



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA/FITOTECNIA

RENATA FERNANDES DE MATOS

**POTENCIAL GENÉTICO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO-CAUPI PARA A
OBTENÇÃO DE GENÓTIPOS DE PORTE ERETO E CICLO PRECOCE**

FORTALEZA

2016

RENATA FERNANDES DE MATOS

**POTENCIAL GENÉTICO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO-CAUPI PARA A
OBTENÇÃO DE GENÓTIPOS DE PORTE ERETO E CICLO PRECOCE**

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do Título de Mestre em Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador: Prof. D.Sc. Júlio César do Vale Silva.

FORTALEZA

2016

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca de Ciências e Tecnologia

-
- M33p Matos, Renata Fernandes de.
Potencial genético de progênies de feijão-caupi para a obtenção de genótipos de porte ereto e ciclo precoce / Renata Fernandes de Matos. – 2016.
76 f. : il., color.
- Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, Fortaleza, 2016.
Área de concentração: Genética e Melhoramento
Orientação: Prof. Dr. Júlio César do Vale Silva.
1. Genética. 2. Feijão – Melhoramento genético. 3. Fitotecnia. I. Título.

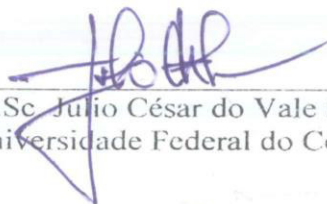
RENATA FERNANDES DE MATOS

**POTENCIAL GENÉTICO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO-CAUPI PARA À
OBTENÇÃO DE GENÓTIPOS DE PORTE ERETO E CICLO PRECOCE**

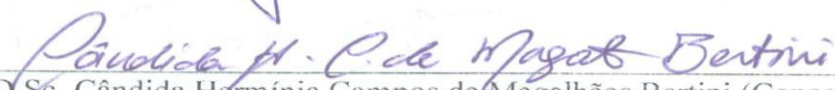
Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do Título de Mestre em Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Aprovada em 18/02/2016.

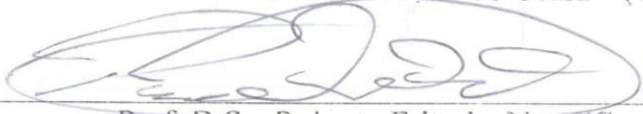
BANCA EXAMINADORA



Prof. D.Sc. Julio César do Vale Silva (Orientador)
Universidade Federal do Ceará – (UFC)



Profa. D.Sc. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini (Conselheira)
Universidade Federal do Ceará – (UFC)



Prof. D.Sc. Roberto Fritsche Neto (Conselheiro)
Universidade de São Paulo – (USP/ESALQ)

Aos meus pais, Francisco Gonçalves de Matos e Luíza Fernandes de Matos, por serem a razão e a essência do meu viver. Aos meus irmãos Ricardo, Roziane e Ronaldo. E a minha querida sobrinha Rayssa.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

À Deus por me permitir senti-lo todos os dias, e por fazer com que o dom da fortaleza esteja presente em minha vida.

À minha família, pelo amor, carinho e incentivo. E por serem a minha fonte maior de aprendizado.

Ao professor Júlio César do Vale Silva, pela orientação e por ser exemplo de dedicação. Agradeço por todos os conhecimentos transmitidos.

À professora Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini, por todo apoio na realização deste trabalho.

Ao professor Roberto Fritsche Neto, pelas contribuições nas análises estatísticas.

À Universidade Federal do Ceará, em especial ao Departamento de Agronomia/Fitotecnia, pela oportunidade de realização do curso. E ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudo.

Ao grupo de trabalho em melhoramento vegetal: Neto, Tamiris, Kadson, Leane, Marcelo, Ingrid e Fernanda. Por todo esforço e compromisso.

À todos que colaboraram na coleta dos dados nas diferentes etapas, em especial Kátia, Rayane, Linda Brena, Georgiane, Liliane e Artur.

À Thiago e Filipe por disponibilizarem a área para condução dos ensaios. Ao seu Luiz, pela amizade e por ser exemplo de motorista dedicado. E aos amigos da pós-graduação, pelos bons momentos juntos. Por poder reter algo bom de cada um.

À Ana Maria e Mariana, por todo o carinho recebido. E por terem me tratado como filha e irmã, estando presente todos os dias.

À Comunidade Católica Deus Jovem, por terem me acolhido e me permitido descobrir o dom da alegria em minha vida. Agradeço por poder fazer parte dessa história. E ao Grupo de Oração Ruah, pela amizade constante, que mesmo longe faz-se presente em minha vida.

RESUMO

Além de elevadas produtividades, os programas de melhoramento do feijão-caupi têm se baseado no desenvolvimento de cultivares que associem porte ereto e ciclo precoce. Isto porque além de minimizar os riscos de perdas, pelo fato das plantas passarem menos tempo em campo, facilita o processo de colheita, tanto manualmente como mecanicamente. Para tanto, geralmente são empregados métodos que envolvem hibridação para originar populações segregantes, estas, por sua vez, são conduzidas por várias gerações de endogamia. Esse processo é custoso e moroso e, identificar precocemente populações com potencial para extração de linhagens, pode reduzir consideravelmente os custos de um programa de melhoramento. Para isso, a metodologia **m + a**, que estima a concentração de alelos favoráveis em duas gerações consecutivas, é um bom indicador. *A posteriori*, cabe identificar os melhores genótipos dentro daquelas potenciais populações para compor os ensaios finais de linhagens, condicionando a obtenção de cultivares que atendam aos objetivos dos programas de melhoramento. Assim, objetivou-se no primeiro estudo (capítulo 1): (i) estimar os valores genotípicos (BLUPs) para caracteres de interesse agrônômico, e (ii) verificar o potencial do uso da metodologia **m + a** para a seleção precoce de linhagens. No segundo estudo (capítulo 2), objetivou-se verificar a existência de variabilidade genética na população e identificar linhagens promissoras para compor os ensaios finais. Para estimação do potencial genético das populações para extração precoce de linhagens foram avaliadas as gerações $F_{3,4}$ e $F_{3,5}$ de dez progênies. Estas foram avaliadas no delineamento em blocos casualizados com três repetições. Para identificação dos melhores indivíduos para compor EFL, utilizaram-se sementes provenientes de 119 genótipos oriundos de dez progênies $F_{3,4}$, e de duas testemunhas, Sempre Verde e BRS Tumucumaque. Utilizou-se para isso delineamento em látice quadrado 11 x 11 com duas repetições. Os ensaios dos dois estudos foram conduzidos no município de Marco-CE e avaliados os caracteres: número de dias para floração (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura de planta (ALT); comprimento de vagem (CPV); número de grãos por vagem (NGV); massa de 100 grãos (M_{100G}), e massa total (M_{TOT}). Foram identificados elevados valores de herdabilidade a nível de média e acurácia para a maioria dos caracteres, assim como baixos coeficientes de variação, com exceção para o caráter M_{TOT} . Valores genotípicos positivos e negativos evidenciaram o potencial das progênies para aumentar a expressão daqueles caracteres relacionados a produtividade e reduzir a expressão daqueles associados a porte e precocidade. A estimativa **m + a** mais

expressiva para ALT foi apresentada pela progênie obtida do cruzamento entre CE-796 e MNC03-737E-5-10. E para NDF e NDM pela progênie obtida do cruzamento entre CE-796 e CE-954. A estimativa $m + a$ foi viável para a identificação de populações com potencial para extração de linhagens na cultura do feijão-caupi. No segundo estudo, os genótipos 5, 7, 14, 15, 25, 27, 31, 42, 47, 57, 85 e 113 foram aqueles que demonstraram maior potencial genético para compor EFL.

Palavras-chave: Parâmetros genéticos. Porte de plantas. Precocidade. Produção.

ABSTRACT

In addition to high yield, the cowpea breeding programs have been based on the development of cultivars that erect associate and early cycle. This is because in addition to minimizing the risk of losses because the plants spend less time in the field, makes it easy to harvest, either manually or mechanically. For this purpose, are generally employed methods involving hybridization to give segregating populations, these, in turn, are driven by several generations of inbreeding. This process is costly and time consuming, and early identification of populations with potential for extraction lines, can greatly reduce the costs of a breeding program. For this, the methodology $m + a$, which estimates the concentration of favorable alleles in two consecutive generations, is a good indicator. Subsequently, it should identify the best genotypes within those potential people to compose the final testing lines, conditioning to obtain cultivars that meet the objectives of breeding programs. Thus, the aim of the first study (Chapter 1): (i) estimate the genotypic values (BLUPs) to agronomic important traits, and (ii) to investigate the potential use of the methodology $m + a$ for the early selection of lines. In the second study (Chapter 2), aimed to verify the existence of genetic variability in the population and identify promising lines to compose the final rehearsals. To estimate the genetic potential of populations for early extraction lines were evaluated generations $F_{3,4}$ and $F_{3,5}$ ten progenies. These were evaluated in a randomized block design with three replications. To identify the best individuals to compose EFL, we used seeds from 119 genotypes originated ten progenies $F_{3,4}$, and two witnesses, Sempre Verde and BRS Tumucumaque. It was used for this design in a 11 x 11 square lattice with two replications. The trials of the two studies were conducted in Marco-CE council and evaluated characters: number of days to flowering (NDF); number of days to maturity (NDM); plant height (ALT); pod length (CPV); number of seeds per pod (NGV); weight of 100 grains (M_{100G}), and total mass (M_{TOT}). We identified high heritability values in terms of average and accuracy for most of the characters, as well as low coefficients of variation, except for M_{TOT} character. Positive and negative genotypic values of the progenies showed the potential to increase the expression of those characters related to productivity and reduce the expression of those associated with size and precocity. The estimate $m + a$ more expressive for ALT was presented by the progeny obtained from the crossing of the EC-796 and MNC03-737E-5-10. And for NDF and NDM the progeny obtained from the crossing of the EC-796 and EC-954. The estimate the $m + a$ was viable for identification of populations with potential for extraction lines in cowpea culture. In the

second study, the genotypes 5, 7, 14, 15, 25, 27, 31, 42, 47, 57, 85 and 113 were those which showed greatest genetic potential for composing EFL.

Keywords: Genetic parameters. Plant size. Precocity. Production.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1-	(A) Início da floração. (B) Início da maturação. (C) Estágio de maturação. (D) Comprimento de vagens. (E) Número de grãos por vagens. (F) Massa de 100 grãos.....	44
-----------	---	----

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1. Estimativas dos valores de F calculado para o efeito de bloco, do teste de razão de verossimilhança (LRT) para o efeito de progênie, de herdabilidade a nível de média, acurácia, média e coeficiente de variação experimental (CV) para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}) avaliados em 10 progênies $F_{3:4}$ e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2014..... 48
- Tabela 2. Estimativas dos valores de F calculado para o efeito de bloco, do teste de razão de verossimilhança (LRT) para o efeito de progênie, de herdabilidade a nível de média, acurácia, média e coeficiente de variação experimental (CV) para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}) avaliados em 10 progênies $F_{3:5}$ e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015..... 49
- Tabela 3. *Best linear unbiased prediction* (BLUPs) para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV) e massa de 100 grãos (M_{100G}) de 10 progênies $F_{3:4}$ e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2014..... 52
- Tabela 4. *Best linear unbiased prediction* (BLUPs) para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV) e massa de 100 grãos (M_{100G}) de 10 progênies $F_{3:5}$ e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015..... 53
- Tabela 5. Estimativas m+a considerando apenas os BLUPs e os BLUPs mais o efeito fixo da média para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV) e

	massa de 100 grãos (M_{100G}) em 10 progênies avaliadas por duas gerações consecutivas ($F_{3:4}$ e $F_{3:5}$) e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2014 e 2015.....	55
Tabela 6.	Análises de deviance (ANADEVs) realizadas considerando os delineamentos em blocos casualizados e o látice quadrado para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}) avaliados em 119 genótipos derivados de progênies $F_{3:4}$ de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015.....	68
Tabela 7.	Valores genotípicos para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}), considerando os delineamentos em blocos casualizados e látice, preditos em 119 genótipos derivados de progênies $F_{3:4}$ e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015.....	71
Tabela 8.	Estimativas das variâncias genotípica e de blocos dentro de repetição, da herdabilidade à nível de médias, dos ganhos com a seleção em termos absoluto e em percentual e da acurácia do processo seletivo, considerando os delineamentos em blocos casualizados e látice, para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}) avaliados em 119 genótipos derivados de progênies $F_{3:4}$ de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015.....	74

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL	15
2	REVISÃO DE LITERATURA	18
2.1	Classificação botânica e centros de diversidade do feijão-caupi.....	18
2.2	Importância sócio-econômica.....	19
2.3	Características morfológicas, agronômicas e nutricionais do feijão-caupi.....	21
2.4	Melhoramento genético do feijão-caupi.....	22
2.4.1	<i>Histórico do melhoramento do feijão-caupi</i>	22
2.4.2	<i>Aspectos do melhoramento do feijão-caupi</i>	23
2.4.3	<i>Melhoramento visando precocidade e redução do porte</i>	24
2.5	Estimativa $m + a$	25
2.6	Modelos mistos- REML/BLUP.....	27
2.7	Importância dos parâmetros genéticos.....	28
2.8	O delineamento experimental látice.....	30
3	REFERÊNCIAS	31
4	CAPÍTULO I- ESTIMATIVA $m + a$ NA SELEÇÃO PRECOCE DE LINHAGENS DE PORTE ERETO E CICLO PRECOCE DE FEIJÃO-CAUPI	38
4.1	INTRODUÇÃO.....	40
4.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	41
4.2.1	<i>Material genético e obtenção das progênies $F_{3;4}$</i>	41
4.2.2	<i>Material genético e obtenção das progênies $F_{3;5}$</i>	42
4.2.3	<i>Mensuração dos caracteres</i>	43
4.2.4	<i>Análises genético-estatísticas</i>	45
4.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	47
4.3.1	<i>Parâmetros genéticos</i>	47
4.3.2	<i>Estimativas dos valores genotípicos</i>	51
4.3.3	<i>Estimativa da contribuição dos efeitos aditivos ($m+a$)</i>	53
4.4	CONCLUSÕES.....	57
4.5	REFERÊNCIAS.....	57

5	CAPÍTULO II-ACURÁCIA SELETIVA VIA REML/BLUP DE GENÓTIPOS PRECOSES E ERETOS DE FEIJÃO-CAUPI EM DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS DISTINTOS.....	59
5.1	INTRODUÇÃO.....	61
5.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	62
5.2.1	<i>Material genético e condução experimental.....</i>	62
5.2.2	<i>Mensuração dos caracteres.....</i>	63
5.2.3	<i>Análises genético-estatísticas.....</i>	64
5.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	67
5.3.1	<i>Análises de deviance.....</i>	67
5.3.2	<i>Valores genotípicos.....</i>	69
5.3.3	<i>Parâmetros genéticos.....</i>	74
5.4	CONCLUSÕES.....	75
5.5	REFERÊNCIAS.....	76
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	77

1. INTRODUÇÃO GERAL

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), é uma leguminosa herbácea, autógama, de ciclo curto. Está entre as Fabaceas mais importantes para alimentação humana, sendo consumida na forma de grãos verdes e secos, contando com um elevado teor protéico (BRITO *et al.*, 2009). É oriunda do continente africano, mas apresenta ampla distribuição mundial, principalmente nas regiões tropicais nas quais sua produção cobre parte da África, Ásia, Estados Unidos, Oriente Médio e Américas Central e do Sul (SINGH *et al.*, 2002).

