e qualidade comercial de grãos. A discrepância de ambientes é importante para avaliação da performance dos

genótipos e para mensuração da interação progênes com locais e estimação de sua variância ($\hat{\phi}_{pxa}$). Em casos de avaliação de progênes em vários locais, o efeito da interação de progênes com ambientes pode superestimar as estimativas de variâncias e, por consequência, o ganho genético, sendo necessário que as progênes sejam avaliadas uniformemente nos mesmos locais (Ramalho et al. 1993). A ausência da associação da correlação ambiental (\hat{r}_E) entre municípios demonstra possibilidade em fornecer informações adicionais do potencial genético. Logo, deve-se predizer pela manutenção dos locais nos futuros ciclos do programa de seleção recorrente.

Tabela 14. Estimativas de correlações fenotípicas (\hat{r}_F), genéticas (\hat{r}_G) e ambientais (\hat{r}_E).

Caracteres	Estimadores	SAG/2022	PG/2022	PG/2023	SAG/2023	Conjunta
PROD, M100	\hat{r}_F	0,27 ⁺	0,22 ^{ns}	0,57 ⁺⁺	0,16 ^{ns}	0,27 ^{ns}
	\hat{r}_G	0,38 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,65 ⁺⁺	0,12 ^{ns}	0,31 ^{ns}
	\hat{r}_E	0,13 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,30 ⁺⁺	0,18 ⁺⁺
PROD, RP	\hat{r}_F	0,10 ^{ns}	0,37 ⁺	-	0,22 ^{ns}	0,15 ^{ns}
	\hat{r}_G	0,02 ^{ns}	0,43 ⁺	-	0,37 ^{ns}	0,13 ^{ns}
	\hat{r}_E	0,39 ^{**}	0,17 ^{ns}	-	0,06 ^{ns}	0,19 ⁺⁺
M100, RP	\hat{r}_F	-0,01 ^{ns}	0,57 ⁺⁺	-	0,19 ^{ns}	0,17 ^{ns}
	\hat{r}_G	-0,05 ^{ns}	0,67 ⁺⁺	-	0,27 ^{ns}	0,18 ^{ns}
	\hat{r}_E	0,41 ^{**}	0,08 ^{ns}	-	0,06 ^{ns}	0,15 ⁺⁺

* e ** significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t de *Student*; + e ++ significativo pelo procedimento *bootstrap* com 10.000 iterações; ns = não significativo.

4.4 MÉTODOS DE SELEÇÃO

No desenvolvimento de populações e linhagens o que se preza, perante as demandas dos produtores e do mercado de sementes, são genótipos que associem distintas características. Para o feijão-comum, além da produtividade e resistência às doenças, as características de qualidade comercial de grãos são fundamentais na adoção de uma cultivar. Características como formato de grãos, avaliada pelo rendimento de peneira, tamanho e densidade, avaliada pela massa de 100 grãos, são critérios que o produtor almeja maiores rendimentos (Pereira et al., 2017, 2021).

A seleção recorrente é uma estratégia de desenvolvimento de populações que promove o acúmulo sucessivo de alelos favoráveis (Vello & Nazato, 2017). Neste caso, o uso de genitores que possuam desempenho destacado para diversas características é uma maneira de explorar a variabilidade genética presente, promovendo maior probabilidade de sucesso em encontrar progênes com desempenho superior para vários caracteres. Um modo

de avaliar a variabilidade genética do programa de seleção recorrente, predizendo o sucesso com a seleção para os próximos ciclos de seleção, é pela avaliação de parâmetros genéticos. Neste âmbito, a avaliação dos ganhos conjuntos para as características pressupõe uma estratégia de seleção que identifique progênies superiores concomitantemente a variabilidade genética. Deste modo, evita-se o precoce estreitamento da base genética para os futuros ciclos de seleção.

Os resultados com os valores da média, herdabilidade, diferencial e ganho com a seleção por diferentes critérios estão dispostos na Tabela 15. O maior valor de herdabilidade foi descrito para massa de 100 grãos, com 90,67%, seguido do rendimento de peneira, 74,29%, e produtividade de grãos, com 67,97%. Para produtividade, o diferencial de seleção variou de 70,54 kg ha⁻¹ a 251,46 kg ha⁻¹. Já para massa de 100 grãos a variação foi de 0,01 a 0,82 gramas. Ainda, para rendimento de peneira, o diferencial foi de -0,16% a 3,23%. Os ganhos com a seleção para produtividade de grãos foram de 1,68% a 6,01%, para rendimento de peneira de 0,03% a 3,47% e para massa de 100 grãos de -0,13% a 2,77%.

O potencial das progênies desenvolvidas pelo programa de seleção recorrente é avaliado pelos ganhos individuais para cada característica. No presente trabalho, o ganho máximo com a seleção individual, para um caráter somente, foi de 6,01%, 3,47% e 2,77% para produtividade, massa de 100 grãos e rendimento de peneira, respectivamente. Apesar do objetivo não ser a seleção individual, estes altos valores de predição do sucesso com a seleção indicam a possibilidade de extração de linhagens para desenvolvimento ou uso como genitores. Este fato indica o sucesso do programa em explorar a variabilidade genética presente.

Os ganhos obtidos na Tabela 15 foram apenas com um ciclo de seleção e recombinação. Avaliando diferentes métodos de condução de populações segregantes Pontes Júnior et al. (2016) evidenciaram ganhos com a seleção, para produtividade, em feijão-comum, de 1,86% (*Bulk* dentro de F₂), 4,45% (*Bulk*) e 2,97% (*Single Seed Descent* - SSD). Semelhantemente, Silva et al. (2013) apresentaram, para produtividade, valores de 10,18% (*Bulk*), 4,09% (*Bulk* F_{2:7}) e 8,77% (SSD). Apesar dos métodos citados serem amplamente utilizados e demonstrarem facilidade no seu uso (Ramalho et al., 1993), os ganhos a longo prazo são menores quando comparados com a seleção recorrente. A exemplo pode-se considerar o programa de melhoramento de feijão-comum da Embrapa Arroz e feijão. A utilização dos métodos convencionais de condução de populações segregantes promovem ganhos com um ciclo de seleção após um período de seis a oito anos. Já com o uso da seleção

recorrente os valores de ganho para produtividade podem variar de 1% a até 9% com um ciclo de avaliação de progênies, com duração média podendo variar de um a dois anos por ciclo. Ademais, o feijão-comum pode ser semeado em até três épocas durante o ano. Neste sentido, além dos eficientes ganhos já postulados com a seleção recorrente ao longo do tempo, a possibilidade de condução de até três gerações durante o ano é um fator que pode promover maior eficiência com relação ao tempo. Ainda, Pádua et al. (2021) evidenciaram o uso de gerações em casa de vegetação em conformidade com ensaios no campo em um programa de seleção recorrente para resistência à mancha angular. Conforme os autores, a condução de ensaios em campo e em casa de vegetação pode melhorar o ganho por geração. Neste sentido, os ganhos relativos podem ser ainda maiores com a seleção recorrente.

Tabela 15. Estratégias de seleção baseadas em seleção de médias (seleção direta e simultânea), algoritmo Kennard-Stone e índice de seleção de Mulamba & Mock (1978) (IMM) para produtividade (kg ha⁻¹) (PROD), massa de 100 grãos (g) (M100) e rendimento de peneira (%) (RP).

Individual e direta			
	PROD	M100	RP
\hat{H}_p^2	67,97	90,67	74,29
\bar{x}	2846,04	21,36	86,70
$\bar{x}_{selecionados}$	3097,50	22,18	89,94
<i>DS</i>	251,46	0,82	3,23
<i>GS</i> (%)	6,01	3,47	2,77
<i>GS</i> - Ind. PROD	6,01	1,35	0,82
<i>GS</i> - Ind. M100	0,90	3,47	-1,66
<i>GS</i> - Ind. RP	0,65	-0,32	2,77
Seleção Simultânea			
$\bar{X}_{selecionados}$	3019,23	21,66	88,76
<i>DS</i>	173,20	0,30	2,05
<i>GS</i> (%)	4,14	1,29	1,76
Algoritmo Kennard-Stone			
$\bar{X}_{selecionados}$	2916,57	21,37	86,55
<i>DS</i>	70,54	0,01	-0,16
<i>GS</i> (%)	1,68	0,03	-0,13
Seleção Simultânea e algoritmo Kennard-Stone			
$\bar{X}_{selecionados}$	2993,83	21,67	88,15
<i>DS</i>	147,79	0,31	1,45
<i>GS</i> (%)	3,53	1,32	1,24
IMM			
$\bar{X}_{selecionados}$	3078,48	21,80	87,72
<i>DS</i>	232,44	0,44	1,01
<i>GS</i> (%)	5,55	1,85	0,87
IMM com pesos			
$\bar{X}_{selecionados}$	3082	21,67	88,14
<i>DS</i>	236,44	0,30	1,44
<i>GS</i> (%)	5,65	1,29	1,23
IMM com diversidade			
$\bar{X}_{selecionados}$	3022	21,53	88,31
<i>DS</i>	176,08	0,17	1,61
<i>GS</i> (%)	4,21	0,73	1,38
IMM com pesos e diversidade			
$\bar{X}_{selecionados}$	3091	21,73	87,45
<i>DS</i>	245,80	0,37	0,75
<i>GS</i> (%)	5,87	1,57	0,64

\hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação; \bar{X} : média; *DS*: diferencial de seleção; *GS* (%): ganho com a seleção.

No melhoramento o objetivo é aprimorar não apenas um caráter, mas um conjunto, sendo na cultura do feijão-comum a necessidade da melhor produção e qualidade de grãos (Vencovsky & Barriga, 1992). A fim de atingir este fato, pode-se adotar diferentes estratégias de seleção dos ganhos conjuntos para os caracteres. Para o feijão preza-se pela seleção de genótipos produtivos com associação da qualidade comercial, já que o consumidor apresenta preferência por tamanho e formato de grãos (Pereira et al., 2017). Dentre as oito estratégias de seleção preconizadas no presente trabalho o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978) com o uso de pesos econômicos e diversidade foi a que conseguiu o maior ganho para produtividade, com uma diferença de 0,14% para o potencial das progênies. O índice de seleção de Mulamba & Mock (1978) foi a melhor estratégia para massa de 100 grãos com uma diferença de 1,62% da seleção individual. Dentre o potencial total para rendimento de peneira, a seleção simultânea, que leva em conta critério empírico de importância, foi a melhor estratégia, com uma diferença de 1,07%.

O programa de seleção recorrente em questão tem por objetivo principal a produtividade de grãos. Neste sentido, a estratégia que possibilita adequados ganhos conjuntos positivos, em produtividade de grãos e caracteres de qualidade comercial, em razão da menor variância, foi o uso da seleção simultânea com o algoritmo de Kennard-Stone, sendo a seleção simultânea a segunda melhor estratégia. Porém, em razão do escopo do programa de seleção recorrente, em que se objetiva a produtividade, prediz-se pela escolha da estratégia de seleção do índice de seleção de Mulamba & Mock (1978) com pesos econômicos sem o uso de informações de diversidade. A justificativa pela escolha está baseada em que este método de seleção foi o mais próximo do objetivo do programa de seleção recorrente em atingir altos ganhos em produtividade. Apesar desta última estratégia penalizar os ganhos para massa de 100 grãos e rendimento de peneira, deve-se considerar que uma das vantagens da seleção recorrente é a possibilidade de inclusão de genótipos favoráveis nos ciclos de recombinação. Logo, para o programa de seleção recorrente em questão, pode-se adotar a inclusão de genitores com elevado potencial para massa de 100 grãos e rendimento de peneira, buscando aumentar os ganhos nos futuros ciclos de recombinação e seleção.