No Brasil são produzidos e consumidos diversos tipos de grãos de feijão-caupi, os quais variam em tamanho, forma, cor e textura do tegumento. Seu cultivo se dá principalmente nas regiões Norte e Nordeste, onde apresenta elevada importância sócio-econômica, constituindo-se a principal fonte protéica de origem vegetal, o qual é responsável pela geração de emprego e renda para pequenos agricultores (ZILLI *et al.*, 2006; SILVA *et al.*, 2010). Sua exploração nessas regiões torna-se possível devido características de rusticidade, adaptação edafoclimática, alto potencial produtivo e ampla variabilidade genética, o que faz desta uma cultura versátil, podendo ser empregada pelos sistemas de produção tradicionais e modernos (MACHADO *et al.*, 2008).

Atualmente o cultivo do feijão-caupi tem se expandido para a região Centro-Oeste, principalmente para o estado de Mato Grosso, onde grandes produtores têm investido em sua exploração devido ao bom preço que o produto atinge no mercado externo e ao baixo custo de produção (OLIVEIRA, 2010). Contribuições são geradas para o incremento da produtividade média brasileira, em função, principalmente, do uso de tecnologias que propiciam a expressão do máximo potencial produtivo, em associação à adoção de cultivares melhoradas conduzidas sob sistema de forma mecanizado (FREIRE FILHO *et al.*, 2012).

A falta de tecnologias para o cultivo é uma das razões pela qual o feijão-caupi ainda apresenta produtividade muito aquém do seu potencial, que segundo Freire Filho *et al.* (2005), pode ser de 6.000 kg ha⁻¹. A produtividade varia muito entre as diferentes regiões do país, em virtude, principalmente, das variações climáticas (FREIRE FILHO *et al.*, 2011). Para Matos Filho *et al.* (2009) as causas dos baixos rendimentos estão relacionados a problemas edáficos e irregularidades nas chuvas ou suprimento inadequado de água no cultivo irrigado, em associação ao uso de cultivares com baixo potencial genético.

Estudos recentes em melhoramento genético avançam para a descoberta de novas cultivares, sobretudo, de porte ereto e mais precoces, as quais possibilitem colheita mecanizada, tratos culturais mais simples e redução da aplicação de defensivos (FREIRE FILHO *et al.*, 2011). Os programas de melhoramento da cultura tem buscado associar tais caracteres a altas produtividades e as exigências do mercado consumidor, os quais apresentam preferências quanto ao tamanho e coloração dos grãos (ANDRADE, 2010).

O porte ereto depende da expressão de alguns caracteres morfológicos, sendo o efeito ambiental um complicador para a expressão desse caráter, pois alta umidade, temperaturas elevadas e adubações nitrogenadas excessivas proporcionam maior desenvolvimento vegetativo, podendo alterar o porte em algumas cultivares (RAMALHO & ABREU, 2006; SILVA *et al.*, 2006). Entre os caracteres associados à precocidade, o número de dias da emergência ao florescimento tem sido o mais utilizado pelos pesquisadores (RIBEIRO *et al.*, 2004; SILVA *et al.*, 2007), que além de alta herdabilidade, apresenta correlação positiva e de elevada magnitude com a maturação fisiológica dos grãos (SANTOS & VENCOVSKY, 1985).

Para que sejam obtidos ganhos na cultura, devem ser realizadas hibridações utilizando genitores que já passaram por algum processo de melhoramento ou que apresentem constituição gênica superior (PASSOS, 2007; MATEI, 2010). O que condiciona a obtenção de populações segregantes que apresentam elevado potencial para extração de linhagens, devendo estas ser identificadas precocemente (ZIMMERMANN *et al.*, 1996). Entre as metodologias que auxiliam os melhoristas nesse processo, destaca-se a estimativa $m + a$, que corresponde a média predita das linhagens na geração S_{∞} . Proposto por Vencovsky (1987), esse método permite avaliar o potencial das populações em gerações precoces, facilitando a escolha das populações a serem utilizadas.

Após se obter as populações promissoras, faz-se necessário identificar os genótipos que apresentam os melhores desempenhos quanto aos caracteres adotados pelo programa de melhoramento. Tais genótipos devem ser selecionados para compor os ensaios finais de linhagens, garantindo que serão levados adiante indivíduos que contam com elevado potencial genético. O que aumentará as chances de se obter uma cultivar que apresente características superiores as já existentes no mercado.

Assim, objetivou-se no primeiro estudo (capítulo 1): (i) estimar os valores genotípicos para caracteres de interesse agrônomo e (ii) verificar o potencial do uso da metodologia m + a para a seleção precoce de linhagens. No segundo estudo (capítulo 2), objetivou-se verificar a existência de variabilidade genética na população e identificar linhagens promissoras para compor os ensaios finais.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Classificação botânica e centros de diversidade do feijão-caupi

O feijão-caupi é uma leguminosa que apresenta grande variação quanto a sua morfologia, hábito de crescimento, características adaptativas, tipos e qualidade de sementes, além de padrões de uso bastante diversificados (SINGH, 2011). Cultura classificada como Dicotyledonea, pertencente à ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolina, gênero *Vigna* e espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp. É uma das leguminosas mais bem adaptadas, versátil e nutritiva entre as espécies cultivadas, comporta-se como um importante alimento e componente fundamental dos sistemas de produção nas regiões secas dos trópicos (SINGH *et al.*, 2002).

São diversos os nomes atribuídos a esta cultura no Brasil, sendo conhecido na região Nordeste como feijão-de-corda, feijão-macassar, feijão-de-moita e feijão-caupi; na região Norte como feijão-da-colônia e feijão-de-praia; e na região Sul por feijão-miúdo. É denominado de feijão-catador e feijão-gurutuba em algumas regiões da Bahia e Norte de Minas Gerais, e feijão-fradinho no estado do Rio de Janeiro. No Paraguai é conhecido por Cumondá, nos EUA e Nigéria por Cowpea e em países latino americanos de língua espanhola por Parotro (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

Diversos países e regiões têm sido sugeridos como centros de diversidade dessa espécie, podendo ser citados Índia, Etiópia, Paquistão, Irã, Oeste, Sul e Centro da África, e América do Sul. O Oeste da África, mais precisamente a Nigéria é atualmente considerada como centro primário de diversidade da espécie, encontrando-se no continente africano 170 espécies catalogadas, das quais 66 são endêmicas, sendo sua origem confirmada pelo fato de não se ter registros da presença das formas selvagens da espécie em outros continentes (SINGH *et al.*, 2002).

A partir da África o feijão-caupi expandiu-se chegando à região da Índia durante o período Neolítico, região esta considerada seu segundo centro de domesticação. Sua chegada a Europa se deu por volta do século VIII a.C, chegando aos Estados Unidos, no início do século XVIII, por meio de escravos provenientes do sul europeu e do continente asiático (TIMKO *et al.*, 2007). Sua introdução na América Latina ocorreu no século XVI pelos

colonizadores espanhóis e portugueses, tendo chegado ao Brasil provavelmente pelo estado da Bahia, ocorrendo uma intensa disseminação para diversos estados do Nordeste e, posteriormente, para outras regiões do país (DIAS, 2008).

2.2 Importância sócio-econômica

Com o aporte tecnológico e grande adaptação às condições edafoclimáticas, o feijão-caupi passou da condição de cultura explorada apenas por pequenos produtores, para uma intensa exploração por médios e grandes produtores das regiões Nordeste, Norte e Centro-Oeste do país. O feijão-caupi é considerado uma fonte geradora de emprego e renda, seus grãos fazem parte da dieta alimentar de populações nas zonas urbanas e principalmente rurais. Destaca-se por apresentar propriedades nutricionais superiores à do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) e baixo custo de produção, sendo, portanto, uma das principais culturas de subsistência (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

O curto ciclo e a tolerância ao estresse hídrico fazem com que o feijão-caupi apresente relevância na composição de renda da população da região Nordeste, o que se dá em virtude do menor investimento no cultivo e da ocupação de mão-de-obra em períodos sazonais (FREIRE FILHO *et al.*, 2007; ROCHA, 2009). O mercado apresenta preços atrativos para o produtor e boas perspectivas de expansão do consumo e do processamento industrial (ANDRADE *et al.*, 2010; ROCHA, 2009). Sua comercialização se dá sob a forma de vagens, grãos verdes e secos, sendo consumido na fase de plena maturação dos grãos, assim como na fase anterior, quando o produto é denominado “feijão-verde”, de grande apreciação no mercado nordestino (RIBEIRO *et al.*, 2010).

O feijão-caupi vem apresentando no Brasil um aumento progressivo na produção desde a época de 60. Na última década passou a contar com um elevado crescimento em comparação a outras leguminosas (SINGH, 2011). Apesar do mercado da cultura ainda ser praticamente restrito ao país produtor, evidencia-se que o feijão-caupi possui uma excelente perspectiva de mercado internacional. O que se dá em virtude do tamanho da área cultivada, volume de produção e ao número de países que o consome (FREIRE FILHO *et al.*, 2011).

A Nigéria, o Niger e o Brasil são os países que apresentam as maiores áreas cultivadas e produções mundiais, podendo o feijão-caupi ser encontrado em cultivo em mais de 100 países (REPUBLIC OF SOUTH AFRICA, 2011). Como países exportadores destacam-se Estados Unidos, Peru, Brasil, Níger, Mali, Burkina Faso, Benin, Chade, Camarões, Mianmar e Tailândia. Em 2006 foram realizadas as primeiras exportações brasileiras, sendo estas da cultivar BRS Guariba de grão branco e hilo marrom (FEIJÃO, 2013). Como importadores destacam-se Estados Unidos, Canadá, Portugal, Espanha, Grécia, Reino Unido, Bélgica, Argélia, Egito, Nigéria, Gana, Costa do Marfim, Togo, Gabão, Emirados Árabes Unidos, Israel, Índia e Turquia (FREIRE FILHO *et al.*, 2011).

Diversos estados brasileiros fazem o cultivo do feijão-caupi, destacando-se na Região Nordeste: Ceará, Bahia, Piauí, Pernambuco, Paraíba, Rio Grande do Norte e Maranhão. Na Região Norte: Amapá, Pará, Rondônia e Roraima. Os estados do Ceará, Bahia e Piauí são responsáveis por 90% da produção anual. O maior volume da oferta do produto está vinculado ao período da estação chuvosa, ocorrendo na estação seca escassez no mercado regional, o que contribui para uma oscilação nos preços (FREITAS, 2011).

Nas regiões Norte e Nordeste a maior parte da produção é feita por agricultores familiares, enquanto que na região Centro-Oeste, médios e grandes empresários são os principais responsáveis pelo cultivo (FREIRE FILHO *et al.*, 2011). No Nordeste a exploração se concentra em duas épocas, sendo a primeira no início da estação chuvosa que responde por cerca de 71% da produção média anual, e a segunda, no final da estação chuvosa (FREIRE FILHO *et al.*, 2007).

Em 2015, o Brasil exportou 58.226 toneladas de feijão-caupi, num total de US\$ 36,6 milhões, contribuindo a cultura com 35,6% da área plantada e 15% da produção total de feijão no país. Tal fato demonstra que investimentos tem sido feitos no cultivo desta leguminosa no país, a qual apresenta grande potencial para geração de renda, não só para grandes produtores, os quais se destacam nas exportações, mas também para produtores de pequeno porte (IBGE, 2016).

2.3 Características morfológicas, agronômicas e nutricionais do feijão-caupi

O feijão-caupi destaca-se como uma das leguminosas de maior adaptação edafoclimática e ampla distribuição mundial. Planta herbácea, anual, é caracterizada como autógama, favorecida pelo mecanismo da cleistogamia. Contudo, pode apresentar taxa de cruzamento natural que varia de 1 a 5%, conforme a cultivar e condições ambientais (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

Sua inflorescência consiste em um racemo modificado, com eixo central contendo de seis a oito pares de gemas florais. As flores são completas, com ovário estreito e alongado e óvulos distribuídos em linha. Os órgãos são protegidos por pétalas, presentes em número de cinco, sendo estas o estandarte (formado por duas pétalas fundidas), asas (duas pétalas livres) e quilha (TÉOFILO; MAMEDE; SOMBRA, 1999). Apresentam coloração que varia de branco a violeta escuro (ROCHA *et al.*, 2001).

O primeiro par de folhas na forma séssil, dispostas de maneira simples e opostas, varia em forma e tamanho. As folhas secundárias são trifoliadas e longo-pecioladas, as quais apresentam folíolo terminal geralmente comprido e de maior área que os folíolos laterais (FREIRE FILHO, 2005). O fruto é uma vagem que varia em tamanho e forma, contendo no seu interior sementes dispostas em fileiras (MAFRA, 1979). O sistema radicular é do tipo axial, com raízes superficiais, podendo algumas atingir profundidades de até dois metros, contando com a presença de nódulos eficientes na fixação de nitrogênio (ROCHA, 2009).

Apresenta portes do tipo ereto, semiereto, semiprostado e prostado, com número de nós e ramificações variáveis, sendo o tipo de porte influenciado pelo genótipo, fotoperíodo e condições de crescimento da planta. O hábito de crescimento pode ser classificado como determinado, quando ocorre a paralisação do crescimento da planta após a emissão da inflorescência na extremidade da haste principal e, do tipo indeterminado, quando há uma continuação do crescimento do ramo principal até o final do ciclo (FREIRE FILHO, 2005).

O feijão-caupi se adapta bem a todos os tipos de solos, tendo preferência por latossolos amarelos, latossolos vermelho-amarelos, argissolos vermelho-amarelos e neossolos flúvicos, alcançando bons rendimentos em solos com pH em torno de 6,0, devendo ser estes profundos e apresentar elevados teores de matéria orgânica. Desenvolve-se em ampla faixa geográfica, deste a latitude 40° N até 30° S, adaptando-se a terras altas e baixas (FREIRE

FILHO *et al.*, 2005). A temperatura adequada para o desenvolvimento da cultura situa-se entre 18 °C e 34 °C. Sofre grande influência de temperaturas elevadas principalmente durante o período de floração, podendo ter o crescimento paralisado em períodos de baixas temperaturas (VALADARES *et al.*, 2010).

Os grãos de feijão-caupi são uma importante fonte de calorias, podendo ser encontradas cultivares que apresentam teores médios de proteína de 24,1%, teor de ferro de 61,3 mg kg⁻¹ e teor de zinco de 44,7 mg kg⁻¹. São encontrados elevados teores de carboidratos e baixos teores de lipídios, além de quantidades razoáveis de tiamina, ácido ascórbico e minerais como cálcio e ferro, estando presentes também substâncias antioxidantes, como os compostos fenólicos (SHAHIDI, 2007). Esta cultura representa uma importante fonte de proteínas e aminoácidos para populações carentes de países como a África e a Ásia (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

2.4 Melhoramento genético do feijão-caupi

2.4.1 Histórico do melhoramento do feijão-caupi

Desde a introdução do feijão-caupi no Brasil, em meados do século XVI, começou a ser feito o melhoramento genético da cultura, por meio de agricultores que selecionavam os tipos mais produtivos, com aparência, sabor e outros caracteres de interesse, atendendo os requisitos de plantio e consumo. O melhoramento do feijão-caupi no Brasil pode ser dividido em quatro fases. A primeira foi iniciada em 1925, por meio da avaliação de 12 genótipos (LOBBE, 1925). Nesse período as pesquisas foram realizadas de forma isolada e os resultados foram de baixo impacto.

A segunda fase teve início em 1963, quando foi criada junto ao Departamento Nacional de Pesquisa e Experimentação Agropecuárias (DNPEA) a Comissão Brasileira de Feijão – CBF, promovendo articulação de forma mais participativa das ações de pesquisa com a cultura. Iniciou a integração entre institutos de pesquisa e universidades, ocorrendo as primeiras coletas, caracterizações e avaliações de germoplasma. A terceira fase se iniciou em 1973, entrando a Embrapa no sistema de pesquisa, a qual absorveu as funções do DNPEA e

estruturou a rede nacional de pesquisa do feijão-caupi sob a liderança da Embrapa Arroz e Feijão (WATT, 1978).

A quarta fase iniciou em 1991, quando a coordenação do Programa Nacional de Feijão-caupi passou a ser comandada pela Embrapa Meio-Norte, estando até o presente. Ocorreu a ampliação da rede de melhoramento, incluindo todos os estados da região Norte e Nordeste, os estados de Mato Grosso e Mato Grosso do Sul na região Centro-Oeste e os estados de Minas Gérias e São Paulo na Região Sudeste. Pesquisas foram realizadas com diferentes objetivos, o que resultou no lançamento de 71 cultivares de feijão-caupi no Brasil no período de 1968 a 2010 (FREIRE FILHO *et al.*, 2011).

2.4.2 Aspectos do melhoramento do feijão-caupi

Os programas de melhoramento do feijão-caupi, em geral, são iniciados com a escolha dos genitores para realização de cruzamentos e formação da população-base (FREIRE FILHO *et al.*, 2011). Os genitores devem ser portadores de alelos efetivos para possibilitar a obtenção de populações segregantes com ampla viabilidade genética e aumentar com isso as chances de obtenção de linhagens superiores para os caracteres de interesse. Na sequência, deve ocorrer o avanço das gerações para recuperação da característica da homozigosidade, fundamental para a fixação dos locos gênicos (BORÉM & MIRANDA, 2013).

O feijão-caupi possui ampla variabilidade genética para os caracteres de interesse agrônômico, o que contribuiu para inúmeros estudos genéticos e progressos no melhoramento (FREIRE FILHO *et al.*, 2009). Contudo, apesar das contribuições recentes em diversas áreas relacionadas aos estresses bióticos e abióticos, percebe-se que o potencial genético do feijão-caupi ainda é pouco explorado. Isso ocorre devido principalmente aos baixos investimentos e grande adoção de cultivares tradicionais (BASHIR HAMPTON, 1996; IUCHI *et al.*, 2000).

Devido à expansão da cultura, produtores que apresentam um novo perfil têm sido incorporados ao sistema produtivo, o que aliado ao novo mercado consumidor, tem feito surgir demandas diferenciadas e provocado uma ampliação nos objetivos do melhoramento genético. Atualmente grande ênfase tem sido dada a arquitetura da planta, buscando

desenvolver cultivares adequadas à agricultura familiar e ao cultivo totalmente mecanizado. Busca-se também aumentar a produtividade, resistência a pragas e doenças, elevar os teores de proteína, ferro, zinco e fibra alimentar digestível dos grãos e melhorar sua qualidade visual e culinária (FREIRE FILHO *et al.*, 2009).

2.4.3 Melhoria visando precocidade e redução do porte

A precocidade é um importante caráter agrônômico, o qual está associado ao tempo decorrido entre a semeadura e o aparecimento das primeiras flores na planta. Em culturas anuais, como o feijão-caupi, destaca-se como um importante caráter na adaptação de uma cultivar a uma determinada zona agrícola, uma vez que é influenciada por fatores como fotoperíodo, qualidade e quantidade de luz e estresses como deficiência de nutrientes e seca (SILVA *et al.*, 2007).

A obtenção de cultivares extraprecoces é de fundamental importância, principalmente para as áreas produtivas da região Nordeste, tendo em vista que a redução do ciclo promove um melhor aproveitamento do período chuvoso, principalmente nas áreas que apresentam estação chuvosa curta (ADEYANJU & ISHIYAKU, 2007). A adoção de cultivares de ciclo curto promove também a minimização dos custos por meio da redução no consumo de água e de energia para irrigação e menores gastos com mão de obra e insumos. Ademais, vale salientar que quanto menor o tempo em que a cultura permanece no campo, menores são os riscos de ataques de pragas e doenças, que podem vir a danificar os grãos (PEIXOTO *et al.*, 2002).

Algumas classificações são propostas para a precocidade do feijão-caupi, podendo este apresentar ciclo extraprecece, quando a maturidade é alcançada até 60 dias após a semeadura; ciclo precoce, em que a maturidade se dá entre 61 e 70 dias após a semeadura; ciclo médio-precoce, com maturidade entre 71 e 80 dias após a semeadura; ciclo médio-tardio no qual a maturidade é alcançada entre 81 e 90 dias após a semeadura e ciclo tardio, que apresenta maturidade acima de 91 dias após a semeadura (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

A cultura apresenta um contraste entre precocidade e produtividade, sendo geralmente observado que genótipos precoces apresentam baixa produtividade (FREIRE FILHO *et al.*, 2008). Neste sentido, o desenvolvimento de cultivares que apresentam ciclo curto e razoáveis

produtividades contribuiu na última década para o aumento de cerca de seis vezes na produção mundial (FREIRE FILHO *et al.*, 2012).

O porte da planta de feijão-caupi é resultante da interação de vários caracteres, entre os quais se encontram o hábito de crescimento, comprimentos do hipocótilo, epicótilo, entrenós, ramos principal e secundário e pedúnculo, disposição dos ramos laterais em relação ao ramo principal, disposição dos pedúnculos em relação à copa da planta e consistência dos ramos (FREIRE FILHO, 2005).

O desenvolvimento de cultivares de porte ereto possibilita a mecanização em todas as etapas de cultivo. Produtores do Centro-Oeste têm aproveitado máquinas destinadas à colheita da soja no cultivo do feijão-caupi. Assim, quando o porte é ereto, há maior facilidade na aplicação dos tratos culturais e, com isso, observa-se redução na incidência de doenças devido à maior aeração e maior incidência de luz, proporcionando também um aumento na produção de fotoassimilados (MACHADO *et al.*, 2008).

2.5 Estimativa $m + a$

A estimativa $m + a$, proposta por Vencovsky (1987), é aplicada na avaliação do potencial de populações segregantes, com o intuito de identificar populações com potencial genético superior. O valor de m representa a média fenotípica de todas as linhagens na geração F_{∞} , e a corresponde ao somatório dos efeitos dos locos fixados nos genitores. Essa estimativa avalia o potencial da população em relação aos locos que estão fixados, ou seja, que estão em homozigose. Assim, uma população com maior estimativa $m + a$ possui em relação à outra, maior ocorrência de locos com alelos favoráveis.

Esse estimador é muito usado para inferir acerca do potencial genético de uma população em equilíbrio. Assim, o sucesso na extração de linhagens de uma dada população dependerá da contribuição dos locos em homozigose e não da média da população “*per se*” (VENCOVSKY, 1987). Torna-se possível também comparar estimativas $m + a$ de diferentes populações e classificá-las com relação à frequência média dos alelos favoráveis. De forma que, quanto maior o valor de $m + a$, mais facilmente serão extraídas linhagens de elevado potencial genético, em virtude da maior frequência dos alelos favoráveis.

O princípio deste método está no fato de que a média da geração F_1 , proveniente de um cruzamento simples é $m + a + d$; a da F_2 é $m + a + 1/2d$; e a da F_3 , $m + a + 1/4d$, considerando portanto a soma algébrica dos locos fixados com alelos favoráveis ou desfavoráveis nos dois genitores, e a soma algébrica dos efeitos dos locos em heterozigose. Dessa forma, $m + a$ pode ser estimado pela expressão $2F_2 - F_1$ ou $2F_3 - F_2$. Na geração F_∞ , quando a homozigose completa for atingida, a média das linhagens será $m + a$, os efeitos dos homozigotos se anulam, pois, nos locos que estão segregando, fazendo com que a média das n linhagens possíveis dependa apenas dos locos que estão fixados nos genitores (BORÉM & MIRANDA, 2013).

Bison *et al.* (2003) avaliaram as populações segregantes dos híbridos simples de milho AG9012 e o C333, com o intuito de identificar qual a população promissora para extração de linhagens com padrão comercial superior. Foi constatado que ambas populações apresentaram praticamente a mesma estimativa $m + a$, para a qual foi obtido um elevado valor. Os autores concluíram que a média das n famílias oriundas das duas populações na geração F_∞ foi semelhante, e que as populações são promissoras para extração de linhagens.

Sousa Sobrinho (2001) aplicou a estimativa $m + a$ na avaliação de 127 populações F_2 de milho, para identificação de populações promissoras a extração de linhagens com elevada produção. Os resultados indicaram que tais populações contavam com ampla variação para extração de linhagens superiores, sendo obtido estimativa média de $m + a$ de 29,6%, variando os valores de 2,2% a 79,3%.

Nos trabalhos desenvolvidos por Viana (2007), foram avaliados dez híbridos simples de milho para identificação de populações com elevada produtividade de grãos. Constatou-se que para esses, a estimativa $m + a$ representou 30,63% da média da geração F_1 . Sendo encontrado valores variando de 5,6% a 50,7%, indicando que em média o desempenho das linhagens parentais foi responsável por 30,63% da produtividade dos híbridos. E que os híbridos A2555 e AG7000 continham o maior potencial para extração de linhagens com produtividade de grãos elevada.

Trabalhos relacionados a aplicação da metodologia $m + a$ em plantas autógamas não foram encontrados. Porém, fica evidente que essa estimativa é viável para o sucesso dos programas de melhoramento, garantindo que as populações que serão utilizadas nas etapas

seguintes apresentem potencial suficiente para atender aos objetivos propostos por este. Promovendo, além da obtenção de linhagens superiores, um lançamento mais rápido das cultivares, gerando dessa forma economia de tempo e recursos.

2.6 Modelos mistos – REML/BLUP

A predição de valores genéticos e os métodos de seleção dependem, essencialmente, de estimativas de componentes de variância, os quais podem ser estimados pelo método dos quadrados mínimos, tais como os procedimentos de análise de variância (ANOVA). Estes procedimentos se reduzem à usual análise de variância quando os dados são balanceados, sendo os efeitos do modelo testados via teste F. Porém, para uso da seleção genética em dados desbalanceados e com efeitos de natureza distinta, as estimativas fornecidas não são exatas e se mostram tendenciosas perante o erro (HENDERSON, 1953).