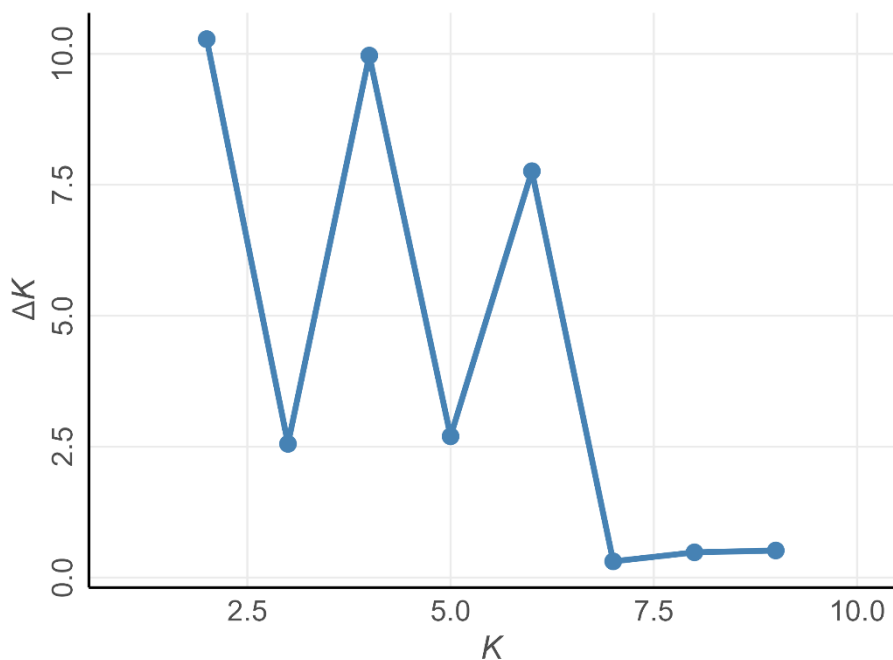
4.5 ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA

Os estudos de estruturação genética são comuns em populações naturais (Collevatti et al., 2001; Zucchi et al., 2003), com os trabalhos demonstrando efeitos de estruturação por sistema de cruzamento ou em função de barreiras geográficas. No contexto de populações melhoradas, as análises de estruturação genética são recorrentes para estudos de bancos de germoplasma (Burlle et al., 2010; Delfini et al., 2021). Neste âmbito, a análise pelo *software Sctrucutre* (Pritchard et al., 2000), que se baseia em um algoritmo de Monte-Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), e o método de Evanno et al. (2005), representam uma vantagem de utilizar processos iterativos para de encontrar um número de grupos ideal.

No contexto do presente trabalho, o objetivo não segue como passível de encontrar estruturação genética, já que as frequências alélicas observadas provêm de genótipos obtidos por cruzamentos delineados em um contexto de um programa de melhoramento. No entanto, a vantagem da utilização desta proposição de análise é confirmar a ausência de estruturação e efetividade dos cruzamentos. Portanto, a partir desta análise, pode-se confirmar que não ocorreu predisposição de genitores na formação das populações a serem avaliadas, logo, maior potencial dos cruzamentos pode ser explorado na avaliação da variabilidade genética presente nas progênies.

Os valores das frequências alélicas aleatorizadas e reagrupadas pelo *software Sctstructure* foram avaliadas pelo método de Evanno et al. (2005) para definir, a partir de um ΔK , o valor de grupos estimado. Os valores de ΔK estão dispostos na Figura 11a. Em populações naturais ou em estudos de materiais em bancos de germoplasma a amplitude do valor de ΔK varia enormemente. Neste trabalho os valores de ΔK não apresentaram grande amplitude, indicando a efetiva ausência de estruturação e aleatoriedade dos cruzamentos. A ausência de estruturação também fica evidente na não formação de grupos na Figura 11b.

(a)



(b)

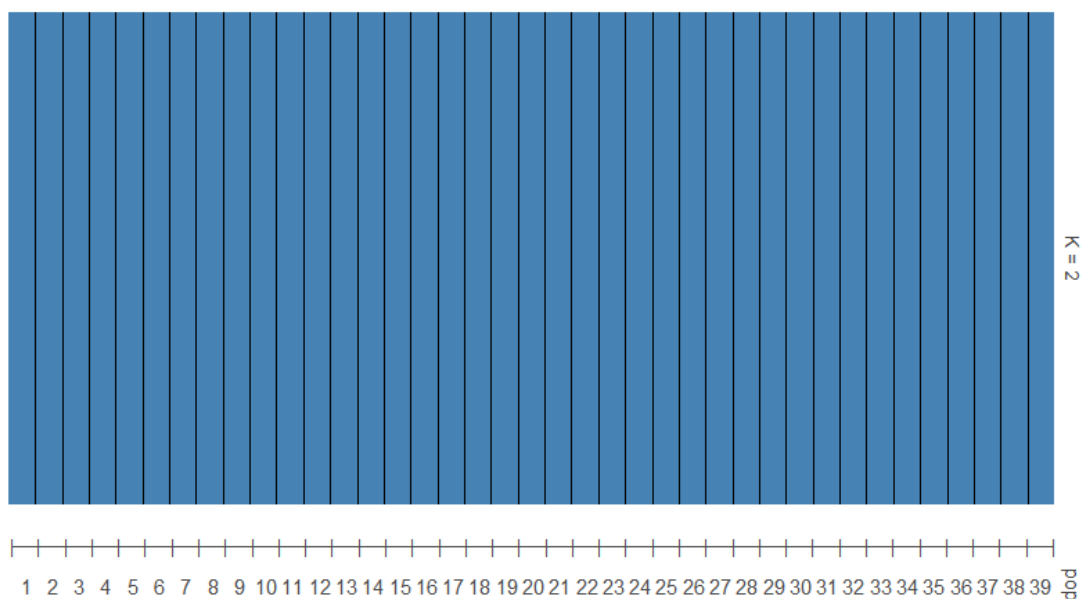


Figura 11. Número de grupos definido pelo método de Evanno et al. (2005) e análise no *software* *Structure* (Pritchard et al., 2000). **1:** p-057; **2:** p-103; **3:** p-127; **4:** p-197; **5:** p-213; **6:** p-235; **7:** p-242; **8:** p-264; **9:** p-268; **10:** p-308; **11:** p-310; **12:** p-312; **13:** p-369; **14:** p-403; **15:** p-446; **16:** p-471; **17:** p-474; **18:** p-481; **19:** p-526; **20:** p-579; **21:** p-580; **22:** p-617; **23:** p-645; **24:** p-652; **25:** p-675; **26:** p-698; **27:** p-744; **28:** p-745; **29:** p-751; **30:** p-759; **31:** p-789; **32:** p-803; **33:** p-834; **34:** p-852; **35:** p-873; **36:** BRS Esteio; **37:** BRS FP403; **38:** BRS FP417; **39:** BRS Esplendor.

4.6 DIVERSIDADE GENÉTICA

O painel de marcadores utilizado tem por objetivo avaliar a diversidade genética de genótipos de feijão-comum e promover eficiência e eficácia na seleção assistida (Valdisser et al., 2013). Os sistemas multiplex contendo os 24 marcadores já foram aplicados em feijão-comum por Morais et al. (2016), Melo et al. (2019) e Pereira et al. (2019). Estes marcadores são recorrentemente utilizados nas atividades da Embrapa Arroz e Feijão (Pereira et al., 2019), sendo empregados para análises de diversidade (Cardoso et al. 2014, Pereira et al., 2019), representação de genitores em cruzamentos (Batista et al., 2014), identificação de genótipos e pureza genética de sementes (Morais et al., 2016).

As estimativas de diversidade para os locos microssatélites estão apresentadas na Tabela 16. Para a totalidade dos 24 locos, 83 alelos foram encontrados, com uma média de 3,46 alelos por loco polimórfico, com uma variação de um alelo para o loco BM164, e oito para o loco BM143. Mesmo utilizando maior número de marcadores, Pereira et al. (2019) evidenciaram valores de médios do número de alelos próximos, com 4,15. Diversamente, Cardoso et al. (2014) apresentaram maior número médio de alelos, com 8,29. Porém, neste último trabalho, os autores realizaram estudo de diversidade com distintas classes de grãos e cultivares de diferentes países. Valdisser et al. (2013) encontraram valores médios do número de alelos igual a 10, avaliando acessos em um banco ativo de germoplasma.

A heterozigosidade esperada média foi de 0,357, variando de 0,051 a 0,684 para os locos, BM181 e BM143, respectivamente. Já a heterozigosidade observada evidenciou média de 0,203, com valores de variação de 0,051 a 0,436, nesta ordem, para os locos PV11 e BM143. O índice de fixação intrapopulacional variou de 0,031 (loco PV35) a 1,00 (locos BM138, BM155, BM181, BM201 e PV251), com média de 0,436.

Os valores da heterozigosidade média esperada e observada divergiram do elencado para estudos com cultivares e acessos de feijão-comum, sendo a média de $H_E = 0,793$ e $H_O = 0,039$ apresentado por Valdisser et al. (2013); $H_E = 0,646$ e $H_O = 0,031$ por Cardoso et al. (2014); e $H_E = 0,55$ e $H_O = 0,05$ apresentado por Pereira et al. (2019). Ademais, o valor positivo médio do índice de fixação intrapopulacional indica maior presença de heterozigotos. Tanto as diferenças das heterozigosidade médias observadas e esperadas divergentes da literatura, quanto o alto valor positivo médio do índice de fixação intrapopulacional são decorrentes do efeito seletivo realizado sobre as progênies. Estes fatos

são indicativos de que a seleção visual e fenotípica média realizada promoveu a seleção de indivíduos homozigotos.

Tabela 16. Estimativas de diversidade genética para 24 locos microssatélites de 39 indivíduos de progênes S_{0:4} de feijão-comum de um programa de seleção recorrente.

Locos	<i>n</i>	<i>An</i>	<i>H_E</i>	<i>H_O</i>	<i>f</i>
BM114	39	4,00	0,621	0,179	0,714
BM138	38	2,00	0,052	0,000	1,000
BM143	39	8,00	0,684	0,436	0,365
BM154	37	7,00	0,665	0,378	0,435
BM155	38	3,00	0,102	0,000	1,000
BM164	39	1,00	0,000	0,000	-
BM181	39	2,00	0,051	0,000	1,000
BM183	39	4,00	0,563	0,333	0,411
BM187	39	4,00	0,499	0,333	0,334
BM189	38	4,00	0,198	0,105	0,471
BM201	37	2,00	0,104	0,000	1,000
BM202	39	3,00	0,512	0,256	0,503
BM210	38	3,00	0,524	0,211	0,601
PV11	39	3,00	0,192	0,051	0,735
PV113	-	-	-	-	-
PV13	39	5,00	0,375	0,282	0,250
PV163	39	6,00	0,538	0,282	0,479
PV25	39	6,00	0,623	0,359	0,427
PV251	39	2,00	0,099	0,000	1,000
PV272	-	-	-	-	-
PV35	39	3,00	0,370	0,359	0,031
PV5	39	5,00	0,356	0,308	0,137
PV87	39	3,00	0,253	0,179	0,294
PV169	39	3,00	0,483	0,410	0,151
Média	38,64	3,46	0,357	0,203	0,436

n = número de indivíduos; *An* = número de alelos; *H_E* = heterozigosidade esperada; *H_O* = heterozigosidade observada; *f* = índice de fixação intrapopulacional.

As ferramentas estatísticas de análise multivariada são diversas. Nos estudos de diversidade genética é comum a utilização de informações fenotípicas ou genotípicas. Para as análises contendo dados de natureza fenotípica-morfológica predispõe-se a utilização de distintas medidas de dissimilaridade entre os genótipos, como a distância euclidiana e de Mahalanobis (Cruz et al., 2020). Já para os dados de natureza genotípica, utilizando distintas classes de marcadores moleculares, pode-se verificar o uso das medidas de coincidência

simples, Jaccard, Nei e Li (Cruz et al., 2020), Nei (1972), Rogers (Cruz et al., 2020), Wright e Rogers-modificada por Wright (Wright, 1978).

A visualização das informações de dissimilaridade entre grupos não é acessível por meio da análise das matrizes contendo as distâncias par a par. Este fato se torna ainda mais laborioso em programas de melhoramento que recorrentemente utilizam as informações de muitos genótipos. As análises de agrupamento, que podem se dividir na construção ou não de dendrogramas, são ferramentas úteis da análise multivariada para as medidas de dissimilaridade. Para os procedimentos de agrupamento têm-se o método de Tocher, vizinho mais próximo e distante, UPGMA e WPGMA (Cruz et al., 2020). Neste trabalho, as informações de divergência genética de progênies avaliadas por marcadores moleculares da classe microssatélite (SSR), pela distância de Rogers modificada por Wright (1978) e método de agrupamento UPGMA, estão dispostas nas Figura 12 e 13.

A consistência avaliada por processos iterativos como *Bootstrap*, vem sendo mais utilizada, em razão por ser um teste conservador, podendo ser utilizado com várias espécies e natureza de dados (Brown, 1994; Cruz et al., 2020). Os valores da consistência dos nós não foram superiores a 70%, que é uma medida adequada de confiabilidade da formação dos grupos. Este resultado foi observado tanto para análise de todos os genótipos (Figura 12), como apenas para progênies (Figura 13). Logo, pode-se confirmar que a partir das informações dos dados de marcadores moleculares, não há entre as progênies e testemunhas, formação de grupos aparentes.

A avaliação de grupos por análise de dendrogramas possui uma dificuldade na identificação de grupos. Em razão disto alguns trabalhos (Faria et al., 2012; Oliveira et al., 2021) já evidenciaram o uso de métodos de identificação de grupos, como o método de Mojena (Mojena, 1977). Porém, a escolha deste método depende de um valor arbitrário de *K* ou com relevância recorrente na literatura. Já os métodos por processos iterativos, como *Bootstrap*, exploram a variação já presente, com resultados inerentes a natureza nos dados amostrados.