A metodologia REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction*) permite gerar estimativas não tendenciosas de parâmetros pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e pela predição dos valores genéticos e genotípicos (BLUP). Conduzindo à maximização do ganho genético por avaliar e ordenar os indivíduos candidatos à seleção com precisão, e por gerar estimativas não tendenciosas dos parâmetros (HAYES; HILL, 1980). Isto faz da avaliação genética pelos modelos mistos, um instrumento mais eficaz que o da avaliação partindo de estimativas pelo método dos mínimos quadrados (RESENDE, 2002).

Além da possibilidade de uso com dados desbalanceados, apresenta como vantagens: uso da covariância genética entre as observações e ponderação dos genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações; utilização simultânea de um grande número de informações provenientes de diferentes gerações e locais gerando dados precisos; não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, os quais não precisam estar associados a delineamentos; permite a estimação da acurácia seletiva e do intervalo de confiança do valor genético predito para cada indivíduo; corrige os dados para os efeitos ambientais; prediz de maneira precisa e não viesada os valores genéticos, conduzindo a maximização dos ganhos com a seleção e permite a inserção de informações de parentesco (RESENDE & ROSA-PEREZ, 2001).

Na análise de modelos mistos o teste de significância é feito pela razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT), o qual gera uma tabela denominada de análise de deviance (ANADEV), sendo expressos valores que representam a qualidade do ajuste entre os dados observados e os gerados pelo modelo (RESENDE, 2007).

O uso de técnicas de avaliação genética com base no modelo REML/BLUP é fundamental para a predição de valores genotípicos, os quais são variáveis não observáveis de natureza aleatória que devem ser preditas pelo melhorista a partir de valores fenotípicos. De forma geral, os valores genéticos preditos não são iguais aos reais valores genéticos dos indivíduos. Neste sentido, a proximidade entre esses valores pode ser avaliada pela acurácia, a qual se refere à correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros, em que, quanto maior for a exatidão na avaliação, maior será a acurácia do valor genético (VAN VLECK, 1987).

A metodologia REML/BLUP está relacionada frequentemente à plantas perenes, sendo utilizada principalmente em frutíferas e florestais como açazeiro (NETO *et al.*, 2007), cacauzeiro (RESENDE, 2000), eucalipto (GARCIA; NOGUEIRA, 2005) e pinus (RESENDE *et al.*, 1996). Ultimamente tem sido empregada também em plantas de ciclo semi-perenes como cana-de-açúcar (SILVA, 2009) e até mesmo em culturas anuais como arroz (BORGES *et al.*, 2009), feijão (COIMBRA *et al.*, 2008) e milho (IEMMA, 2003), o que tem se mostrado bastante eficaz na obtenção de ganhos genéticos. Todavia, para o feijão-caupi, não foram identificados trabalhos dessa natureza usando essa metodologia.

2.7 Importância dos parâmetros genéticos

A estimativa de parâmetros genéticos tem grande importância em programas de melhoramento, pois possibilita a tomada de decisões relacionadas à escolha do método a ser empregado na seleção. Permite identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada. Desta forma, assume posição crucial na predição de valores genéticos e, portanto, na seleção propriamente dita (RESENDE, 2001).

Para obtenção de êxito nos programas de melhoramento é importante se conhecer o quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genotípica, obtida pelo coeficiente de herdabilidade (h^2) (FALCONER; MACKAY, 1996). Este coeficiente pode variar de zero a um. Quando $h^2 = 1$, tem-se que as diferenças fenotípicas observadas entre os indivíduos são causadas exclusivamente por diferenças genéticas entre os mesmos. Valores de $h^2 = 0$ expressam que a variabilidade do caráter não tem origem genética, não existindo correlação entre valor genético e fenotípico da unidade de seleção (ALLARD, 1971). Valores de herdabilidade maiores que 0,5 são considerados altos, valores compreendidos entre 0,2 e 0,5 são tidos como médios e valores menores que 0,2 são considerados baixos (STANSFIELD, 1974). Portanto, é um dos principais parâmetros genéticos e muitas decisões práticas são tomadas em função de sua magnitude, como a predição do ganho com a seleção antes da sua realização, servindo de subsídio para a definição da estratégia de seleção (FEHR, 1987; RAMALHO *et al.*, 1993).

O coeficiente de variação (CV) é uma ferramenta útil para se especificar com eficiência e exatidão os resultados experimentais de forma que, quanto menor for este, mais homogêneos se encontram os dados, sofrendo menor interferência ambiental. Gomes (1985) considera os coeficientes de variação como baixos quando são inferiores a 10%, médios quando estão entre 10% e 20%, altos, quando estão entre 20% e 30% e muito altos quando são superiores a 30%. Podendo-se com a obtenção de baixos valores para coeficiente de variação se ter alta confiabilidade nas estimativas, estando os dados o mais próximo do real.

A acurácia é um parâmetro utilizado para avaliação da qualidade experimental, demonstrando a eficácia da inferência acerca dos valores genotípicos (BORGES *et al.*, 2009). Está diretamente relacionada a herdabilidade, de forma que para herdabilidades altas a seleção pelo fenótipo possibilita a identificação acurada de valores genéticos desejáveis. A acurácia refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros, em que quanto maior a exatidão na avaliação, maior é a acurácia do valor genético predito. Está diretamente ligada ao ganho genético, quanto maior seu valor, maior será a precisão na seleção, sendo o principal elemento que o melhorista pode alterar visando o progresso genético (RESENDE, 2002).

A variância genética é um dos componentes de suma importância entre os parâmetros genéticos, tida como a principal causa da semelhança entre parentes, é o principal indicador das propriedades genéticas observadas em uma população (FALCONER, 1981). Este parâmetro serve para quantificar e maximizar os ganhos genéticos e é utilizado para comprovar a existência de variabilidade genética nas populações, possibilitando assim, a utilização de procedimentos adequados de seleção (COSTA *et al.*, 2008; CRUZ & CARNEIRO, 2006).

Assim, a estimação de parâmetros genéticos mostra-se indispensável para obtenção de ganhos nos caracteres que se deseja avaliar. Isto leva o melhorista a fazer inferências corretas acerca do potencial genético da população em estudo, e com isso, tomar decisões adequadas que condicionem o progresso genético desta.

2.8 O delineamento experimental látice

Algumas etapas do melhoramento genético necessitam da avaliação de um elevado número de genótipos (HINKELMAN & KEMPTHORNE, 2005), o que reduz a chance de obtenção de blocos homogêneos quando estes são levados a campo, podendo a eficiência do controle local tornar-se muito reduzida. Faz-se necessário então a utilização de um delineamento experimental mais sofisticado, que permita variadas formas de análises dos dados e busque uma maior exploração das informações disponíveis (GOMES, 1985).

O látice é um delineamento em blocos incompletos, com desbalanceamento planejado e que permite diferentes tipos de análises, destacando-se a análise intrablocos e a análise com recuperação de informação interblocos (COCHRAN; COX, 1957). Ensaios em látice são bastante utilizados no melhoramento de plantas para comparação de cultivares, análise dialélica e teste envolvendo grande número de progênies especialmente durante a condução de populações segregantes (BUENO FILHO; VENCOVSKY, 2000).

A eficiência do látice é uma medida que está associada à capacidade do delineamento em propiciar condições para a discriminação das médias dos tratamentos em teste. Para que a eficiência do látice seja elevada é necessário que haja um grande efeito dos blocos. No caso de áreas experimentais uniformes, o látice pode ter eficiência da ordem de 100% e seria equivalente a um ensaio em blocos completos casualizados (RAMALHO *et al.*, 2012).

REFERÊNCIAS

- ADEYANJU, A. O.; ISHIYAKU, M. F. Genetic study of earliness in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) under screen house condition. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**. v. 1, p. 34-37, 2007.
- ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.
- ANDRADE, D. F.; OGLIARI, P. J. **Estatística para as ciências agrárias e biológicas: com noções de experimentação**. 2. ed. rev. e ampl. Florianópolis: Ed. da UFSC, 2010. 470p.
- ANDRADE, F. N. **Avaliação e seleção de linhagens de tegumento e cotilédones verdes para o mercado de feijão-caupi verde**. Teresina, 2010.109p. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Federal do Piauí.
- ANDRADE, F. N.; ROCHA, M. de M.; GOMES, R. L. F.; FREIRE FILHO, F. R.; RAMOS, S. R. R. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi avaliados para feijão fresco. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, p. 253-258. 2010.
- BASHIR & HAMPTON. Sources of genetic resistance in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) to cowpea aphid-borne mosaic potyvirus. **European Journal of Plant Pathology** 102: p. 411-419. 1996.
- BISON, O.; RAMALHO, M. A. P.; RAPOSO, S. V. Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens. **Ciência e Agrotecnologia**. v. 27, p. 348-355. 2003.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6ª ed. Editora UFV. Viçosa, MG, 2013. 523p.
- BORGES, V.; SOARES, A. A.; RESENDE, M. D. V.; REIS, M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**. v. 27, p. 478-490, 2009.
- BRITO, M. M. P.; MURAOKA, T.; SILVA, E. C. Marcha de absorção do Nitrogênio do solo, do fertilizante e da fixação simbiótica em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) WALP) e feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) determinada com o uso de ¹⁵N. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 3, p. 895–905. 2009.
- BUENO FILHO, J. S. S.; VENCOSKY, R. Alternativas de análise de ensaios em látice no melhoramento vegetal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 259-269, 2000.
- CECON, P. R. **Alternativas de análise de experimentos em látice e aplicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba, 1992, p. 109. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica)- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

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

COIMBRA, J. L. M.; BARILI, L. D.; VALE, N. M.; GUIDOLIN, A. F.; ROCHA, F.; TOALDO, D. **Seleção para caracteres adaptativos em acessos de feijão usando REML/BLUP**. *Magistra*. p. 177-185, 2008.

COSTA, R. B. et al. **Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira**. *Bragantia*, Campinas, v. 67, p. 299-305, jul. 2008.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. S. C. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 586p.

DIAS, C. de C. **Paiuhy**: das origens a nova capital. Teresina: Nova Expressão, 2008. p. 324-333.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. M. A. SILVA, J. C. SILVA. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1981. 279p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. New York: Longman, 1996. 464p.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. 536p.

FEIJÃO: SEGUNDO A CONAB, EXPORTAÇÃO DO CAUPI BATE RECORDE E CHEGA A 50.000 TONELADAS. **Notícias Agrícolas**. 04.10.2013. Disponível em: <http://www.noticiasagricolas.com.br/analises/feijao-correpar/129480-feijao-segundo-a-conab-exportacao-do-caupi-bate-recorde-e-chegou-a-50000-t.html#.UpAINsSfjqs>. Acesso em 22 de novembro de 2015.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARRETO, P. D.; SANTO, A. A. dos. **Feijão-caupi: Avanços tecnológicos**. In: Freire Filho, F. R.; Ribeiro, V. Q.; Lima, J. A. A. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, p. 29-92, 2005.

FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; RIBEIRO, V. Q.; RAMOS, S. R. R.; MACHADO, C. de F. Novo gene produzindo cotiledone verde em feijao-caupi. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 38, p. 286-290, 2007.

FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; RIBEIRO, V. Q.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; NOGUEIRA, M. S. R. **Melhoramento genético e potencialidades do feijão-caupi no Brasil**. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 2., 2009, Belém, PA. Da agricultura de subsistência ao agronegócio: Anais... Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, p. 120-135. 2009.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. de M.; SILVA, K. J. D.; NOGUEIRA, M. do S. da R.; RODRIGUES, E. V. **Feijão-caupi: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 2011. 81p.

- FREITAS, A. C. R. **A importância econômica do feijão-caupi**. Cnptia, EMBRAPA. 2011.
- GARCIA, C. H.; NOGUEIRA, M. C. S. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**. v. 68, p. 107-112. 2005.
- GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. São Paulo: Nobel, 1985. 467p.
- HAYES, J. F.; HILL, W. G. A reparameterization of a genetic selection index to locate its sampling properties. **Biometrics**, Washington, v. 36, p. 237-248, 1980.
- HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, v.9, p. 226-252, 1953.
- HINKELMAN, K.; KEMPTHORNE, O. **Design and analysis of experiments**. New Jersey: J. Willey, 2005. 780p.
- IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Banco de dados**. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 03 de jan de 2016.
- IEMMA, M. **Uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) em análises dialélicas e predição de híbridos**. São Paulo: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2003. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).
- IUCHI, S.; KOBAYASHI, M.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. A Stress-inducible Gene for 9-cis-Epoxycarotenoid Dioxygenase Involved in Abscisic Acid Biosynthesis under Water Stress in Drought-Tolerant Cowpea. **Planta Physiology**. p. 553-562. 2000.
- LOBBE, H. **Estudo sobre doze variedades de caupi**. Rio de Janeiro: Ministério da Agricultura, Indústria e Comércio, 1925. 10p.
- MACHADO, C. F.; TEXEIRA, N. J. P.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; GOMES, R. L. F. Identificação de genótipos de feijão-caupi quanto à precocidade, arquitetura da planta e produtividade de grãos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 39, p. 114-123, 2008.
- MAFRA, R. C. **Contribuição do estudo do feijão-macassar: fisiologia, ecologia e tecnologia de produção**. In: CURSO DE TREINAMENTO PARA PESQUISADORES DE FEIJÃO-CAUPI. Goiânia. Anais... Goiânia: EMBRAPA-CNPAF/IITA. p. 1-39. 1979.
- MARCOS FILHO, J.; NOVEMBRE, A. D. C. Avaliação do potencial fisiológico de sementes de hortaliças. In: NASCIMENTO, W. M. (Ed.). **Tecnologia de sementes de hortaliças**. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças. p. 185-246. 2009.
- MARQUES JÚNIOR, O. **Eficiência de experimentos com a cultura do feijão**. Lavras: UFLA, p. 80. 1997.

MATEI, G. **Implicações da capacidade de combinação e da distância genética na seleção de genitores de trigo (*Triticum aestivum* L.)**. Pato Branco, 2010. 81p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Tecnológica Federal do Paraná.

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, v.39, 2009.

NETO, J. T. F.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, M. S. P.; SANTOS, N. S. A.; CANUTO, E. L.; NOGUEIRA, O. L.; MULLER, A. A. Avaliação genética de progênies de polinização aberta de açaí (*Euterpe oleracea*) e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Cerne**. p. 376-383. 2007.

OLIVEIRA, S. de. Novo grão no cerrado. **Revista Globo Rural**, São Paulo, SP, ano 26, p. 46-49. 2010.

PASSOS, A. R. Divergência genética em feijão-caupi. **Bragantia**, v. 66, p. 579-586, 2007.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p. 545-554, 1971.

PEIXOTO, N.; BRAZ, L. T.; BANZATTO, D. A.; MORAES, E. A.; MOREIRA, F. M. Características agronômicas, produtividade, qualidade de vagens e divergência genética em feijão-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v. 20, p. 447-451, 2002.

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

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

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão**. 2.ed. Viçosa: UFV, p. 415-436. 2006.

RAMALHO, M. A. P., SANTOS, J. B., ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 2012. 271p.

REPUBLIC OF SOUTH AFRICA. Agriculture, Forestry and Fisheries. **Production guidelines for cowpeas**. Pretoria. 2011. 24p.

RESENDE, M. D. V.; PRATES, D. F.; JESUS, A.; YAMADA, C. K. **Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de pinus**. Boletim de Pesquisa Florestal. 32: p. 3-22, 1996.

RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes.** Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p.

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de espécies perenes. In: NASS, L. L. et al. (Ed). **Recursos genéticos e melhoramento- plantas.** Rondonópolis: Fundação- MT. p. 357-421. 2001.

RESENDE, M. D. V.; ROSA-PEREZ, J. R. H. **Genética e Melhoramento de Ovinos.** Curitiba. Ed. UFPR, 2001. 185p.

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

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos.** Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RIBEIRO, N. D.; JÚNIOR, L. H.; POSSEBON, S.B. Variabilidade genética para ciclo em feijão dos grupos preto e carioca. **Revista Brasileira de Agrociência.** Pelotas, v. 10, p. 19-29. 2004.

RIBEIRO, N. M. et al. **Análise de constituintes químicos do feijão-de-corda (*Vigna unguiculata*).** In: CONGRESSO DE PESQUISA E INOVAÇÃO DA REDE NORTE NORDESTE DE EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA. Alagoas. **Anais...** Alagoas: Secretaria de Educação Profissional e Tecnológica, 2010.

ROCHA, F. M. R.; MOUSINHO, S. F.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA, S. M. S.; BEZERRA, A. A. de C. **Aspectos da biologia floral do caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp).** In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CAUPI, 5., 2001, Teresina. Avanços tecnológicos no feijão caupi: Anais. Teresina: Embrapa Meio-Norte, Documentos, 56. p. 27-29, 2001.

ROCHA, M. M.; SANTOS, A. M. F.; VILARINHO, A. A.; BARRETO, A. L. H.; FRANCO, L. J. D.; SILVA, A. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; FREIRE FILHO, F. R.; NUTTI, M. R.; CARVALHO, J. L. V. **Estimativas de parâmetros genéticos (G), ambientais (A) e da interação G x A para os conteúdos de ferro e zinco em germoplasma elite de feijão-caupi.** In: REUNIAO ANUAL DE BIOFORTIFICACAO NO BRASIL, 3., 2009b, Aracaju, SE. Anais. Aracaju, SE: Embrapa Tabuleiros Costeiros, Rio de Janeiro: Embrapa Agroindústria de Alimentos, 2009.

SANTOS, J. B.; VENCOSKY, R. Controle genético do início do florescimento em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira.** p. 841-845. 1985.

SHAHIDI, F.; HO, C-T. **Antioxidant measurement and applications.** Washington: American Chemical Society, (ACS Symposium Series 956). 2007. p. 2-7.

SILVA, M. G. M.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B. Seleção de famílias de feijoeiro resistente a antracnose e a mancha-angular. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, p. 1499-1506, 2006.

SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Seleção Recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília v. 42, p. 1437-1442, 2007.

SILVA, F. L. **Seleção dentro de famílias de cana-de-açúcar via BLUP individual simulado**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2009. (Tese - Doutorado em genética e melhoramento de plantas).

SILVA, A. J.; UCHÔA, S. C. P.; ALVES, J. M. A.; LIMA, A. C. S.; SANTOS, C. S. V.; OLIVEIRA, J. M. F.; MELO, V. F. Resposta do feijão-caupi à doses e formas de aplicação de fósforo em Latossolo Amarelo do Estado de Roraima. **Acta Amazonica**, v.40, p. 31-36, 2010.

SINGH, B. B.; EHLERS, J. D.; SHARMA, B.; FREIRE FILHO, F. R. Recent progress in cowpea breeding. In: FATOKUN, C. A.; TARAWALI, S. A.; SINGH, B. B.; KORMAW A, P. M.; TAMBO, M. (Eds.). **Challenges and opportunities for enhancing sustainable cowpea production**. Ibadan: IITA, p. 22-40, 2002.

SING, B. B. **Genética e melhoramento do feijão-caupi – Uma perspectiva histórica**. In: IV Reunião de Biofortificação no Brasil, 2011, Teresina. Resumos... Teresina: IV Reunião de Biofortificação no Brasil, 2011.

SOUSA SOBRINHO, F. **Divergência genética de híbridos simples e alternativas para a obtenção de híbridos duplos de milho**. 2001, 96p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Lavras.

STANSFIELD, W. D. **Genética**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1974. 958p.

TEÓFILO, E. M.; MAMEDE, F. B. F.; SOMBRA, N. S. Comunicação: Hibridação natural em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp – Fabaceae). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.23, p. 1010-1011, 1999.

TIMKO, P. M.; EHLERS, J. D.; ROBERTS, P. A. Cowpea. In: KOLE, C. **Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants: Pulses, Sugar and Tuber Crops**. (Ed.) Springer-Verlag Berlin Heidelberg, v.03, p. 49-67, 2007.

VALADARES, R. N., MOURA, M. C. C. L., SILVA, A. F. A.; SILVA, L. S.; VASCONCELOS, M. C. C. A.; SILVA, R. G. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica em genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) de porte ereto/semi-ereto nas Mesorregiões Leste e Sul maranhense ACSA - **Agropecuária Científica no Semi-Árido**, p. 21-27. 2010.

VAN VLECK, L.D.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, E.A.B. **Genetics for the animal science**. New York: W.H. Freeman, 1987. 391p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1978. p. 122-201.

VILARINHO, A. A.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA, G. C. **BRS ITAIM – Cultivar de Feijão-caupi com Grãos Tipo Fradinho**. Embrapa Roraima. Boa Vista, RR, Comunicado Técnico 58. 2012. 5p.

WATT, E. E. **First annual report on IITA/EMBRAPA/IICA cowpea program in Brazil**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP: IITA, 1978. 52 p.

YATES, F. A new method of arranging variety trials involving a large number of varieties. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 26, p. 424-445, 1936.

ZILLI, J.E.; VALICHESKI, R.R.; RUMJANEK, N.G.; SIMÕES-ARAÚJO, J.L.; FREIRE FILHO, F.R.; NEVES, M.C.P. Eficiência simbiótica de estirpes de *Bradyrhizobium* isoladas de solo do Cerrado em caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p. 811-818, 2006.

ZIMMERMANN, M. J. de O. TEIXEIRA, M. G. **Origem e evolução**. In: ARAÚRO, R. S. et al. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba. POTAFOS, p. 57-70, 1996.

4. CAPÍTULO I –

ESTIMATIVA $m + a$ NA SELEÇÃO PRECOCE DE LINHAGENS DE PORTE ERETO E CICLO PRECOCE DE FEIJÃO-CAUPI

RESUMO

O melhoramento do feijão-caupi baseia-se na obtenção de linhagens homozigotas com características superiores às existentes em cultivo. Para tanto, geralmente são empregados métodos que envolvem hibridação para originar populações segregantes. Estas, por sua vez, são conduzidas por várias gerações de endogamia, com o intuito de elevar a quantidade de locos em homozigose. Para isso, a estimativa $m + a$, que mede a concentração de alelos favoráveis em duas gerações consecutivas é um bom indicador. Nesse contexto, objetivou-se: (i) estimar os valores genotípicos (BLUPs) para caracteres de interesse agrônômico, e (ii) verificar o potencial do uso da metodologia $m + a$ para a seleção precoce de linhagens. Para isto, foram avaliadas as gerações $F_{3:4}$ e $F_{3:5}$ de dez progênies de feijão-caupi mais duas testemunhas comerciais, as cultivares Sempre Verde e BRS Tumucumaque. Os ensaios foram conduzidos no município de Marco-CE, no delineamento em blocos casualizados com três repetições. Foram mensurados os caracteres: número de dias para floração (NDF), número de dias para maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}). As análises estatísticas foram realizadas por meio de modelos mistos (REML/BLUP) e, posteriormente, obtidas as estimativas $m + a$ para cada caráter. Foram identificados elevados valores de herdabilidade a nível de média e acurácia para a maioria dos caracteres, assim como baixos coeficientes de variação, com exceção para o caráter M_{TOT} . A estimativa $m + a$ mais expressiva para ALT foi apresentada pela progênie obtida do cruzamento entre CE-796 e MNC03-737E-5-10, e para NDF e NDM, pela progênie obtida do cruzamento entre CE-796 e CE-954. As progênies resultantes dos cruzamentos entre CE-796 e CE-945; e CE-796 e F4RC1 apresentaram as maiores contribuições dos locos em homozigose para a maioria dos caracteres. Concluí-se, portanto, que a estimativa $m + a$ é viável para a identificação de populações com potencial para seleção de linhagens na cultura do feijão-caupi.

Palavras-chave: Ganhos com a seleção. Homoziguidade. Valores genotípicos. *Vigna unguiculata* (L.) Walp.

ABSTRACT

The improvement of cowpea is based on obtaining homozygous lines with characteristics superior to those existing in cultivation. For this purpose, they are generally employed methods involving hybridization to give segregating populations. These, in turn, are driven by several generations of inbreeding, in order to increase the number of homozygous loci. For this, the estimate $\mathbf{m} + \mathbf{a}$, which measures the concentration of favorable alleles in successive generations is a good indicator. In this context, it aimed to: (i) estimate the genotypic values (BLUPs) to agronomic important traits, and (ii) to investigate the potential use of the methodology $\mathbf{m} + \mathbf{a}$ for the early selection of lines. For this, the generations were evaluated $F_{3;4}$ and $F_{3;5}$ ten progenies cowpea two more commercial checks, cultivars Sempre Verde and BRS Tumucumaque. The tests were conducted in the municipality of Marco-CE, in a randomized block design with three replications. The characters were measured: number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM), plant height (ALT), pod length (CPV), number of seeds per pod (NGV), weight of 100 grains (M_{100G}) and total weight (M_{TOT}). Statistical analyzes were performed using mixed models (REML/BLUP) and subsequently obtained estimates $\mathbf{m} + \mathbf{a}$ for each character. We identified high heritability values in terms of average and accuracy for most of the characters, as well as low coefficients of variation, except for M_{TOT} character. The estimate $\mathbf{m} + \mathbf{a}$ more expressive for ALT was presented by the progeny obtained from the crossing of the CE-796 and MNC03-737E-5-10, and NDF and NDM, the progeny obtained from the crossing of the CE-796 and CE-954. The progeny resulting from crosses between CE-796 and CE-945; and CE-796 and F4RC1 showed the greatest contributions of the loci homozygous for most characters. It concluded therefore that the estimate of the $\mathbf{m} + \mathbf{a}$ is viable for identification of populations with potential to selection lines in cowpea culture.

Keywords: Gains on the selection. Homozygosity. Genotypic values. *Vigna unguiculata* (L.) Walp.

4.1 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento do feijão-caupi baseiam-se na obtenção de cultivares com fenótipos superiores às já existentes em cultivo. Para isto, utilizam-se em geral métodos que envolvem hibridação, com a finalidade de reunir alelos favoráveis presentes em dois ou mais genitores e gerar populações segregantes, nas quais se possa proceder à seleção (ROCHA *et al.*, 2009).

A condução das populações segregantes é considerada a fase mais crítica, onerosa e trabalhosa de um programa de melhoramento (ALMEIDA; KIIHL; ABDELNOR, 1997). Embora haja redução de 50% da frequência dos locos em heterozigose a cada geração de autofecundação, em gerações iniciais é muito pequena a probabilidade de selecionar um genótipo com alta concentração de alelos favoráveis. Isso se torna mais complicado quando se consideram caracteres poligênicos, devendo as populações serem conduzidas até gerações mais avançadas para contornar essa dificuldade.

Diversos métodos de condução de populações segregantes podem ser utilizados na cultura do feijão-caupi, podendo-se destacar os métodos genealógico, população ou *bulk* e *single seed descent* (SSD). É possível também o uso de métodos que constituem modificações e ou combinações destes. Estas adaptações surgem em virtude das desvantagens e ou limitações apresentadas pelos métodos originais (RAMALHO *et al.*, 2001; BORÉM & MIRANDA, 2013).

Torna-se necessário a identificação precoce das populações mais promissoras para a extração de linhagens. Para Vencovsky (1987), isto pode ser alcançado por meio da estimativa $m + a$, que permite avaliar o potencial genético de populações segregantes (níveis variados em homozigose) ainda em gerações precoces. Quanto maior o valor de $m + a$, maior será a frequência dos alelos favoráveis e, por consequência, mais facilmente serão extraídas linhagens de elevado potencial genético numa população (RAMALHO *et al.*, 2012). Para tanto, faz-se necessário a avaliação de duas gerações sucessivas conduzidas de forma simultânea, devendo estas serem submetidas às mesmas condições experimentais (BORÉM & MIRANDA, 2013).