As informações sobre a diversidade genética ajudam nas escolhas de genitores que permitem congregam variabilidade e complementariedade genética passível de elevar média e associar os caracteres de interesse (Pereira et al., 2019). Para isso, pode-se predispor pela seleção de genótipos em grupos distintos e distantes a nível da análise de diversidade genética. Neste sentido, para o programa de seleção recorrente em questão, em função da ausência de grupos, é possível predizer pela seleção de qualquer família para avanço das

gerações e recombinações, já que todas propiciam uma representatividade semelhante da variação genética, a nível de frequências alélicas.

Além da elaboração de dendrogramas, a análise multivariada propõe a observação da complexidade de grupos de variáveis por meio da avaliação por componentes principais, ou, ainda, por coordenadas principais. Esta última ferramenta é recorrentemente utilizada para a visualização da variabilidade presente em uma matriz de distâncias, a partir de informações moleculares. No presente trabalho, utilizou-se a elaboração de gráficos com coordenadas principais como ferramenta auxiliar e complementar ao uso dos dendrogramas na visualização da variabilidade. Ademais, os distintos gráficos permitem verificar a influência da distribuição dos genótipos conforme diferentes estratégias de seleção de progênies ou grupos de progênies. De todo modo, como a elaboração por dendrogramas e coordenadas principais são formas semelhantes de observação da dispersão de variáveis ou grupos de variáveis, o que se preza é a verificação de resultados semelhantes, sendo que os gráficos por coordenadas principais possuem caráter mais acessível.

Os gráficos contendo a distribuição dos genótipos por coordenadas principais estão elencados na Figura 14. A Figura 14a evidencia a alocação de todos os genótipos, incluindo progênies e testemunhas, já a Figura 14b demonstra a distribuição apenas de progênies. Para ambos os gráficos, assim como na visualização por dendrogramas, é possível verificar que não há a formação de grupos, sendo a variabilidade genética presente alocada de maneira aleatória.

A verificação das influências de distintas estratégias de seleção na formação de grupos de progênies pode ser observada nas Figuras 15 e 16. De modo geral, para a estratégia de seleção envolvendo a seleção simultânea (Figura 15b), índice de Mulamba & Mock (1978), com pesos (Figura 15c), e índice de Mulamba & Mock (1978), com pesos e diversidade (Figura 16), não se verificou tendência de formação de grupos com as progênies selecionadas. Neste sentido, a seleção baseada nestes princípios selecionou progênies de modo mais aleatório na variação total, considerando os gráficos de coordenada principais, logo, a seleção não tende a alterar a variabilidade genética presente. Contudo, as estratégias envolvendo a análise pelo algoritmo Kennard-Stone (Figura 15a) e o índice de Mulamba & Mock (1978), sem pesos e com a medida de diversidade genética (Figura 15d), tenderam a selecionar progênies mais próximas entre si. O algoritmo Kennard-Stone (Kennard & Stone, 1969) propõe a seleção das amostras mais divergentes em uma população. A distinção entre este princípio e a tendência de seleção de progênies mais próximas entre si, formando um

grupo, está relacionada as diferenças na forma do cálculo dos valores associados aos eixos de cada ponto de observação do gráfico por coordenadas principais. Este fato pode estar influenciando na dispersão das progênes que foram selecionadas. Já para o critério do índice de Mulamba & Mock (1978), sem pesos e com a medida de diversidade genética, a tendência de formação de grupos está relacionada a influência dos maiores valores de dissimilaridade no ranqueamento dos genótipos. Assim, os genótipos com maior valor médio de divergência na matriz de Rogers modificada por Wrigth (1978) sendo promovidos com maior valor no índice de Mulamba & Mock (1978). Deste modo, para este último critério de seleção a diversidade pode ser afetada a partir da escolha destas progênes mais semelhantes.

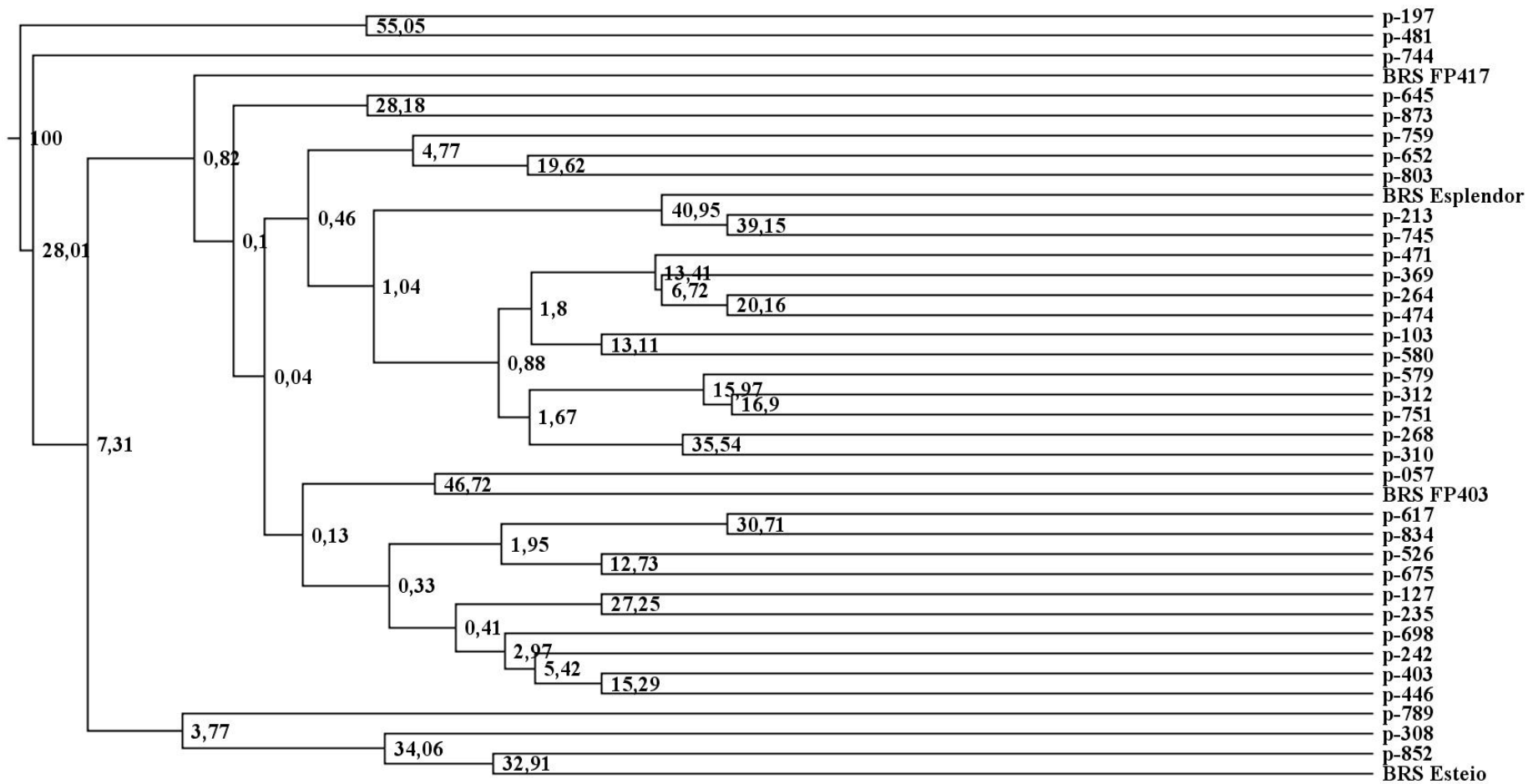


Figura 12. Avaliação da consistência dos nós do dendrograma contendo progênies e cultivares de feijão-comum. Correlação cofenética = 0,73 (p-valor<0,01). 1: p-057; 2: p-103; 3: p-127; 4: p-197; 5: p-213; 6: p-235; 7: p-242; 8: p-264; 9: p-268; 10: p-308; 11: p-310; 12: p-312; 13: p-369; 14: p-403; 15: p-446; 16: p-471; 17: p-474; 18: p-481; 19: p-526; 20: p-579; 21: p-580; 22: p-617; 23: p-645; 24: p-652; 25: p-675; 26: p-698; 27: p-744; 28: p-745; 29: p-751; 30: p-759; 31: p-789; 32: p-803; 33: p-834; 34: p-852; 35: p-873; 36: BRS Esteio; 37: BRS FP403; 38: BRS FP417; 39: BRS Esplendor.

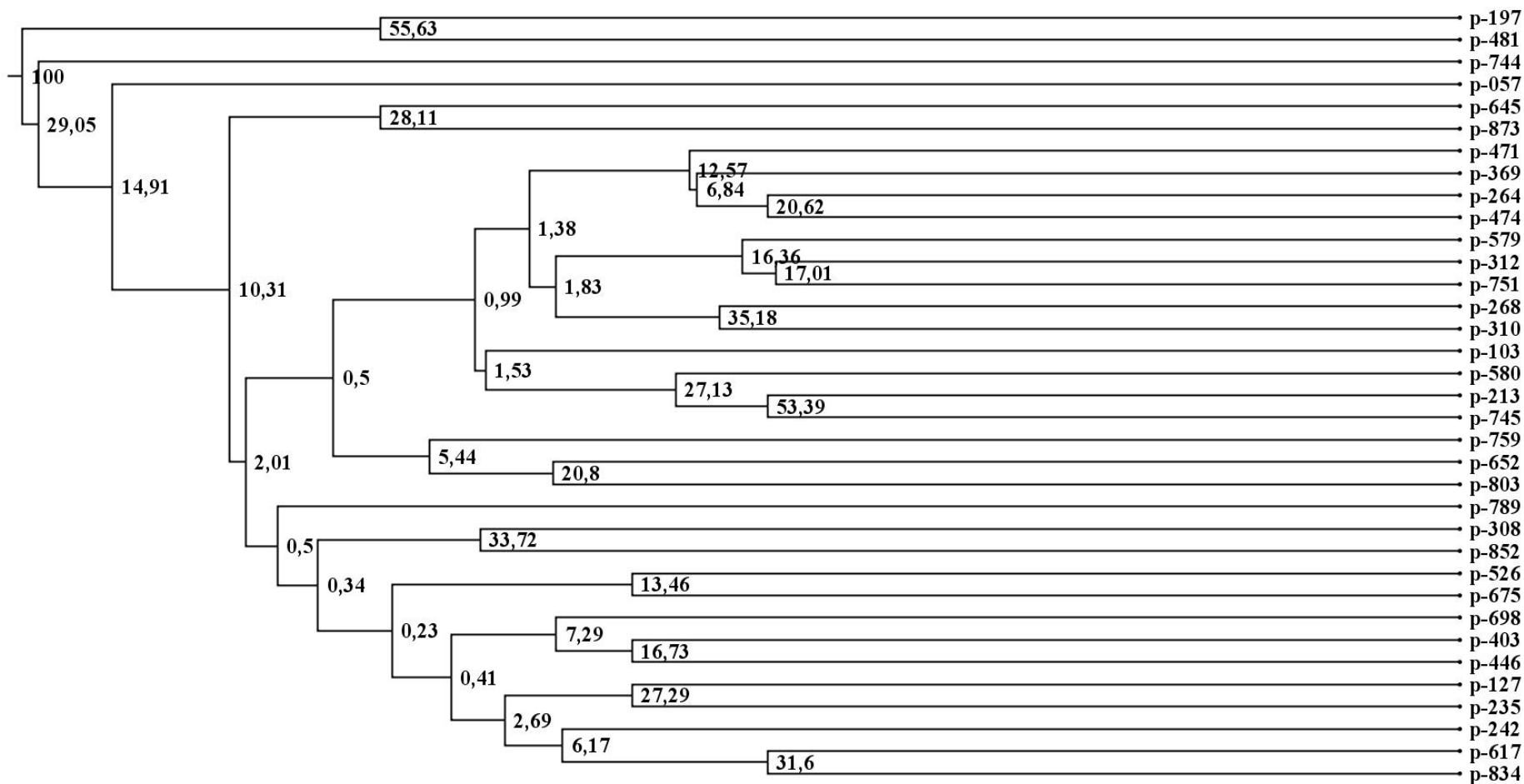
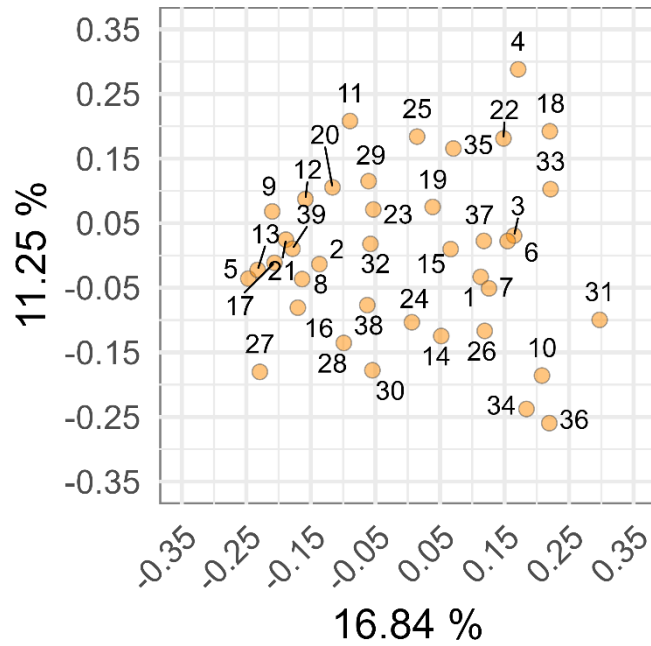


Figura 13. Avaliação da consistência dos nós do dendrograma contendo apenas progênies de feijão-comum. Correlação cofenética = 0,71 (p-valor < 0,01). **1:** p-057; **2:** p-103; **3:** p-127; **4:** p-197; **5:** p-213; **6:** p-235; **7:** p-242; **8:** p-264; **9:** p-268; **10:** p-308; **11:** p-310; **12:** p-312; **13:** p-369; **14:** p-403; **15:** p-446; **16:** p-471; **17:** p-474; **18:** p-481; **19:** p-526; **20:** p-579; **21:** p-580; **22:** p-617; **23:** p-645; **24:** p-652; **25:** p-675; **26:** p-698; **27:** p-744; **28:** p-745; **29:** p-751; **30:** p-759; **31:** p-789; **32:** p-803; **33:** p-834; **34:** p-852; **35:** p-873.

(a)



(b)

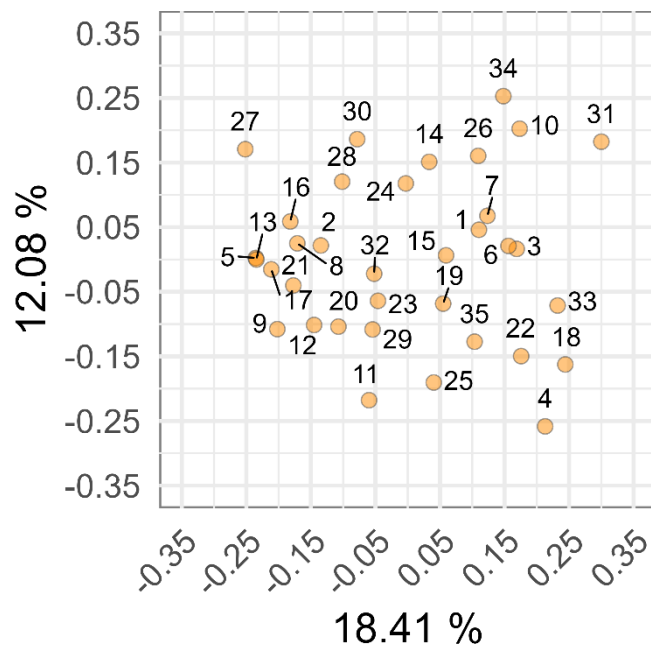


Figura 14. Avaliação da formação de grupos por coordenadas principais, (a) todos os genótipos; correlação cofenética = 0,74 (p-valor<0,01), (b) apenas as progênes Correlação cofenética = 0,76 (p-valor<0,01). Identificação das progênes: **1:** p-057; **2:** p-103; **3:** p-127; **4:** p-197; **5:** p-213; **6:** p-235; **7:** p-242; **8:** p-264; **9:** p-268; **10:** p-308; **11:** p-310; **12:** p-312; **13:** p-369; **14:** p-403; **15:** p-446; **16:** p-471; **17:** p-474; **18:** p-481; **19:** p-526; **20:** p-579; **21:** p-580; **22:** p-617; **23:** p-645; **24:** p-652; **25:** p-675; **26:** p-698; **27:** p-744; **28:** p-745; **29:** p-751; **30:** p-759; **31:** p-789; **32:** p-803; **33:** p-834; **34:** p-852; **35:** p-873; **36:** BRS Esteio; **37:** BRS FP403; **38:** BRS FP417; **39:** BRS Esplendor.

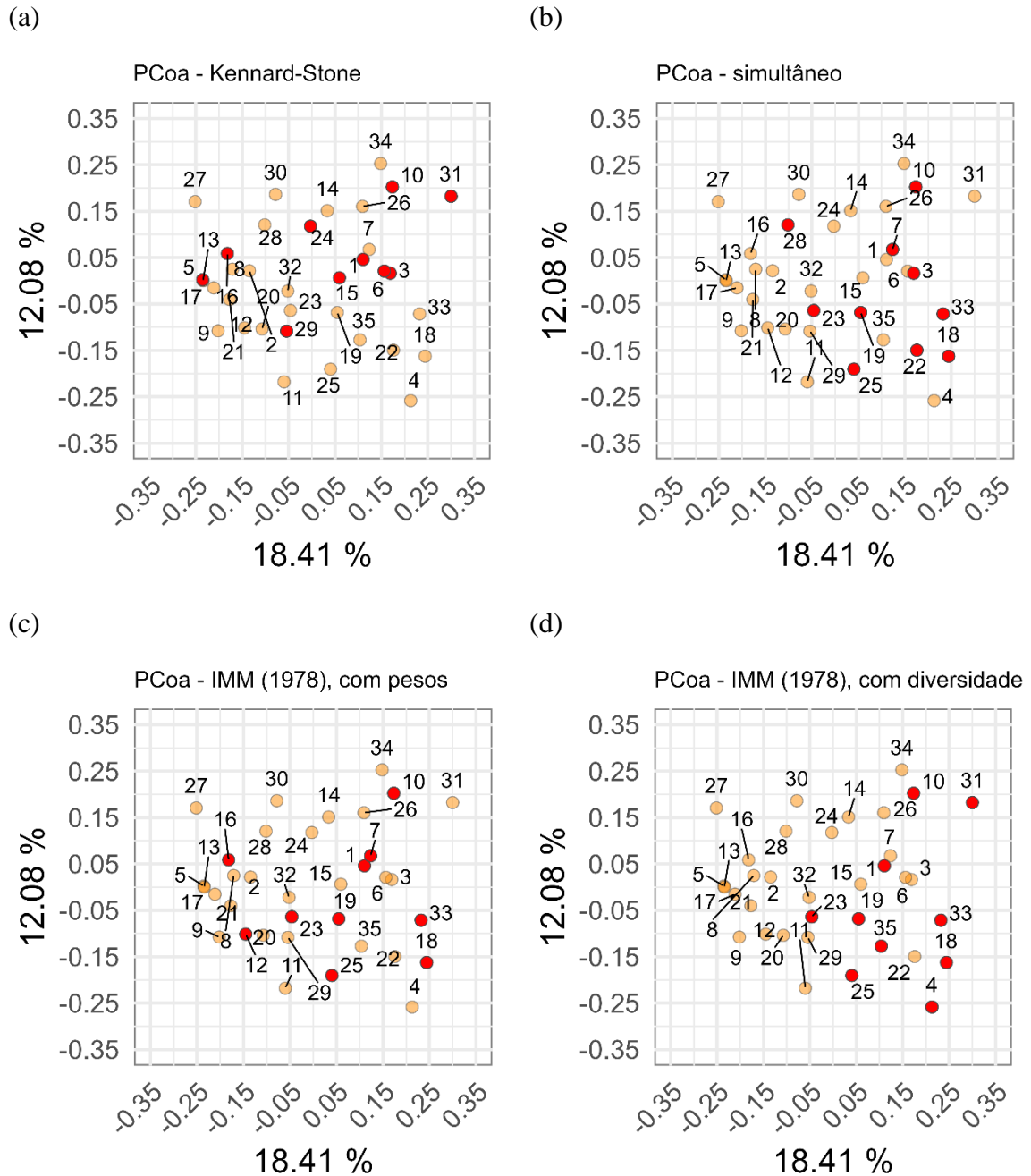


Figura 15. Coordenadas principais e distribuição de progênies selecionadas (pontos em vermelho), considerando intensidade de seleção de 28%, sob diferentes estratégias de seleção. Identificação das progênies: **1:** p-057; **2:** p-103; **3:** p-127; **4:** p-197; **5:** p-213; **6:** p-235; **7:** p-242; **8:** p-264; **9:** p-268; **10:** p-308; **11:** p-310; **12:** p-312; **13:** p-369; **14:** p-403; **15:** p-446; **16:** p-471; **17:** p-474; **18:** p-481; **19:** p-526; **20:** p-579; **21:** p-580; **22:** p-617; **23:** p-645; **24:** p-652; **25:** p-675; **26:** p-698; **27:** p-744; **28:** p-745; **29:** p-751; **30:** p-759; **31:** p-789; **32:** p-803; **33:** p-834; **34:** p-852; **35:** p-873.

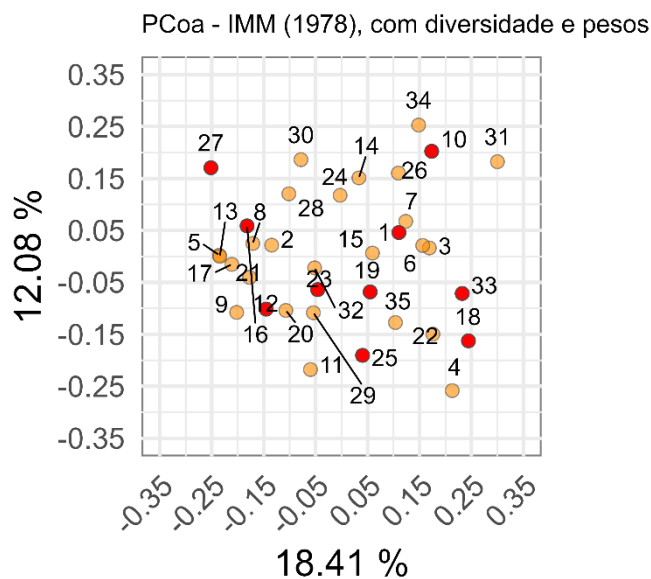


Figura 16. Coordenadas principais e distribuição de progênies selecionadas (esferas em vermelho), considerando intensidade de seleção de 28%, sob diferentes estratégias de seleção. Identificação das progênies: **1:** p-057; **2:** p-103; **3:** p-127; **4:** p-197; **5:** p-213; **6:** p-235; **7:** p-242; **8:** p-264; **9:** p-268; **10:** p-308; **11:** p-310; **12:** p-312; **13:** p-369; **14:** p-403; **15:** p-446; **16:** p-471; **17:** p-474; **18:** p-481; **19:** p-526; **20:** p-579; **21:** p-580; **22:** p-617; **23:** p-645; **24:** p-652; **25:** p-675; **26:** p-698; **27:** p-744; **28:** p-745; **29:** p-751; **30:** p-759; **31:** p-789; **32:** p-803; **33:** p-834; **34:** p-852; **35:** p-873.

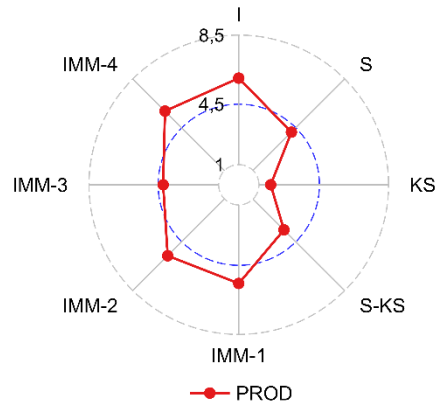
4.7 MÉDIAS E MÉTODOS DE SELEÇÃO

Quando se trabalha com várias variáveis, na tentativa de congregiar informações de magnitudes diferentes, pode se utilizar gráficos do tipo radar. Estes gráficos seguem como uma alternativa viável para seleção e comparação dos valores de ganho com a seleção por diferentes métodos. No presente trabalho, objetificou-se comparar os valores provindos da seleção individual, simultânea, pelo algoritmo Kennard-Stone, ponderação entre a seleção simultânea e Kennard-Stone, e variações com o uso de peso e informação de diversidade no índice de seleção de Mulamba & Mock (1978). A visualização dos gráficos e informações estão presentes na Figura 17.

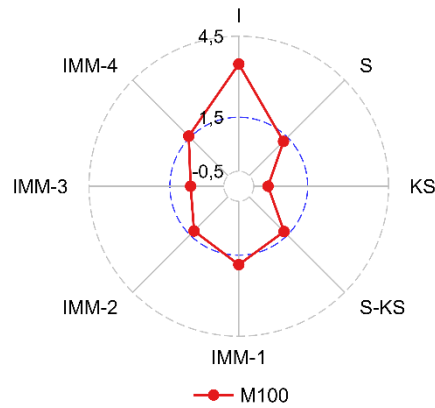
A partir dos resultados, verifica-se que a seleção individual é o método que apresenta maior média para as três características. Isto ocorre em razão da consideração das melhores progênies individualmente para cada caráter, evidenciando o potencial máximo do programa. Na ausência da seleção individual, para produtividade (Figura 17a), o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978) ponderado pelo uso das informações de peso e diversidade, evidenciou maior valor do ganho com a seleção; já para massa de 100 grãos (Figura 17b), verificou-se o índice de Mulamba & Mock (1978), sem pesos e diversidade foi o melhor método; e para rendimento de peneira (Figura 17c), a seleção simultânea alcançou maior valor com o ganho com a seleção. O método de seleção pelo algoritmo Kennard-Stone foi o método com menores valores para os três caracteres.