A metodologia **m + a** se mostrou eficaz no melhoramento do milho. Exemplo disto é que Lima (1999) conseguiu constatar variação entre populações ao associar a estimativa **m + a** e **d**, avaliando simultaneamente a média das linhagens possíveis e a variabilidade entre elas. Por outro lado, Sousa Sobrinho *et al.* (2001) constataram que para híbridos de milho a estimativa média de **m + a** representou 29,4% da média da produtividade na geração F₁. Apesar disto, são escassas as informações dessa metodologia para outras culturas e para o feijão-caupi não há nenhum relato na literatura.

Diante do exposto, objetivou-se com esse estudo: (i) estimar os valores genotípicos (BLUPs) para caracteres de interesse agrônômico, e (ii) verificar o potencial do uso da metodologia **m + a** para a seleção precoce de linhagens.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Material genético e obtenção das progênies F_{3:4}

A partir de um dialelo completo realizado entre os genitores CE-542, CE-796, CE-945, CE-954, F4RC1 e MNC03-737E-5-10, e da seleção entre e dentro de progênies com base na precocidade e produtividade, foram obtidas dez progênies de feijão-caupi em F₃: CE-542 X CE-796, CE-542 X CE-945, CE-542 X CE-954, CE-542 X MNC03-737E-5-10, CE-796 X CE-945, CE-796 X F4RC1, CE-796 X MNC03-737E-5-10, CE-954 X MNC03-737E-5-10, CE-796 X CE-954 e CE-945 X CE-954, as quais vieram a ser utilizadas nesse estudo, sendo as mesmas oriundas do trabalho de dissertação de Dias (2009). Adicionalmente, foram empregadas duas testemunhas, as cultivares Sempre Verde e BRS Tumucumaque.

O experimento foi conduzido no município de Marco-CE (3°4'60" S e 40°4'51" W), nos meses de março a julho de 2014, mais precisamente no perímetro irrigado Baixo Acaraú, que apresenta clima tropical quente semiárido, com precipitação média anual de 860 a 900 mm, 52m de altitude e temperatura que varia de 26 °C a 28 °C, com período chuvoso compreendido entre os meses de fevereiro a abril (IPECE, 2009).

Para a avaliação das progênies foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições, em que as parcelas foram compostas por uma fileira de 15m, adotando-se o

espaçamento de 2,0m entre fileiras e 0,30m entre plantas. Os tratos culturas foram realizados de acordo com as recomendações de plantio da cultura na região. Assim, foi feita a adubação de plantio com fósforo e potássio, e adubação de cobertura com nitrogênio aos 15 dias da semeadura. Foram utilizadas duas sementes por cova, deixando-se apenas uma planta após a realização do desbaste, que se deu aos 21 dias após a semeadura.

A irrigação foi feita por aspersão convencional com turno de rega em média de cinco dias por duas horas. Para o controle de plantas invasoras foram realizadas capinas manuais da germinação ao início da maturação das vagens. Aplicou-se o inseticida ACTARA 250 WG para controle de pragas e, dessa forma, não foram observadas perdas consideráveis. A colheita das vagens ocorreu de forma individual em cada planta, evitando assim misturas de sementes de genótipos entre plantas de mesma progênie ou de progênies vizinhas. Ao final do ciclo, foram obtidas as sementes $F_{3:4}$.

4.2.2 Material genético e obtenção das progênies $F_{3:5}$

Foi utilizado como material genético as sementes $F_{3:4}$ provenientes das progênies do ciclo anterior. Utilizou-se o método SSD *Single Seed Descent*, sendo feita a retirada aleatória de uma semente por planta, gerando com isso uma mistura que representou todos os indivíduos da progênie (ausência de seleção), proporcionando a expressão da variabilidade genética existente. A condução do experimento se deu também no município de Marco-CE, nos meses de fevereiro a junho de 2015, com as condições de tempo similares a do primeiro ensaio.

Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados, em que as parcelas foram compostas por uma fileira de 12m, com espaçamento de 2m entre fileiras e 0,30m entre planta. Foi utilizado um número de plantas inferior ao adotado no primeiro ciclo devido à quantidade de sementes disponíveis. Isto porque ocorreu a retirada de apenas uma semente por planta e nem todas as progênies avaliadas anteriormente contavam com 50 plantas. Para cada progênie foram utilizadas três fileiras dispostas de forma casualizada, as quais formaram as três repetições. As testemunhas usadas nesse segundo ensaio foram as mesmas do primeiro.

Com o objetivo de manter a uniformidade das condições experimentais de um ano para o outro, foram adotadas as mesmas práticas de cultivo utilizadas no primeiro ensaio. Na

condução do segundo ensaio não houve necessidade de irrigação, devido à ocorrência de adequadas precipitações na área. Para o controle do ataque de pragas, foram utilizados os inseticidas ACTARA 250 WG e ACEHERO, não sendo novamente observados danos consideráveis. O processo de colheita se deu de forma semelhante e foram adotados os mesmos caracteres para avaliação. Ao final do ciclo, foram obtidas as sementes F_{3;5}.

4.2.3 Mensuração dos caracteres

Na avaliação das progênies foram considerados os principais caracteres relacionados à redução do porte, precocidade e produtividade, sendo estes:

- Número de dias para início da floração (NDF): avaliado mediante contagem dos dias decorridos da semeadura ao surgimento da primeira flor na parcela (Figura 1A).
- Número de dias para início da maturação (NDM): avaliado pela contagem dos dias decorridos da semeadura ao surgimento da primeira vagem na parcela com mudança de coloração, indicando o início do processo de secagem (Figura 1B).
- Altura de planta (ALT): avaliada após as plantas atingirem o estágio de maturação (Figura 1C), no qual todas as plantas da parcela tiveram sua altura mensurada por meio do uso de régua, tomando como medida a distância do colo da planta ao ápice do ramo principal.
- Comprimento de vagem (CPV): avaliado mediante seleção aleatória de uma vagem de cada planta da parcela, mensurada com o auxílio de régua (Figura 1D).
- Número de grãos por vagem (NGV): avaliado pela contagem dos grãos, o qual se deu na mesma vagem selecionada para mensuração do comprimento (Figura 1E).
- Massa de 100 grãos (M_{100G}): avaliada por meio da contagem de 100 grãos de cada planta da parcela, os quais foram pesados em balança de precisão (Figura 1F). Algumas plantas produziram um número inferior a 100 grãos, nas quais foi contado o número de grãos e aferido seu respectivo peso, realizando-se posteriormente uma regra de três para obtenção da massa de 100 grãos.
- Massa total (M_{TOT}): avaliada mediante pesagem de todos os grãos produzidos por planta, sendo este caráter aferido em todas as plantas da parcela.

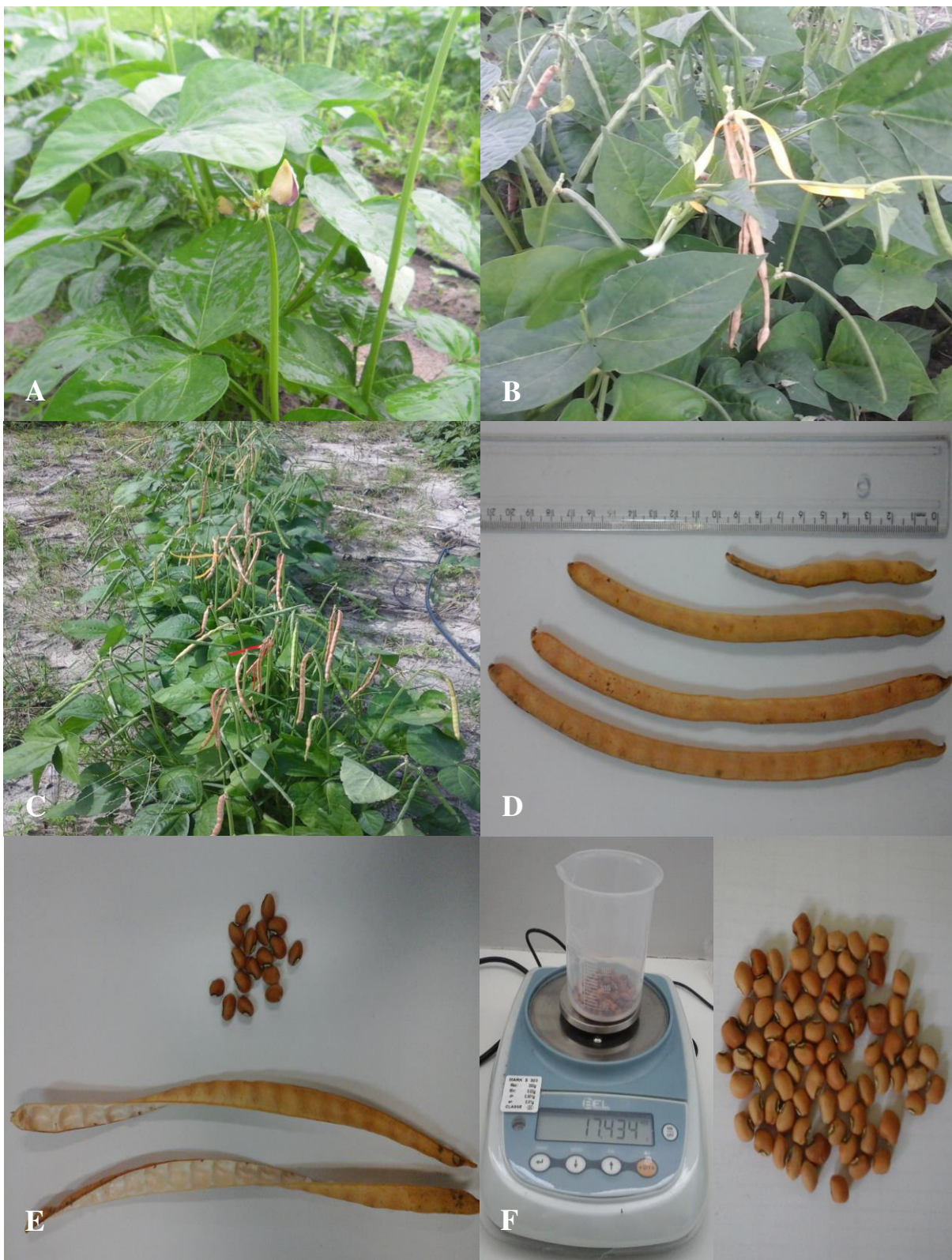


Figura 1. (A) Início da floração. (B) Início da maturação. (C) Estágio de maturação. (D) Comprimento de vagens. (E) Número de grãos por vagens. (F) Massa de 100 grãos.

4.2.4 Análises genético-estatísticas

As análises foram realizadas por meio do programa estatístico R, em que para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos para cada caráter, os dados foram submetidos a análise por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP), conforme descrito por Resende (2002).

Para isso o seguinte modelo foi utilizado:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{r} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{e}$$

em que: \mathbf{y} é o vetor das médias fenotípicas das progênes; \mathbf{r} é o vetor do efeito de repetição (assumido como fixo) somados à média geral; \mathbf{g} é o vetor do efeito genotípico (assumido como aleatório), em que, $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$; \mathbf{e} é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$; e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de \mathbf{r} e \mathbf{g} ao vetor \mathbf{y} .

As equações de modelo misto para a predição de \mathbf{r} e \mathbf{g} equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \lambda_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{r} \\ \mathbf{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

em que, $\lambda_1 = \frac{1-h_g^2}{h_g^2}$; h_g^2 é a herdabilidade no sentido amplo das progênes.

Foram realizadas as análises de deviance (ANADEVs) cujo teste para comparação dos efeitos do modelo é o da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT), descrito por Fritsche-Neto (2011) nos seguintes passos: i) obter o ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obter a deviance $D = -2 \text{ Log L}$ para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) obter a diferença entre as deviances para modelos com e sem o efeito a ser testado, obtendo, ao final, a razão de verossimilhança (LR); e iv) testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição.

Visando determinar a relação dos coeficientes de variação genético/residual (CV_g/CV_e), denominado por coeficiente de variação relativo (CV_r), as estimativas dos componentes de variância genotípica e residual, dados por $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$, respectivamente, foram utilizados para o cálculo do CV_r :

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e} \qquad CV_g = \frac{\hat{\sigma}_g}{\bar{x}} \times 100 \qquad CV_e = \frac{\hat{\sigma}_e}{\bar{x}} \times 100$$

em que, os desvios padrão genético e residual são determinados respectivamente por: $\hat{\sigma}_g$ e $\hat{\sigma}_e$, e \bar{x} é a média geral.

Tal relação é importante para a predição da acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}) cuja expressão, conforme Resende e Duarte (2007), é:

$$\hat{r}_{gg} = \left[1 - \frac{1}{1 + b \times (CV_r)^2} \right]^{1/2}$$

neste caso, b é o número de blocos do delineamento estatístico, e CV_r , o coeficiente de variação relativo. Segundo os autores supracitados, valores maiores que 0,70 apresentam classe alta de precisão.

Para obtenção das estimativas $\mathbf{m} + \mathbf{a}$, foram consideradas as frequências genotípicas determinadas por $(p + q)^2$, em que p e q representam, respectivamente, as frequências do alelo efetivo (favorável) e do alelo não-efetivo (desfavorável), como descrito por Ramalho *et al.* 2012. Nessa situação, a média populacional (\bar{P}), é fornecida por:

$$\bar{P} = m + (p - q)a + 2pqd$$

em que, m é a média fenotípica para o loco em questão, a representa o efeito aditivo, e d os desvios de dominância, quando há interação entre os alelos do determinado loco. Contudo, quando são considerados os vários locos responsáveis pelo controle genético de um caráter quantitativo, a média da população será obtida pela expressão:

$$\bar{P} = m + \sum (p - q)a_k + \sum 2pqd_k$$

em que, o subscrito k refere-se ao efeito e a a frequência do alelo de qualquer um dos k locos segregando.