As médias de todas as progênies e testemunhas estão dispostas na Tabela 17. Em consideração das médias dos genótipos, a progênie p-481 alcançou o melhor resultado para produtividade (3230 kg ha⁻¹). Já para massa de 100 grãos e rendimento de peneira, as progênies com melhor colocação foram a p-745 (22,56 g) e p-242 (90,09%), respectivamente.

(a)



(b)



(c)

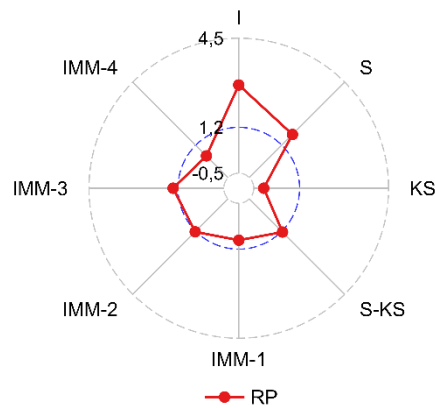


Figura 17. Gráfico radar com a comparação dos valores de ganho com a seleção (%) de diferentes métodos de seleção representados nos eixos para produtividade (PROD), massa de 100 grãos (M100) e rendimento de peneira (RP). I: seleção individual, S: seleção simultânea, KS: Kennard-Stone, S-KS: seleção simultânea e Kennard-Stone, IMM-1: índice de Mulamba & Mock (1978), IMM-2: índice de Mulamba & Mock (1978) com pesos, IMM-3: índice de Mulamba & Mock (1978), com diversidade, IMM-4: índice de Mulamba & Mock (1978), com pesos e diversidade.

Tabela 17. Médias das progênies selecionadas conforme índice de Mulamba & Mock (1978), com uso de pesos econômicos, e das melhores testemunhas para produtividade (kg ha⁻¹) (PROD), massa de 100 grãos (g) (M100) e rendimento de peneira (%) (RP).

Genótipo	PROD	C ¹	M100	C ¹	RP	C ¹
p-057	3082	5	21,75	12	84,88	31
p-103	3051	9	20,32	36	86,25	25
p-127	2989	13	20,32	37	90,70	4
p-197	2800	25	20,40	33	89,15	10
p-213	2834	21	20,33	35	86,65	21
p-235	2725	29	20,34	34	88,82	12
p-242	2913	16	20,74	31	90,90	2
p-264	2623	33	20,50	32	76,80	38
p-268	2637	32	22,09	9	87,55	17
p-308	3015	11	22,25	4	86,46	23
p-310	2578	35	20,91	30	89,51	8
p-312	3153	2	21,67	14	85,62	28
p-369	2801	24	21,62	15	87,07	19
p-403	2808	23	21,03	29	88,52	13
p-446	3026	10	21,74	13	84,37	34
p-471	3109	4	21,52	17	86,38	24
p-474	2814	22	22,44	3	84,46	32
p-481	3230	1	22,11	7	87,91	15
p-526	3067	7	21,38	22	90,06	6
p-579	2887	17	21,34	23	86,57	22
p-580	2795	27	21,49	18	89,14	11
p-617	2873	18	22,05	10	86,68	20
p-645	3060	8	21,42	20	90,45	5
p-652	2457	37	22,11	8	87,26	18
p-675	3075	6	21,60	16	90,73	3
p-698	2685	30	21,06	26	84,18	35
p-744	3007	12	21,38	21	84,03	36
p-745	2849	20	22,56	2	85,66	27
p-751	2949	15	22,21	6	84,42	33
p-759	2644	31	21,42	19	76,30	39
p-789	2975	14	21,11	24	85,55	29
p-803	2614	34	20,28	38	85,69	26
p-834	3117	3	22,23	5	88,00	14
p-852	2855	19	21,06	27	85,36	30
p-873	2797	26	21,09	25	89,92	7
BRS Esteio	2390	39	21,04	28	91,30	1
BRS FP403	2750	28	23,55	1	89,47	9
BRS FP417	2425	38	21,91	11	87,82	16
BRS Esplendor	2521	36	18,73	39	80,88	37
\bar{X}_p^2	2883		21,37		86,63	
\bar{X}_T^3	2522		21,31		87,37	

¹ C = classificação, ² \bar{X}_p = média progênies, ³ \bar{X}_T = média testemunhas.

5 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética entre as progênies para os caracteres agronômicos e de qualidade comercial de grãos para garantir ganhos futuros com a seleção recorrente para produção de grãos.

O ganho potencial com as progênies selecionadas para cada caráter é de 6,01% para produtividade de grãos, 3,47% para massa de 100 grãos e 2,77% para rendimento de peneira.

A melhor estratégia para seleção de progênies é o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978), com o uso de pesos econômicos promovendo ganhos de 5,65%, 1,29% e 1,23% para produtividade, massa de 100 grãos e rendimento de peneira, respectivamente.

Não há estruturação genética entre as progênies. As medidas de diversidade genética demonstram ausência de formação de grupos e ampla variabilidade genética.

Dez progênies selecionadas serão utilizadas no programa de melhoramento de feijão-comum da Embrapa para compor o próximo ciclo do programa de seleção recorrente para produção de grãos e obtenção de linhagens elite.

6 REFERÊNCIAS

ABRASEM. **Estatísticas**. Disponível em:

<<http://www.abrasem.com.br/category/estatisticas>>. Acesso em: 12 fev. 2023.

ABREU, Â. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; MARTINS, L. A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões sul e alto paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 105-112, 1994.

ABREU, G. B.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P.; TOLEDO, F. H. R. B.; BUENO FILHO, J. S. Computer simulation for the evaluation of recombination strategies in intrapopulation recurrent selection in Eucalyptus. **Silvae Genetica**, v. 62, n. 1-2, p. 68-79, 2013.

AGUIAR, M. S.; PEREIRA, H. S.; SOUZA, T. L. P. O.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; TORGA, P. P.; GUIMARÃES, C. M.; SOUZA FILHO, B. F.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C. BRS FP417: black common bean cultivar with high yield, high commercial-quality grain, and disease resistance. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 5, n. 1, p. 01-07, 2023.

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. New York: John Willey and Sons. 1960.

ALVARES, R. C.; SILVA, F. C.; MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S. Estimation of genetic parameters and selection of high-yielding, upright common bean lines with slow seed-coat darkening. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 4, p. 1-10, 2016.

ALVES, A. F.; MENEZES JÚNIOR, J. Â. N.; MENEZES, V. M. P. S.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; ALVES, A. F. Progresso genético e potencial de famílias de feijão carioca obtidas por meio de seleção recorrente. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 4, p. 218-226, 2015.

ANA. **Atlas Irrigação: uso da água na agricultura irrigada**. Brasília: ANA, 2017. Disponível em: <https://arquivos.ana.gov.br/imprensa/publicacoes/AtlasIrrigacao-UsodaAguanaAgriculturaIrigada.pdf>. Acesso em: 20 jun. 2023.

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

BARBIN, D. **Componentes de Variância: Teoria e Aplicações**. Piracicaba: Fealq, 2019.

BARBOSA, F. R.; GONZAGA, A. C. O. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**. Santo Antônio de Goiás, Embrapa Arroz e Feijão, 2012.

BARILI, L. D.; VALE, N. M.; CARNEIRO, J. E. S.; SILVA, F. F.; SILVA, F. L. Five decades of black common bean genetic breeding in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 46, n. 3, p. 259-266, 2016a.

BARILI, L. D.; VALE, N. M.; MOURA, L. M.; PAULA, R. G.; SILVA, F. F.; CARNEIRO, J. E. S. Genetic progress resulting from forty-three years of breeding of the carioca common bean in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, p. 1-11, 2016b.

BATISTA, C. E. A.; BUENO, L. G.; RESENDE, T. N.; LIMA, V. R.; WENDLAND, A.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. Parental genetic representativeness in black seeded common bean progenies from the Embrapa recurrent selection program for tolerance to BGMV. **Annu. Rep. Bean Improv. Coop.** v. 57, p. 221-222, 2014.

BEECK, C. P.; WROTH, J. M.; FALK, D. E.; KHAN, T.; COWLING, W. A. Two cycles of recurrent selection lead to simultaneous improvement in black spot resistance and stem strength in field pea. **Crop Science**, v. 48, n. 6, p. 2235-2244, 2008.

BEZERRA, L. M. C.; FREDO, C. E.; CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M. The research, development, and innovation trajectory of the IAC Common Bean Breeding Program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 2, 2021.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: UFV, 2017.

BROWN, J. K. M. Bootstrap hypothesis tests for evolutionary trees and other dendrograms. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 91, n. 25, p. 12293-12297, 1994.

BURDICK, R. K.; GRAYBILL, F. A. **Confidence Intervals on Variance Components**. 2. ed. New York: CRC Press, 1992.

BURLE, M. L.; FONSECA, J. R.; KAMI, J. A.; GEPTS, P. Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, n. 5, p. 801-813, 2010.

BUSO, G. S. C.; AMARAL, Z. P. S.; BRONDANI, R. P. V.; FERREIRA, M. E. Microsatellite markers for the common bean *Phaseolus vulgaris*. **Molecular Ecology Notes**, v. 6, n. 1, p. 252-254, 2006.

CARBONELL, S. A. M.; GUERREIRO FILHO, O.; SIQUEIRA, W. J. Contributions of the Instituto Agrônômico (IAC) for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 15-24, 2012.

CARDOSO, P. C. B.; BRONDANI, C.; MENEZES, I. P. P.; VALDISSER, P. A. M. R.; BORBA, T. C. O.; DEL PELOSO, M. J.; VIANELLO, R. P. Discrimination of common

bean cultivars using multiplexed microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 1, p. 1964-1978, 2014.

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

CARGNIN, A. **Seleção Recorrente no Melhoramento Genético de Plantas Autógamas**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007.

CARNEIRO, J. E. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B.; GONÇALVES, F. M. A. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Cropp Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 4, p. 515-524, 2002.

CERUTTI, P. H.; MELO, R. C.; SILVA, J. A.; FIOREZE, A. C. C. L.; PRIMIERI, S.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Identification of superior progenies between common bean gene groups for root system obtained by recurrent selection. **Bragantia**, v. 80, p. 1-11, 2021.

CHIMENEZ-FRANZON, R.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VALENTINI, G.; DOMINGOS MOIANA, L.; SOTO, R. I. C.; SOUSA, L. L.; FILHO, P. S. V. Genetic parameters, yield adaptability and stability of common bean obtained through mixed models analyses. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 8, p. 1-16, 2022.

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

COCHRAN, W. G.; The combination of estimates from different experiments. **Biometrics**, Baltimore, v. 10, n. 1, p. 101-129, 1954.

COELHO, C. G.; DALVI, L. P.; MARÇAL, T. D. S.; OLIVEIRA, L. S. G.; OLIVEIRA, F. L.; FIALHO, G. S. Genetic Parameters Estimation in Common Bean Under Weed Plant Competition1. **Revista Ceres**, v. 68, n. 4, p. 333-342, 2021.

COLLEVATTI, R. G.; GRATAPAGLIA, D.; HAY, J. D. Population genetic structure of the endangered tropical tree species *Caryocar brasiliense*, based on variability at microsatellite loci. **Molecular Ecology**, v. 10, n. 2, p. 349-356, 2001.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, Brasília. v. 10., n.8, p. 1-106, 2023.

CONDIT, R.; HUBBELL, S. P. Abundance and DNA sequence of two-base repeat regions in tropical tree genomes. **Genome**, v. 34, n. 1, p. 66-71, 1991.

COSTA, J. G. C.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; DÍAZ, J. L. C.; WENDLAND, A.; RAVA, C. A.; CARVALHO, H. W. L.; COSTA, A. F.; ALMEIDA, V. M.; MELO, C. L. P.; VIEIRA JÚNIOR, J. R.; FARIA, J. C.; SOUZA, J.

F.; MARANGON, M. A.; CARGNIN, A.; ABREU, Â. F. B.; MOREIRA, J. A. A.; PEREIRA FILHO, I. A.; GUIMARÃES, C. M.; BASSINELLO, P. Z.; BRONDANI, V.; MAGALDI, M. C. S. **BRS Esplendor**: cultivar de feijoeiro comum de grão tipo comercial preto, com arquitetura de planta ereta, alto potencial produtivo e tolerância a doenças. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, Comunicado Técnico 185, p. 4, 2009.

COUTO, M. A.; SANTOS, J. B.; FERREIRA, J. L. Melhoramento do feijoeiro comum com grão tipo carioca, visando resistência à antracnose e à mancha angular. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, n. 5, p. 1643-1648, 2008.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552, 2016.

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

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: UFV, 2020.

CUNHA, W. G.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Selection aiming at upright growth habit common bean with carioca type grains. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 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.

DELFINI, J.; MODA-CIRINO, V.; DOS SANTOS NETO, J.; RUAS, P. M.; SANT'ANA, G. C.; GEPTS, P.; GONÇALVES, L. S. A. Population structure, genetic diversity and genomic selection signatures among a Brazilian common bean germplasm. **Scientific Reports**, v. 11, n. 1, p. 1-12, 2021.

DELFINI, J.; MODA-CIRINO, V.; RUAS, C. F.; RUAS, P. M.; NETO, J. S.; GONÇALVES, L. S. A. Estimation of genetic parameters and prediction of genotypic values in common beans using mixed models. **Emirates Journal of Food and Agriculture**, v. 30, n. 12, p. 1026-1035, 2018.

DIAS, P. A. S.; ALMEIDA, D. V.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Effectiveness of breeding selection for grain quality in common bean. **Crop Science**, v. 61, n. 2, p. 1127-1140, 2021.

ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 10, p. 1443-1449, 2007.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados conjunturais da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2021): área, produção e rendimento**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2024. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: 14 fev. 2025.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular ecology**, v. 14, n. 8, p. 2611-2620, 2005.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1960.

FAOSTAT. **Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database**, 2025. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 27 jan. 2025.

FARIA, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; DEL PELOSO, M. J.; BRÁS, A. J. B. P.; MOREIRA, J. A. A.; CARVALHO, H. W. L.; MELO, L. C. Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crops Research**, v. 142, p. 68-74, 2013.

FARIA, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; WENDLAND, A.; BORGES, S. F.; FILHO, I. A. P.; DIAZ, J. L. C.; CALGARO, M.; MELO, L. C. Genetic progress during 22 years of black bean improvement. **Euphytica**, v. 199, n. 3, p. 261-272, 2014.

FARIA, L. C.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; PELOSO, M. J.; WENDLAND, A. **Caracterização da rede de ensaios finais do programa de melhoramento genético do feijoeiro-comum da Embrapa no período de 1993 a 2008**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013b.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; DA SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; E SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília: EMBRAPA-CERNAGEN, 1998.

FONSECA JÚNIOR, N. S. D. **Progresso genético na cultura do feijão no Estado do Paraná para o período de 1977 a 1995**. 1997. p. 160. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1997.

FREITAS, F. O. Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 7, p. 1199-1203, 2006.

GAITÁN-SOLÍS, E.; DUQUE, M. C.; EDWARDS, K. J.; TOHME, J. Microsatellite Repeats in Common Bean (*Phaseolus vulgaris*) Isolation, Characterization, and Cross-Species Amplification in *Phaseolus* ssp. **Crop science**, v. 42, n. 6, p. 2128-2136, 2002.

GARCIA, R. A. V.; RANGEL, P. N.; BRONDANI, C.; MARTINS, W. S.; MELO, L. C.; CARNEIRO, M. S.; BORBA, T. C. O.; BRONDANI, R. P. V. The characterization of a new set of EST-derived simple sequence repeat (SSR) markers as a resource for the genetic analysis of *Phaseolus vulgaris*. **BMC genetics**, v. 12, p. 1-14, 2011.

GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris*). *In*: SCHOONHOVEN, A. V.; VOYSEST, O. (ed.). **Common beans: research for crop improvement**. Cali: CIAT, 1991.

GRAHAM, P. H.; RANALLI, P. **Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. *Advances in Plant Breeding Strategies*: Legumes**, v. 53, p. 131-146, 1997.

GRISI, M. C. M.; BLAIR, M. W.; GEPTS, P.; BRONDANI, C.; PEREIRA, P. A. A.; BRONDANI, R. P. V. Genetic mapping of a new set of microsatellite markers in a reference common bean (*Phaseolus vulgaris*) population BAT93 x Jalo EEP558. **Genetics and Molecular Research**, v. 6, n. 3, p. 691-706, 2007.

GUIMARÃES, A. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; ALMEIDA FILHO, J. E.; PENA, G. F.; VITTORAZZI, C.; PEREIRA, M. G. Population structure and impact of recurrent selection on popcorn using EST-SSR markers. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 40, p. 1-10, 2018.

HALLAUER, A. R.; DARRAH, L. L. Compendium of recurrent selection methods and their application. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 3, n. 1, p. 1-33, 1985.

HAMADA, H.; PETRINO, M. G.; KAKUNAGA, T. A novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found in evolutionarily diverse eukaryotic genomes. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 79, n. 21 I, p. 6465-6469, 1982.

HÄRDLE, W. K.; SIMAR, L. **Applied multivariate statistical analysis**. New York: Springer Nature, 2019.

HAYAT, I.; AHMAD, A.; MASUD, T.; AHMED, A.; BASHIR, S. Nutritional and Health Perspectives of Beans (*Phaseolus vulgaris* L.): An Overview. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, v. 54, n. 5, p. 580-592, 2014.

HINZE, L. L.; KRESOVICH, S.; NASON, J. D.; LAMKEY, K. R. Population Genetic Diversity in a Maize Reciprocal Recurrent Selection Program. **Crop Science**, v. 45, p. 2435-2442, 2005.

IZQUIERDO, P.; ASTUDILLO, C.; BLAIR, M. W.; IQBAL, A. M.; RAATZ, B.; CICHY, K. A. Meta-QTL analysis of seed iron and zinc concentration and content in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 131, n. 8, p. 1645-1658, 2018.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. New York: Pearson, 2007.

KELLY, J. D.; ADAMS, M. W. Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of pinto beans. **Euphytica**, v. 36, n. 1, p. 69-80, 1987.

KENNARD, R. W.; STONE, L. A. Computer Aided Design of Experiments, **Technometrics**, v.11, n. 1, p. 137-148, Feb. 1969.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact Confidence Intervals for Heritability on a Progeny Mean Basis. **Crop Science**, v. 25, p. 192-194, 1985.

KOLAWOLE, A. O.; MENKIR, A.; BLAY, E.; OFORI, K.; KLING, J. G. Genetic advance in grain yield and other traits in two tropical maize composites developed via reciprocal recurrent selection. **Crop Science**, v. 58, n. 6, p. 2360-2369, 2018.

LINGLE, S. E.; JOHNSON, R. M.; TEW, T. L.; VIATOR, R. P. Changes in juice quality and sugarcane yield with recurrent selection for sucrose. **Field Crops Research**, v. 118, n. 2, p. 152-157, 2010.

LIU, J.; LIU, L.; HOU, N.; ZHANG, A.; LIU, C. Genetic diversity of wheat gene pool of recurrent selection assessed by microsatellite markers and morphological traits. **Euphytica**, v. 155, n. 1-2, p. 249-258, 2007.

LOPES, F. S.; LEITE, M. E.; PORTO, A. C. M.; MIGUEL, L. A.; REIS, V. O. L.; SANTOS, J. B. Recurrent selection in common bean aiming at resistance to white mold in a greenhouse. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 1, p. 95-101, 2019.

MACHADO, J. C.; SOUZA, M. A.; OLIVEIRA, D. M.; CARGNIN, A.; PIMENTEL, A. J. B.; ASSIS, J. C. Recurrent selection as breeding strategy for heat tolerance in wheat. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 1, p. 9-15, 2010.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer research**, v. 27, p. 209-220, 1967.

MARTINS, S. M.; BITTENCOURT, C. D.; MELO, L. C.; AGUIAR, M. S.; ALMEIDA, V. M.; SOUZA, T. L. P. O.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and selection of common bean lines with high nutritional and agronomic quality. **Crop Science**, v. 63, n. 1, p. 128-138, 2023.

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

MELO, L. C. **Procedimentos para condução de experimentos de Valor de Cultivo e Uso em Feijoeiro Comum**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2009.

MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; FARIA, L. C.; DIAZ, J. L. C.; DEL PELOSO, M. J.; RAVA, C. A.; COSTA, J. G. C. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.5, p.715-723, 2007.

MELO, L. C.; SILVA, A. C. F.; PEREIRA, H. S.; MELO, P. G. S.; SOUZA, T. L. P. O. Genetic diversity as an additional selection criterion in a carioca common bean recurrent selection program for resistance to common bacterial blight. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 4, p. 1-15, 2019.

- MENEZES JÚNIOR, J. Â. N.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**, v. 67, n. 4, p. 833-838, 2008.
- MENEZES JÚNIOR, J. Â. N.; REZENDE JÚNIOR, L. S.; ROCHA, G. S.; PEREIRA E SILVA, V. M.; PEREIRA, A. C.; CARNEIRO, P. C. S.; PETERNELLI, L. A.; CARNEIRO, J. E. S. Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 41-48, 2013.
- MODA-CIRINO, V.; GERAGE, A. C.; RIEDE, C. R.; SERA, G. H.; TAKAHASHI, M.; ABBUD, N. S.; NAZARENO, N. R. X.; ARAÚJO, P. M.; AULER, P. M.; YAMAOKA, R. S.; SERA, T.; ALMEIDA, W. P. Plant breeding at Instituto Agronômico do Paraná: IAPAR. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 25-30, 2012.
- MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.
- MORAIS JÚNIOR, O. P.; BRESEGHELLO, F.; DUARTE, J. B.; MORAIS, O. P.; RANGEL, P. H. N.; COELHO, A. S. G. Effectiveness of recurrent selection in irrigated rice breeding. **Crop Science**, v. 57, n. 6, p. 3043-3058, 2017.
- MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; BRESEGHELLO, F.; UTUMI, M. M.; PEREIRA, J. A.; WRUCK, F. J.; COLOMBARI FILHO, J. M. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v. 72, n. 4, p. 297-305, 2015.
- MORAIS, S. R. P.; VIEIRA, A. F.; ALMEIDA, L. C. S.; RODRIGUES, L. A.; MELO, P. G. S.; FARIA, L. C.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; SOUZA, T. L. P. O. Application of microsatellite markers to confirm controlled crosses and assess genetic identity in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 3, p. 234-239, 2016.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.
- NEI, M. Genetic distance between populations. **The American Naturalist**, v. 106, n. 949, p. 283-292, 1972.
- NIU, N.; ARIEF, V. N.; DELACY, I. H.; LUSH, D.; SHEPPARD, J.; ZHANG, G.; DIETERS, M. J. Genetic gain in yield and protein over two cycles of a wheat recurrent selection program. **Breeding Science**, v. 60, n. 3, p. 181-186, 2010.
- OLIVEIRA, L. D. S. G.; DALVI, L. P.; SOUZA, L. C.; SILVA, J. A.; SOARES, T. C. B. Genetic diversity of recombinant inbred lines of *Phaseolus vulgaris* L. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 52, n. 3, p. 1-9, 2021.
- OLIVEIRA, L. K.; MELO, L. C.; BRONDANI, C.; DEL PELOSO, M. J.; BRONDANI, R. P. V. Backcross assisted by microsatellite markers in common bean. **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 4, p. 1000-1010, 2008.

- PÁDUA, P. F.; PEREIRA, R.; ABREU, Â. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, E. A. Efficiency of a recurrent selection method to achieve resistance of common beans to pseudocercospora griseola in a short period. **Ciencia e Agrotecnologia**, v. 45, 2021.
- PEREIRA, H. S.; ALVARES, R. C.; SILVA, F. C.; FARIA, L. C.; MELO, L. C. Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 38, n. 3, p. 1241-1250, 2017.
- PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; DÍAZ, J. L. C.; WENDLAND, A. Indicação de cultivares de feijoeiro-comum baseada na avaliação conjunta de diferentes épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 6, p. 571-578, 2010.
- 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**, v. 9, n. 2, p. 181-188, 2009.
- PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; WENDLAND, A.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; NASCENTE, A. S.; DÍAZ, J. L. C.; COSTA, J. G. C.; CARVALHO, H. W. L.; COSTA, A. F.; ALMEIDA, V. M.; MELO, C. L. P.; MAGALDI, M. C. S.; ABREU, Â. F. B.; MOREIRA, J. A. A.; PEREIRA FILHO, I. A.; CARGNIN, A.; POSSE, S. C. P.; SOUZA FILHO, B. F.; MOURA NETO, F. P.; GUIMARÃES, C. M.; BRAZ, A. J. B. P.; FERREIRA, S. B.; MARANGON, M. A.; SOUZA, N. P.; OLIVEIRA, J. P.; FARIA, J. C.; BASSINELLO, P. Z. **BRS Esteio - cultivar de feijoeiro comum com grãos pretos, alto potencial produtivo e resistência à antracnose**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, Comunicado Técnico 213, p. 4, 2014.
- PEREIRA, H. S.; MENDONÇA, F. R.; RODRIGUES, L. L.; MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; FARIA, L. C.; COSTA, A. F.; CARVALHO, H. W. L.; PEREIRA FILHO, I. A.; ALMEIDA, V. M. Selection of carioca common bean lines with slow darkening. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 56, n. 4, 2021.
- PEREIRA, H. S.; MOTA, A. P. S.; RODRIGUES, L. A.; DE SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C. Genetic diversity among common bean cultivars based on agronomic traits and molecular markers and application to recommendation of parent lines. **Euphytica**, v. 215, n. 2, p. 38, 2019.
- PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 23, n. 7, p. 769-780, 1988.
- PIMENTEL-GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. São Paulo: Nobel, 1990.
- PIMENTEL-GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. São Paulo: Nobel, 2000.