É válido ressaltar que ao longo das sucessivas gerações de autofecundação, os indivíduos, pertencentes a uma população autógama, vão gradativamente perdendo os desvios proporcionados pelas interações alélicas (d). Assim, para as gerações consideradas nesse estudo os valores dos efeitos aditivos e dos desvios de dominância são respectivamente:

$$\bar{P} = a + \frac{1}{4} d \quad \text{e} \quad \bar{P} = a + \frac{1}{8} d$$

Logo, em S_{∞} ou F_{∞} ter-se-ia d igual a zero. Assim, a estimativa mais precisa de \bar{P} seria obtida por $\bar{P} = m + \sum (p-q)a_k$. Simplificando a equação supracitada por $\sum (p-q)a_k = a$, o estimador passaria a ser simplesmente:

$$\bar{P} = m + a$$

Sendo para isto avaliadas as gerações $F_{3:4}$ e $F_{3:5}$ de dez progênies de feijão-caupi conduzidas em dois anos consecutivos.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1 Parâmetros genéticos

Na geração $F_{3:4}$ todos os caracteres apresentaram baixos valores para o coeficiente de variação (Tabela 1), indicando boa precisão experimental e alta confiabilidade das estimativas. Ocorrendo o mesmo para a geração $F_{3:5}$, com exceção do caráter ALT, que apresentou um acréscimo no coeficiente de variação, o que provavelmente ocorreu devido às condições a que o experimento foi submetido.

Ao se avaliar a geração $F_{3:4}$ foram constatadas diferenças significativas pelo teste F para efeito de bloco apenas para o caráter NDM (Tabela 1), indicando que não houve diferenças entre blocos. Isto se repetiu na geração $F_{3:5}$ (Tabela 2), não havendo efeito significativo de bloco para os caracteres estudados. O efeito de progênie foi significativo a $p < 0,01$ para todos

Tabela 1. Estimativas dos valores de F calculado para o efeito de bloco, do teste de razão de verossimilhança (LRT) para o efeito de progênie, de herdabilidade a nível de média, acurácia, média e coeficiente de variação experimental (CV) para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}) avaliados em 10 progênies $F_{3:4}$ e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2014.

Efeito	Caracteres						
	NDF	NDM	ALT	CPV	NGV	M_{100G}	M_{TOT}
Bloco ¹	0,102 ^{ns}	6,324 ⁺	1,959 ^{ns}	2,201 ^{ns}	0,713 ^{ns}	1,682 ^{ns}	0,528 ^{ns}
Progênie ²	15,143 ^{***}	20,666 ^{***}	40,928 ^{***}	12,790 ^{***}	8,412 ^{***}	13,475 ^{***}	0,321 ^{ns}
Erro	1,659	2,164	5,318	0,569	1,126	1,755	128,196
$\hat{\sigma}_g^2$	3,396	6,601	52,017	0,959	1,234	3,138	14,461
h_m^2	0,860	0,901	0,967	0,835	0,767	0,843	0,253
Acurácia	0,927	0,949	0,983	0,914	0,876	0,918	0,503
Média	41,500	65,030	30,750	19,180	13,490	18,380	32,830
CV(%)	3,1	2,3	7,5	3,9	7,9	6,1	34,5

¹ Teste F de Wald. ⁺ significativo a 5% de probabilidade e ^{ns} não-significativo.

² Teste de razão de verossimilhança (LRT), testado via qui-quadrado com 1 grau de liberdade. *** significativo a 1% de probabilidade e ^{ns} não-significativo.

os caracteres em $F_{3:4}$, com exceção da M_{TOT} . Isto indica que nesta geração as progênies de feijão-caupi apresentaram variabilidade genética, tornando possível a obtenção de ganhos mediante realização da seleção. Na geração $F_{3:5}$ o efeito de progênie foi não-significativo para os caracteres NDF, NDM e M_{TOT} , impossibilitando a seleção para obtenção de ganhos para esses caracteres.

Os genitores empregados para obtenção das populações segregantes variavam em relação ao porte e precocidade, gerando populações com variações para tais caracteres. Foi observada uma grande variação para o caráter M_{TOT} , o qual apresentou o maior erro entre os caracteres avaliados nas duas gerações. Isso pode ser atribuído à grande influência do ambiente sobre sua expressão, o qual por ser de controle poligênico está sujeito a ação do meio a que está exposto. Tal fato pode ser confirmado pela precisão experimental, onde para o

Tabela 2. Estimativas dos valores de F calculado para o efeito de bloco, do teste de razão de verossimilhança (LRT) para o efeito de progênie, de herdabilidade a nível de média, acurácia, média e coeficiente de variação experimental (CV) para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}) avaliados em 10 progênies $F_{3;5}$ e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015.

Efeito	Caracteres						
	NDF	NDM	ALT	CPV	NGV	M_{100G}	M_{TOT}
Bloco ¹	3,103 ^{ns}	3,001 ^{ns}	4,352 ^{ns}	1,074 ^{ns}	0,482 ^{ns}	0,723 ^{ns}	2,581 ^{ns}
Progênie ²	1,079 ^{ns}	1,46x10 ^{-6ns}	3,167 [*]	15,175 ^{***}	6,177 ^{**}	7,408 ^{***}	0,558 ^{ns}
Erro	2,578	0,792	9,375	0,658	1,195	1,303	57,619
$\hat{\sigma}_g^2$	0,588	8,02x10 ⁻⁸	4,545	1,350	0,989	1,268	8,965
h_m^2	0,411	3,03x10 ⁻⁷	0,593	0,860	0,713	0,745	0,318
Acurácia	0,637	0,000	0,770	0,927	0,844	0,863	0,564
Média	44,600	60,220	30,510	19,565	14,586	16,557	26,735
CV(%)	3,6	1,5	10,1	4,1	7,5	6,9	28,4

¹ Teste F de Wald. ^{ns}não-significativo.

² Teste de razão de verossimilhança (LRT), testado via qui-quadrado com 1 grau de liberdade. ***, ** e * significativos a 1%, 5% e 10% de probabilidade, respectivamente e ^{ns}não-significativo.

caráter M_{TOT} verificou-se baixos valores de acurácia e elevado coeficiente de variação nos dois ciclos. A ALT também contou com erro elevado nas duas gerações, tendo o ambiente influenciado o desenvolvimento vegetativo da cultura. Observou-se no primeiro ciclo grande nebulosidade quando a cultura se encontrou no estágio vegetativo, o que contribuiu para que algumas progênies vegetassem por um maior tempo. O CPV apresentou o menor erro, o que indica boa condição para seleção, já que este também apresentou elevada significância.

Valores de variância genética mostram que o caráter ALT se destacou nas gerações $F_{3;4}$ e $F_{3;5}$, indicando o potencial existente para obtenção de indivíduos que apresentem porte reduzido. Além disso, o caráter apresentou altos coeficientes de herdabilidade, o que denota maiores chances de alcançar o objetivo desse estudo. O caráter NDM na geração $F_{3;4}$ também apresentou elevada variância genética e alta herdabilidade, tendo-se a possibilidade de

extração de progênies que atinjam o período de maturação em um curto espaço de tempo. Porém, na geração $F_{3,5}$ esse caráter apresentou baixos valores para variância e herdabilidade, impossibilitando uma seleção eficiente. Considera-se o ambiente como o responsável por esse comportamento, devido o menor intervalo de tempo que se teve entre os dias em que se iniciou a maturação. Isto porque na geração $F_{3,4}$ foram identificadas progênies que maturaram desde 60 dias até outras com 69 dias, e na geração $F_{3,5}$ dos 59 aos 62 dias, o que se deu devido ocorrência de altas temperaturas e grande intensidade solar no período em que as plantas iniciariam a maturação.

De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), as herdabilidades em nível de média de progênies podem condicionar seleção mais eficiente, o que ocorre quando os efeitos ambientais são minimizados pelo número de repetições e de plantas por parcela. Na geração $F_{3,4}$ foram observados altos coeficientes de herdabilidade para os caracteres em estudo. Na geração $F_{3,5}$ o caráter NDM contou com um coeficiente de herdabilidade baixo e o NDF com um coeficiente médio. O que mostra que de uma geração para outra houve uma modificação nos valores desse parâmetro. Sendo este comportamento atribuído a baixa variância genética apresentada por alguns caracteres na segunda geração e a influência do ambiente na obtenção das estimativas.

A acurácia está associada à precisão da seleção e refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros das progênies (PIMENTEL *et al.*, 2014). Os elevados valores de herdabilidade possibilitaram altas magnitudes de acurácia nas gerações $F_{3,4}$ e $F_{3,5}$, indicando que os caracteres foram avaliados com boa precisão e que se tem grande confiabilidade no valor genético predito para as progênies. Com exceção para o caráter NDM na geração $F_{3,5}$, o qual não apresentou acurácia, impossibilitando assim que seja praticada uma seleção com confiabilidade.

Ao se avaliar os valores médios para os caracteres considerados, observa-se que para o NDF ocorreu um acréscimo em dias de uma geração para outra, mas para o NDM houve uma redução para o início do processo de secagem. Isto pode ser compreendido como ganho para a cultura, pois a antecipação do início da maturação tende a reduzir também o ciclo, possibilitando a obtenção de linhagens precoces.

Valores semelhantes foram observados para ALT nas duas gerações, indicando a não alteração do valor médio de um ciclo para o outro. Porém, como esse caráter apresentou um valor expressivo de variância genética, é esperado que se tenham indivíduos que apresentem valores inferiores a média, possibilitando ganhos com a redução do porte. O mesmo aconteceu para o CPV, contudo, a variância genética não foi tão expressiva. Dessa forma, é esperada maior dificuldade na identificação de indivíduos superiores.

Foi observado um acréscimo no valor médio do NGV na segunda geração, indicando aumento da concentração de alelos efetivos para tal caráter como a homozigose. A M_{100G} expressou um valor inferior no segundo ciclo, sendo esse comportamento atribuído a expressão diferenciada das progênes em meio ao ambiente, uma vez que não ocorreu seleção de uma geração para outra.

4.3.2 Estimativas dos valores genotípicos

Valores genotípicos são variáveis não observáveis de natureza aleatória que devem ser preditos pelo melhorista a partir de valores fenotípicos, os quais são observados nos experimentos. Para essa análise desconsiderou-se o caráter M_{TOT} em virtude de sua não significância para o efeito de progênie.

Para os caracteres ALT, NDF e NDM, busca-se uma redução dos valores genotípicos, visando obter genótipos de menor porte e com característica de precocidade. Observou-se que a progênie obtida do cruzamento entre CE-542 e MNC03-737E-5-10 apresentou adequados valores genotípicos na geração $F_{3;4}$, contando com NDF inferior ao das duas testemunhas (Tabela 3). Sendo esta a única a apresentar valor predito negativo para todos os caracteres em que se deseja a redução. Na geração $F_{3;5}$ (Tabela 4) essa mesma progênie também apresentou adequados valores genotípicos, sendo estes inferiores aos obtidos para a testemunha Sempre Verde. Apresentam-se estes valores como confiáveis devido às altas estimativas de acurácia nas duas gerações. Os demais caracteres, nos quais se esperava obter altos valores genotípicos expressaram valores negativos nas duas gerações, tendo estes sua expressão afetada pela ação do ambiente, comprovado pelos valores de acurácia e coeficiente de variação para os mesmos.

Tabela 3. Valores genéticos das progênies (BLUPs) para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV) e massa de 100 grãos (M_{100G}) de 10 progênies $F_{3,4}$ e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2014.

Progênies	NDF	NDM	ALT	CPV	NGV	M_{100G}
CE-542 x CE-796	-0,429	0,576	3,541	-0,744	-0,748	-0,670
CE-542 X CE-945	-2,723	-3,631	2,127	0,466	-0,321	-2,455
CE-542 X CE-954	0,429	0,876	1,752	1,223	1,805	1,360
CE-542 X MNC03-737E-5-10	-2,437	-2,429	-1,241	-0,649	-0,903	-0,019
CE-796 X CE-945	-0,429	1,477	5,955	0,040	0,281	0,892
CE-796 X F4RC1	0,143	2,679	5,903	-0,162	-0,305	-0,236
CE-796 X MNC03-737E-5-10	-1,863	-0,025	1,688	-0,653	-0,652	-1,040
CE-954 X MNC03-737E-5-10	0,429	2,078	3,605	-0,288	-0,428	1,153
CE-796 X CE-954	1,576	2,679	1,419	0,094	-0,157	-0,312
CE-945 X CE-954	0,717	1,777	4,359	-0,165	0,741	-1,304
Sempre Verde	3,001	-1,828	-13,921	-0,525	1,774	-1,158
BRS Tumucumaque	1,577	-4,232	-15,188	2,296	-1,084	3,789

Menores valores genotípicos para o caráter ALT condicionam a obtenção de plantas de porte reduzido, o que é ideal para a cultura do feijão-caupi, tendo em vista a facilidade no cultivo. Assim como a menor expressão dos caracteres relacionados à floração e maturação, pois promovem uma redução no ciclo. Neste sentido, pode-se destacar a progênie obtida do cruzamento entre CE-542 e CE-954, que apresentou na primeira geração um baixo valor genotípico para ALT. Porém na segunda geração comportamento inverso foi observado, obtendo-se um elevado valor, o que é explicado pela ação do ambiente sobre o caráter, sendo observado que as duas testemunhas apresentaram acréscimos expressivos nos valores genotípicos para altura. Para essa mesma progênie, na geração $F_{3,4}$ os valores genotípicos para NDF foram inferiores ao das duas testemunhas, sendo observado o mesmo para NDM na geração $F_{3,5}$, o que mostra que essa progênie tem potencial também para precocidade.