PONTES JÚNIOR, V. A.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic potential of common bean progenies obtained by different breeding methods evaluated in various environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, 2016.

POSSE, S. C. P.; SOUZA, E. M. R.; SILVA, G. M.; FASOLO, L. M.; SILVA, M. B.; ROCHA, M. A. M. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro comum na região central-brasileira: 2009-2011**. Vitória: Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), 2010.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**. v. 155, 2000.

QUADROS, V.; CARVALHO, I. R.; DEMARI, G. H.; SOUZA, V. Q.; FERREIRA, L. L.; MOURA, N. B.; MARTINS, T. S.; SILVA, J. A. G.; LAUTENCHLEGER, F.; LORO, M. V. Parameters and Genetic Variability in Black Beans F5 Families. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 4, n. 1, p. 89-100, 2022.

QUEIROZ, L. R.; RODRIGUES, L. L.; MARTINS, S. M.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Recurrent selection for high iron and zinc concentrations in black bean grain. **Bragantia**, v. 80, e.3121, 2021.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2024.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B.; DOS SANTOS, J. B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, v. 144, n. 1-2, p. 23-29, 2005.

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**, v. 12, p. 111-120, 2012c.

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

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

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. D.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. D.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. D. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 2012a.

RAVA, C. A.; COSTA, J. G. C. Produção de semente sadia. *In*: AIDAR, H.; KLUTHCOUSKI, J.; STONE, L. F. **Produção do feijoeiro comum em várzeas tropicais**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2002.

- RESENDE, M. D. V.; ASSIS, T. Seleção Recorrente Recíproca entre Populações Sintéticas Multi-Espécies (SRR-PSME) de Eucalipto. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 57, n. 1, p. 57-60, 2008.
- 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. 13, p. 182-194, 2007.
- SATTERTHWAITE, F. E. An Approximate Distribution of Estimates of Variance Components. **International Biometric Society**, Alexandria, v. 2, n. 6, p. 110-114, 1946.
- SCHMUTZ, J.; MCCLEAN, P. E.; MAMIDI, S.; WU, G. A.; CANNON, S. B.; GRIMWOOD, J.; JENKINS, J.; SHU, S.; SONG, Q.; CHAVARRO, C.; TORRES-TORRES, M.; GEFFROY, V.; MOGHADDAM, S. M.; GAO, D.; ABERNATHY, B.; BARRY, K.; BLAIR, M.; BRICK, M. A.; CHOVIATIA, M.; GEPTS, P.; GOODSTEIN, D. M.; GONZALES, M.; HELLSTEN, U.; HYTEN, D. L.; JIA, G.; KELLY, J. D.; KUDRNA, D.; LEE, R.; RICHARD, M. M. S.; MIKLAS, P. N.; OSORNO, J. M.; RODRIGUES, J.; THAREAU, V.; URREA, C. A.; WANG, M.; YU, Y.; ZHANG, M.; WING, R. A.; CREGAN, P. B.; ROKHSAR, D. S.; JACKSON, S. A. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, v. 46, n. 7, p. 707-713, 2014.
- SEDIYAMA, C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; FRITSCHÉ-NETO, R.; SEDIYAMA, T.; BARBOSA, M. H. P.; GALVÃO, J. C. C. G.; SOUZA, M. A. Contribution of the universities to the development of field crop cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, p. 121-130, 2012.
- 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**, v. 72, n. 4, p. 326-331, 2013.
- SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro “Carioca”. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1437-1442, 2007.
- SILVA, G. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B.; NUNES, J. A. R. Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 351-356, 2010.
- SINGH, S. P.; TERHN, H.; GERMFIN MUIIOZ, C.; TAKEGAMI, J. C. Two Cycles of Recurrent Selection for Seed Yield in Common Bean. **Crop Science**, v. 39, p. 391-397, 1999.
- SOARES, I. O.; BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; GESTEIRA, G. S.; SILVA, K. B.; GUILHERME, S. R.; CIANZIO, S. R. Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 4, e28092046, 2020.

SOUZA, T. L. P. O.; PEREIRA, H. S.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; WENDLAND, A.; DÍAZ, J. L. C.; MAGALDI, M. C. S.; AGUIAR, M. S.; CARVALHO, H. W. L.; SOUZA FILHO, B. F.; MELO, C. L. P.; COSTA, A. F.; ALMEIDA, V. M.; POSSE, S. C. P.; MELO, L. C. BRS FP403: high-yielding black-seeded common bean cultivar with superior grain quality and moderate resistance to fusarium wilt. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 2, p. 240-244, 2019.

TAUTZ, D.; RENZ, M. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. **Nucleic Acids Research**, v. 12, n. 10, p. 4127-4138, 1984.

TORRES, M. H. R. M.; SOUZA, T. L. P. O.; FARIA, L. C.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and selection of black bean lines for resistance to fusarium wilt and yield. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 57, 2022.

VALDISSER, P. A. M. R.; MOTA, A. P. S.; BUENO, L. G.; MENEZES, I. P. P.; COELHO, G. R. C.; MAGALHÃES, F. O. C.; VIANELLO, R. P. **Protocolo de extração de DNA e genotipagem de SSRs em larga escala para uso no melhoramento do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013.

VELLO, N. A.; NAZATO, F. M. Recurrent selection. *In*: SILVA, L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDCKE, W. H. **Soybean breeding**, Springer, 2017.

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

VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. S. Melhoramento do feijão. *In*: BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. Ed. Viçosa: UFV, 2013. P. 301-391.

VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão**. Viçosa: UFV, 2006.
WRIGHT, S. **Evolution and Genetics of Populations**. Chicago: University of Chicago, 1978.

XIN, Z., VELTEN, J. P.; OLIVER, M. J.; BURKE, J. J. High-Throughput DNA Extraction Method Suitable for PCR. **Biotechniques**. v. 34, p. 820-826, 2003.

YU, K.; PARK, S. J.; POYSA, V.; GEPTS, P. Integration of Simple Sequence Repeat (SSR) Markers into a Molecular Linkage Map of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **The American Genetic Association**, v. 91, p. 429-434, 2000.

ZUCCHI, M. I.; PEREIRA, R.; BRONDANI, V.; COELHO, A. S. G.; VENCOVSKY, R. Genetic structure and gene flow in *Eugenia dysenterica* DC in the Brazilian Cerrado utilizing SSR markers. **Molecular Ecology Notes**, v. 457, p. 449-457, 2003.

APÊNDICES

Apêndice A. Resumo da análise de variância individual para produtividade (kg ha⁻¹).

Local	Safra	Ano	QMg ¹	QMe ²	Fc ³	Média	CV (%) ⁴	AS ⁵
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2022	338199,06	187685,25	1,80 *	3148	13,76	0,67
Ponta Grossa - PR	Águas	2022	640043,54	149150,65	4,29 **	3840	10,06	0,88
Ponta Grossa - PR	Seca	2023	241394,91	36194,74	6,67 **	1597	11,91	0,92
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2023	383529,20	163930,69	2,34 **	2799	14,46	0,76

¹ QMg = quadrado médio de genótipos; ² QMe = quadrado médio do resíduo; ³ Fc = valor de F calculado; ⁴ CV (%) = coeficiente de variação; ⁵ AS = acurácia seletiva.

Apêndice B. Resumo da análise de variância individual para massa de 100 grãos (g).

Local	Safra	Ano	QMg ¹	QMe ²	Fc ³	Média	CV (%) ⁴	AS ⁵
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2022	2,61	0,25	10,65 **	21,90	2,26	0,95
Ponta Grossa - PR	Águas	2022	4,28	0,77	5,55 **	23,42	3,75	0,91
Ponta Grossa - PR	Seca	2023	3,11	0,65	4,83 **	16,92	4,75	0,89
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2023	2,71	0,40	6,79 **	23,20	2,72	0,92

¹ QMg = quadrado médio de genótipos; ² QMe = quadrado médio do resíduo; ³ Fc = valor de F calculado; ⁴ CV (%) = coeficiente de variação; ⁵ AS = acurácia seletiva.

Apêndice C. Resumo da análise de variância individual para rendimento de peneira (%).

Local	Safra	Ano	QMg ¹	QMe ²	Fc ³	Média	CV (%) ⁴	AS ⁵
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2022	122,56	10,27	11,93 **	77,91	4,11	0,96
Ponta Grossa - PR	Águas	2022	17,60	2,58	6,82 **	94,88	1,69	0,92
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2023	60,99	31,33	1,95 **	87,33	6,41	0,70

¹ QMg = quadrado médio de genótipos; ² QMe = quadrado médio do resíduo; ³ Fc = valor de F calculado; ⁴ CV (%) = coeficiente de variação; ⁵ AS = acurácia seletiva.

Apêndice D. Resumo da análise de variância individual para arquitetura de plantas.

Local	Safra	Ano	QMg ¹	QMe ²	Fc ³	Média	CV (%) ⁴	AS ⁵
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2022	0,22	0,13	1,64 ns	2,90	12,52	0,62
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2023	1,78	0,47	3,80 **	4,92	13,90	0,86

¹ QMg = quadrado médio de genótipos; ² QMe = quadrado médio do resíduo; ³ Fc = valor de F calculado; ⁴ CV (%) = coeficiente de variação; ⁵ AS = acurácia seletiva.

Apêndice E. Resumo da análise de variância individual para acamamento de plantas.

Local	Safra	Ano	QMg ¹	QMe ²	Fc ³	Média	CV (%) ⁴	AS ⁵
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2022	0,52	0,66	0,80 ns	2,08	35,91	-
Ponta Grossa - PR	Seca	2023	2,97	0,93	3,19 **	4,24	22,74	0,83
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2023	0,95	0,66	1,43 ns	2,67	30,54	0,55

¹QMg = quadrado médio de genótipos; ²QMe = quadrado médio do resíduo; ³Fc = valor de F calculado; ⁴CV (%) = coeficiente de variação; ⁵AS = acurácia seletiva.

Apêndice F. Resumo da análise de variância individual para *Fusarium oxysporum*.

Local	Safra	Ano	QMg ¹	QMe ²	Fc ³	Média	CV (%) ⁴	AS ⁵
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2022	1,38	0,96	1,44 ns	3,03	32,33	0,55
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2023	0,89	0,48	1,83 *	1,34	51,86	0,67

¹QMg = quadrado médio de genótipos; ²QMe = quadrado médio do resíduo; ³Fc = valor de F calculado; ⁴CV (%) = coeficiente de variação; ⁵AS = acurácia seletiva.

Apêndice G. Resumo da análise de variância individual para Antracnose.

Local	Safra	Ano	QMg ¹	QMe ²	Fc ³	Média	CV (%) ⁴	AS ⁵
Ponta Grossa - PR	Seca	2023	2,84	0,52	5,45 **	1,53	47,31	0,90
Santo Antônio de Goiás - GO	Inverno	2023	1,41	0,56	2,52 **	2,67	61,18	0,78

¹QMg = quadrado médio de genótipos; ²QMe = quadrado médio do resíduo; ³Fc = valor de F calculado; ⁴CV (%) = coeficiente de variação; ⁵AS = acurácia seletiva.

Apêndice H. Estimativas de componentes quadráticos médios e parâmetros genéticos para produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) por ambientes.

Estimativas	SAG/GO ¹ - 2022	LS ² -LI ³	PG/PR ⁴ - 2022	LS ² -LI ³
$\hat{\Phi}_{fg}$	112733,02	187243,84 75293,36	213347,85	354359,96 142493,08
$\hat{\Phi}_{gg}$	50171,27	83331,94 33508,94	163630,96	271782,74 109287,63
$\hat{\Phi}_{fp}$	124789,70	214217,69 81646,66	101500,51	174238,77 66409,14
$\hat{\Phi}_{gp}$	62227,95	106822,34 40714,13	51783,62	88893,30 33880,68
$\hat{\sigma}_e$	62561,75	88406,57 46614,98	49716,88	70255,37 37044,22
\hat{H}_p^2	49,87	71,00 7,55	51,02	71,66 9,68
CV_{gp} (%)	7,92		5,77	
bp	0,58		0,57	
DSp	444,29		424,43	
GSp (%)	6,28		8,48	

¹ SAG/GO = Santo Antônio de Goiás - Goiás; ² LS = limite superior; ³ LI = limite inferior; ⁴ PG/PR = Ponta Grossa – Paraná; $\hat{\Phi}_{fg}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{gg}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{fp}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\Phi}_{gp}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\sigma}_e$: variância residual; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; bp : índice b de progênies; DSp : diferencial de seleção de progênies; GSp (%): ganho com a seleção de progênies.

Apêndice I. Estimativas de componentes quadráticos médios e parâmetros genéticos para produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) por ambientes.

Estimativas	PG/PR ¹ - 2023	LS ² -LI ³	SAG/GO ⁴ - 2023	LS ² -LI ³
$\hat{\Phi}_{fg}$	80464,97	133648,24 53741,82	127843,07	212340,86 85385,22
$\hat{\Phi}_{gg}$	68400,06	113609,03 45683,78	73199,50	121580,67 48889,28
$\hat{\Phi}_{fp}$	71339,89	122464,16 46675,83	138067,21	237010,26 90333,79
$\hat{\Phi}_{gp}$	59274,97	101753,17 38782,07	83423,65	143207,50 54581,92
$\hat{\sigma}_e$	12064,91	17049,04 8989,61	54643,56	77217,31 40715,11
\hat{H}_p^2	83,09	90,22 68,81	60,42	77,10 27,02
CV_{gp} (%)	14,97		10,27	
bp	1,26		0,71	
DSp	352,16		412,05	
GSp (%)	18,74		8,43	

¹ PG/PR = Ponta Grossa - Paraná; ² LS = limite superior; ³ LI = limite inferior; ⁴ SAG/GO = Santo Antônio de Goiás - Goiás; $\hat{\Phi}_{fg}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{gg}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{fp}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\Phi}_{gp}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\sigma}_e$: variância residual; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; bp : índice b de progênies; DSp : diferencial de seleção de progênies; GSp (%): ganho com a seleção de progênies.

Apêndice J. Estimativas de componentes quadráticos médios e parâmetros genéticos para massa de 100 grãos (g) (M100) por ambientes.

Estimativas	SAG/GO ¹ -2022	LS ² -LI ³	PG/PR ⁴ - 2022	LS ² -LI ³
$\hat{\Phi}_{fg}$	0,87	1,45 0,58	1,43	2,37 0,95
$\hat{\Phi}_{gg}$	0,79	1,31 0,53	1,17	1,94 0,78
$\hat{\Phi}_{fp}$	0,60	1,03 0,39	1,02	1,76 0,67
$\hat{\Phi}_{gp}$	0,52	0,89 0,34	0,77	1,32 0,50
$\hat{\sigma}_e$	0,08	0,12 0,06	0,26	0,36 0,19
\hat{H}_p^2	86,35	92,10 74,83	74,97	85,52 53,84
CV_{gp} (%)	3,29		3,75	
bp	1,45		1,00	
DSp	1,14		1,41	
GSp (%)	4,72		4,95	

¹ SAG/GO = Santo Antônio de Goiás - Goiás; ² LS = limite superior; ³ LI = limite inferior; ⁴ PG/PR = Ponta Grossa – Paraná; $\hat{\Phi}_{fg}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{gg}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{fp}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\Phi}_{gp}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\sigma}_e$: variância residual; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; bp : índice b de progênies; DSp : diferencial de seleção de progênies; GSp (%): ganho com a seleção de progênies.

Apêndice K. Estimativas de componentes quadráticos médios e parâmetros genéticos para massa de 100 grãos (g) (M100) por ambientes.

Estimativas	PG/PR ¹ - 2023	LS ² -LI ³	SAG/GO ⁴ - 2023	LS ² -LI ³
$\hat{\Phi}_{fg}$	1,04	1,72 0,69	0,90	1,50 0,60
$\hat{\Phi}_{gg}$	0,82	1,37 0,55	0,77	1,28 0,51
$\hat{\Phi}_{fp}$	0,94	1,62 0,62	0,53	0,90 0,34
$\hat{\Phi}_{gp}$	0,73	1,25 0,47	0,39	0,67 0,26
$\hat{\sigma}_e$	0,22	0,30 0,16	0,13	0,19 0,10
\hat{H}_p^2	77,14	86,78 57,85	74,72	85,37 53,38
<i>CVgp</i> (%)	5,02		2,70	
<i>bp</i>	1,06		0,99	
<i>DSp</i>	1,21		1,12	
<i>GSp</i> (%)	5,67		4,11	

¹ PG/PR = Ponta Grossa - Paraná; ² LS = limite superior; ³ LI = limite inferior; ⁴ SAG/GO = Santo Antônio de Goiás - Goiás; $\hat{\Phi}_{fg}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{gg}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{fp}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\Phi}_{gp}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\sigma}_e$: variância residual; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; *bp*: índice *b* de progênies; *DSp*: diferencial de seleção de progênies; *GSp* (%): ganho com a seleção de progênies.

Apêndice L. Estimativas de componentes quadráticos médios e parâmetros genéticos para rendimento de peneira (%) (RP) por ambientes.

Estimativas	SAG/GO ¹ -2022	LS ² -LI ³	PG/PR ⁴ - 2022	LS ² -LI ³	SAG/GO ¹ - 2023	LS ² -LI ³
$\hat{\phi}_{fg}$	40,85	67,86 27,29	5,87	9,75 3,92	20,33	33,76 13,58
$\hat{\phi}_{gg}$	37,43	62,17 25,00	5,01	8,32 3,34	9,88	16,42 6,60
$\hat{\phi}_{fp}$	41,68	71,56 27,27	4,67	8,01 3,05	21,18	36,35 13,86
$\hat{\phi}_{gp}$	38,26	65,68 25,03	3,81	6,54 2,49	10,73	18,43 7,02
$\hat{\sigma}_e$	3,42	4,84 2,55	0,86	1,22 0,64	10,44	14,76 7,78
\hat{H}_p^2	91,79	95,25 84,86	81,58	89,35 66,04	50,68	71,47 9,06
<i>CVgp (%)</i>	7,97		2,05		3,75	
<i>bp</i>	1,94		1,21		0,59	
<i>DSp</i>	6,50		2,24		1,12	
<i>GSp (%)</i>	7,64		2,02		0,62	

¹ SAG/GO = Santo Antônio de Goiás - Goiás; ² LS = limite superior; ³ LI = limite inferior; ⁴ PG/PR = Ponta Grossa – Paraná; $\hat{\phi}_{fg}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{gg}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{fp}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\phi}_{gp}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\sigma}_e$: variância residual; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; *bp*: índice *b* de progênies; *DSp*: diferencial de seleção de progênies; *GSp (%)*: ganho com a seleção de progênies.

Apêndice M. Estimativas de componentes quadráticos médios e parâmetros genéticos para arquitetura de plantas (ARQ).

Estimativas	SAG/GO ¹ -2022	LS ² -LI ³	PG/PR ⁴ - 2023	LS ² -LI ³
$\hat{\phi}_{fg}$	0,11	0,18 0,07	0,89	1,48 0,59
$\hat{\phi}_{gg}$	0,04	0,07 0,03	0,65	1,09 0,44
$\hat{\phi}_{fp}$	0,08	0,13 0,05	0,88	1,52 0,58
$\hat{\phi}_{gp}$	0,01	0,02 0,01	0,65	1,11 0,42
$\hat{\sigma}_e$	0,07	0,11 0,04	0,23	0,39 0,16
\hat{H}_p^2	16,27	56,67 0,00	73,50	86,29 48,16
<i>CVgp</i> (%)	3,94		16,49	
<i>bp</i>	0,31		1,19	
<i>DSp</i>	0,40		1,37	
<i>GSp</i> (%)	5,33		20,54	

¹ SAG/GO = Santo Antônio de Goiás - Goiás; ² LS = limite superior; ³ LI = limite inferior; ⁴ PG/PR = Ponta Grossa – Paraná; $\hat{\phi}_{fg}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{gg}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{fp}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\phi}_{gp}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\sigma}_e$: variância residual; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; *bp*: índice *b* de progênies; *DSp*: diferencial de seleção de progênies; *GSp* (%): ganho com a seleção de progênies.

Apêndice N. Estimativas de componentes quadráticos médios e parâmetros genéticos para acamamento de plantas (ACA).

Estimativas	SAG/GO ¹ -2022	LS ² -LI ³	PG/PR ⁴ - 2023	LS ² -LI ³	SAG/GO ¹ - 2023	LS ² -LI ³
$\hat{\Phi}_{fg}$	0,26	0,43 0,17	1,49	2,47 0,99	0,32	0,52 0,21
$\hat{\Phi}_{gg}$	-	- -	1,02	1,69 0,68	0,09	0,16 0,06
$\hat{\Phi}_{fp}$	0,26	0,45 0,17	1,46	2,53 0,95	0,26	0,45 0,17
$\hat{\Phi}_{gp}$	-	- -	0,99	1,72 0,65	0,04	0,07 0,03
$\hat{\sigma}_e$	0,33	0,55 0,22	0,47	0,77 0,31	0,22	0,31 0,16
\hat{H}_p^2	-	- -	68,07	83,54 37,08	15,73	51,25 0,00
<i>CVgp</i> (%)	-		23,55		6,77	
<i>bp</i>	-		1,04		0,22	
<i>DSp</i>	-		1,54		0,57	
<i>GSp</i> (%)	-		24,93		6,40	

¹ SAG/GO = Santo Antônio de Goiás - Goiás; ² LS = limite superior; ³ LI = limite inferior; ⁴ PG/PR = Ponta Grossa – Paraná; $\hat{\Phi}_{fg}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{gg}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\Phi}_{fp}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\Phi}_{gp}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\sigma}_e$: variância residual; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; *bp*: índice *b* de progênies; *DSp*: diferencial de seleção de progênies; *GSp* (%): ganho com a seleção de progênies.

Apêndice O. Estimativas de componentes quadráticos médios e parâmetros genéticos para *Fusarium oxysporum* (FOP).

Estimativas	SAG/GO ¹ - 2022	LS ² -LI ³	SAG/GO - 2023	LS ² -LI ³
$\hat{\phi}_{fg}$	0,46	0,77 0,31	0,30	0,49 0,20
$\hat{\phi}_{gg}$	0,14	0,23 0,09	0,13	0,22 0,09
$\hat{\phi}_{fp}$	0,49	0,85 0,32	0,29	0,50 0,19
$\hat{\phi}_{gp}$	0,17	0,30 0,11	0,13	0,22 0,08
$\hat{\sigma}_e$	0,32	0,45 0,24	0,16	0,23 0,12
\hat{H}_p^2	35,01	62,40 0,00	44,48	67,88 0,00
<i>CVgp</i> (%)	13,81		26,78	
<i>bp</i>	0,43		0,52	
<i>DSp</i>	0,67		0,34	
<i>GSp</i> (%)	7,70		11,33	

¹SAG/GO = Santo Antônio de Goiás - Goiás; ²LS = limite superior; ³LI = limite inferior; $\hat{\phi}_{fg}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{gg}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{fp}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\phi}_{gp}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\sigma}_e$: variância residual; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; *bp*: índice *b* de progênies; *DSp*: diferencial de seleção de progênies; *GSp* (%): ganho com a seleção de progênies.

Apêndice P. Estimativas de componentes quadráticos médios e parâmetros genéticos para antracnose (AN).

Estimativas	PG/PR ¹ - 2023	LS ² -LI ³	SAG/GO ⁴ - 2023	LS ² -LI ³
$\hat{\phi}_{fg}$	1,42	2,36 0,95	0,47	0,78 0,31
$\hat{\phi}_{gg}$	1,16	1,93 0,77	0,28	0,47 0,19
$\hat{\phi}_{fp}$	0,69	1,18 0,45	0,52	0,89 0,34
$\hat{\phi}_{gp}$	0,43	0,73 0,28	0,33	0,57 0,22
$\hat{\sigma}_e$	0,26	0,43 0,17	0,19	0,26 0,14
\hat{H}_p^2	62,13	80,40 25,92	64,06	79,21 33,72
CV_{gp} (%)	65,37		43,01	
bp	1,38		0,70	
DSp	0,53		0,22	
GSp (%)	28,29		10,88	

¹ PG/PR = Ponta Grossa - Paraná; ² LS = limite superior; ³ LI = limite inferior; ⁴ SAG/GO = Santo Antônio de Goiás - Goiás; $\hat{\phi}_{fg}$: componente quadrático fenotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{gg}$: componente quadrático genotípico de genótipos; $\hat{\phi}_{fp}$: componente quadrático fenotípico de progênies; $\hat{\phi}_{gp}$: componente quadrático genotípico de progênies; $\hat{\sigma}_e$: variância residual; \hat{H}_p^2 : coeficiente de determinação de progênies; bp : índice b de progênies; DSp : diferencial de seleção de progênies; GSp (%): ganho com a seleção de progênies.