Tabela 4. Valores genéticos das progênes (BLUPs) os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV) e massa de 100 grãos (M_{100G}) de 10 progênes $F_{3,5}$ e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015.

Progênes	NDF	NDM	ALT	CPV	NGV	M_{100G}
CE-542 x CE-796	0,434	$-6,74 \times 10^{-8}$	0,778	-0,204	-0,221	-0,0866
CE-542 X CE-945	0,434	$2,36 \times 10^{-7}$	0,455	-0,774	0,267	-2,0817
CE-542 X CE-954	0,297	$-6,75 \times 10^{-8}$	2,802	0,738	1,311	0,9273
CE-542 X MNC03-737E-5-10	0,023	$1,34 \times 10^{-7}$	-2,091	-0,952	-0,849	-0,3102
CE-796 X CE-945	-0,114	$-6,74 \times 10^{-8}$	-0,019	0,387	0,469	0,6757
CE-796 X F4RC1	-0,388	$-6,74 \times 10^{-8}$	0,119	-0,314	-0,118	0,2726
CE-796 X MNC03-737E-5-10	0,297	$-1,69 \times 10^{-7}$	-3,244	-1,179	-1,335	-0,6521
CE-954 X MNC03-737E-5-10	0,297	$-6,74 \times 10^{-8}$	-0,307	-0,326	-0,254	0,4771
CE-796 X CE-954	-0,525	$3,37 \times 10^{-8}$	0,889	-0,095	0,219	0,6179
CE-945 X CE-954	0,297	$1,35 \times 10^{-7}$	-0,334	-0,470	0,305	-0,7373
Sempre Verde	0,159	$3,37 \times 10^{-8}$	1,993	0,249	1,319	-0,8937
BRS Tumucumaque	-1,211	$-6,75 \times 10^{-8}$	-1,041	2,942	-1,115	1,5118

Quanto aos caracteres CPV, NGV e M_{100G} nos quais se buscam obter elevados valores genotípicos, a progênie obtida do cruzamento entre CE-542 e CE-954 apresentou valores genotípicos superiores na geração $F_{3,4}$, superando a testemunha Sempre Verde nos três caracteres e a testemunha BRS Tumucumaque no caráter NGV. Ao se avaliar a geração $F_{3,5}$ o mesmo comportamento de superioridade dos valores genotípicos preditos é aplicado aos caracteres citados. Assim, quanto maior forem os valores genotípicos para esses caracteres, maior será a contribuição para o melhoramento em relação à produção.

4.3.3 Estimativa da contribuição dos efeitos aditivos ($m + a$)

Observaram-se valores de BLUPs mais efeito fixo da média para ALT que variaram de 22,100 para a progênie oriunda do cruzamento entre CE-796 e MNC03-737E-5-10 a 34,128

para CE-542 X CE-954 (Tabela 5), indicando que as progênies avaliadas apresentam ampla variação genética para extração de linhagens. É possível inferir que a média para ALT das linhagens na geração F_{∞} que forem oriundas da progênie obtida pelo cruzamento entre CE-796 e MNC03-737E-5-10 será inferior às demais. Isto mostra que essa progênie tem grande potencial para gerar linhagens com plantas de porte reduzido em uma seleção feita na geração $F_{3:4}$.

Para os caracteres NDF e NDM a progênie obtida do cruzamento entre CE-796 e CE-954 apresentou as menores estimativas de $\mathbf{m} + \mathbf{a}$, indicando que o uso desta para extração de linhagens na geração $F_{3:4}$ condicionará a obtenção de indivíduos com característica de precocidade, gerando ganhos para o programa de melhoramento. Observou-se também que as progênies obtidas dos cruzamentos entre CE-796 e CE-945; e CE-796 e F4RC1 apresentaram adequadas estimativas de $\mathbf{m} + \mathbf{a}$ para a maioria dos caracteres. O que se deu por elevadas contribuições dos efeitos genético aditivo para o desempenho da geração $F_{3:4}$. Isto indica que estas progênies são adequadas para a extração precoce de linhagens com elevado potencial genético.

A estimativa $\mathbf{m} + \mathbf{a}$, embora bastante útil, não possibilita deduzir a variabilidade esperada entre as linhagens. Dessa forma, duas progênies podem dar origem a linhagens com a mesma média, no entanto, a amplitude de variação no desempenho dessas linhagens pode ser bastante diferente. Sendo assim, torna-se necessário que o melhorista busque ganhos em caracteres que apresentam grande variabilidade genética, como é o caso da ALT e $M_{100}G$, que exibiram as maiores variâncias genotípicas nas duas gerações, podendo chegar a linhagens de elevada expressividade.

A progênie obtida do cruzamento entre CE-542 e CE-945 apresentou valores indesejáveis de $\mathbf{m} + \mathbf{a}$ para praticamente todos os caracteres, ou seja, essa progênie contou com menor contribuição de alelos efetivos para o desempenho da geração $F_{3:4}$. A exceção foi para o caráter NGV. Nass e Miranda Filho (1995) relataram que os valores baixos de $\mathbf{m} + \mathbf{a}$ são decorrentes da presença de alelos desfavoráveis, o que inviabiliza a progênie como fonte de linhagens.

Tabela 5. Estimativas m + a considerando apenas os BLUPs e os BLUPs mais o efeito fixo da média para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV) e massa de 100 grãos (M₁₀₀G) em 10 progênieis avaliadas por duas gerações consecutivas (F_{3:4} e F_{3:5}) e duas testemunhas de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2014 e 2015.

Progênieis	NDF		NDM		ALT		CPV		NGV		M ₁₀₀ G	
	a	m + a	A	m + a	a	m + a	a	m + a	a	m + a	a	m + a
CE-542 x CE-796	1,298	49,020	-0,576	54,841	-1,985	28,291	0,335	20,282	0,307	15,989	0,497	15,232
CE-542 X CE-945	3,591	51,314	3,631	59,048	-1,217	29,059	-1,081	18,867	0,855	16,538	-1,708	13,027
CE-542 X CE-954	0,164	47,886	-0,876	54,540	3,852	34,128	0,251	20,199	0,816	16,499	0,494	15,229
CE-542 X MNC03-737E-5-10	2,482	50,204	2,429	57,846	-2,941	27,334	-1,254	18,694	-0,795	14,888	-0,043	14,692
CE-796 X CE-945	0,202	47,924	-1,477	53,939	-5,995	24,280	0,732	20,681	0,659	16,341	0,459	15,194
CE-796 X F4RC1	-0,919	46,802	-2,679	52,737	-5,664	24,612	-0,465	19,483	0,070	15,753	0,782	15,516
CE-796 X MNC03-737E-5-10	2,457	50,179	0,025	55,442	-8,175	22,100	-1,704	18,243	-2,017	13,666	-0,264	14,471
CE-954 X MNC03-737E-5-10	0,164	47,886	-2,078	53,338	-4,218	26,057	-0,365	19,583	-0,079	15,604	-0,198	14,536
CE-796 X CE-954	-2,627	45,095	-2,679	52,737	0,359	30,634	-0,285	19,662	0,595	16,278	1,548	16,283
CE-945 X CE-954	-0,123	47,599	-1,778	53,639	-5,027	25,248	-0,774	19,173	-0,130	15,553	-0,170	14,565
Sempre Verde	-2,690	45,032	1,828	57,245	17,908	48,183	1,023	20,971	0,865	16,548	-0,630	14,106
BRS Tumucumaque	-3,998	43,724	4,232	59,649	13,105	43,381	3,587	23,534	-1,145	14,538	-0,766	13,969

A estimativa $m + a$ permite a obtenção das informações de que os melhoristas necessitam para tomar decisões sobre quais populações segregantes serão mais promissoras para extração de linhagens. Ganhos são obtidos em relação ao menor tempo em que as populações necessitarão ser avaliadas, uma vez que ao se identificar uma estimativa que apresente alta expressividade, torna-se viável a prática da extração de linhagens, sem necessitar que as populações sejam conduzidas por mais uma ou duas gerações de autofecundação, isso permitirá que as cultivares sejam lançadas mais rapidamente no mercado.

Segundo Borém & Miranda (2013), para o emprego dessa metodologia devem ser usadas populações segregantes em duas gerações consecutivas. O ideal é que essas populações sejam avaliadas de forma simultânea, garantindo que a ação do ambiente sobre os resultados seja minimizada. Porém, tal condição não foi possível para as gerações avaliadas, de forma que, para cada geração a avaliação se deu em um ano diferente. Buscou-se então minimizar os efeitos da interação genótipo x safra, semeando as progênies $F_{3;5}$ em época e condições semelhantes a que foram semeadas as progênies $F_{3;4}$. O que vem a ser uma alternativa para emprego da estimativa $m + a$, já que em alguns casos o melhorista não consegue atender a todos os pressupostos estabelecidos para execução da metodologia adotada. Ao se trabalhar com experimentos de campo, é necessário que se estabeleçam alternativas para contornar intempéries que venham a surgir, podendo a condução das progênies em gerações anteriores ter gerado melhores resultados. Porém, fica evidente que a aplicação da estimativa para avaliação das gerações $F_{3;4}$ e $F_{3;5}$ é viável para identificar progênies de alto potencial para os caracteres ALT, NDF e NDM.

Estimativas de $m + a$ têm sido relatadas com grande ênfase para a cultura do milho. Lima (1999) ao avaliar híbridos de milho para extração precoce de linhagens, identificou o híbrido AG 1051 como o mais promissor para ganhos em produtividade. Contudo, não foram encontrados relatos de sua utilização na cultura do feijão-caupi, o que vem a ser uma alternativa para obtenção de ganhos na espécie, de forma que se possam selecionar progênies que contenham uma grande quantidade de locos favoráveis em homozigose, ainda em gerações precoces.

4.4 CONCLUSÕES

As progênies de feijão-caupi apresentam comportamento diferencial quanto aos caracteres de porte, precocidade e componentes de produção.

As progênies apresentam potencial para extração de linhagens superiores na geração F_{3:4}, sendo a progênie obtida do cruzamento entre CE-796 e MNC03-737E-5-10 a de maior potencial para a seleção de linhagens de porte reduzido.

A progênie com maior potencial para a seleção de linhagens precoces é a obtida do cruzamento entre CE-796 e CE-954.

As progênies obtidas dos cruzamentos entre CE-796 e CE-945; e CE-796 e F4RC1 são promissoras para a seleção de linhagens com elevado potencial genético.

A estimativa $m + a$ mostra-se viável para identificação de populações com potencial genético para a seleção precoce de linhagens na cultura do feijão-caupi.

REFERÊNCIAS

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. ABDELNOOR, R. V. **Melhoramento da soja**. In: Simpósio sobre atualização em genética e melhoramento de plantas. UFPA, Lavras, Anais. p. 11-55, 1997.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6ª ed. Editora UFV. Viçosa, MG, 2013. 523p.

DIAS, F, T, C. **Utilização de técnicas multivariadas e moleculares na caracterização e seleção de genótipos de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce**. Fortaleza, 2009. 98p. (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia). Universidade Federal do Ceará.

FRITSCHÉ-NETO, R. **Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho**. Viçosa, 2011. 28p. Tese de mestrado. Universidade Federal de Viçosa.

IPECE. Perfil básico municipal-Marco. **Instituto de Pesquisa e Estratégia Econômica do Ceará**. Fortaleza, 2009.

LIMA, M.W.P. **Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens**. **Dissertação**. Lavras, 1999. 49p. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Universidade Federal de Lavras.

- NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding depression rates of semi-exotic maize (*Zea mays* L.) populations. **Revista Brasileira de Genética**. Ribeirão Preto. v.18, p. 585-592, 1995.
- PIMENTEL, A. J. B., GUIMARÃES, J. F. R., DE SOUZA, M. A., DE RESENDE, M. D. V., MOURA, L. M., & RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, p. 882-890, 2014.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações** ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. VALADARES, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis, Fundação MT, 2001. p. 201-230.
- RAMALHO, A. P. R.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1 ed. Lavras: Ed. UFLA, 2012.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.
- ROCHA, F. da et al. Seleção de populações mutantes de feijão para caracteres adaptativos. **Revista Biotemas, Lages**, v.22, p. 20-27, 2009.
- SOUZA SOBRINHO, F. **Divergência genética de híbridos simples e alternativa para obtenção de híbridos duplos de milho**. Lavras, 2001. 96p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1978. p. 122-201.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

5. CAPÍTULO II-

ACURÁCIA SELETIVA VIA REML/BLUP DE GENÓTIPOS PRECOCES E ERETOS DE FEIJÃO-CAUPI EM DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS DISTINTOS

RESUMO

No melhoramento do feijão-caupi é constante a busca por genótipos superiores. Para fins de avaliação, destacam-se os indivíduos que além de apresentarem altas produtividades atendam as exigências do mercado consumidor. Portanto, identificar os melhores genótipos para compor os ensaios finais de linhagens (EFL) é necessário, pois assim aumenta-se as chances de se obter uma cultivar que atenda aos objetivos do programa de melhoramento. Objetivou-se com esse estudo: (i) verificar a existência de variabilidade genética na população, e (ii) identificar linhagens promissoras para compor os ensaios finais. Foram identificados 119 genótipos de feijão-caupi, com base em um ensaio prévio e conforme os objetivos do programa, tomados em dez progênies $F_{3,4}$. Para condução do ensaio, adicionou-se a esses genótipos duas testemunhas comerciais, Sempre Verde e BRS-Tumucumaque, totalizando 121 tratamentos. O ensaio foi conduzido no município de Marco-CE. Utilizou-se o delineamento em látice quadrado 11 x 11 com duas repetições, sendo as parcelas formadas por uma fileira de 6m. Foram mensurados os caracteres: número de dias para floração (NDF), número de dias para maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}). As análises estatísticas foram realizadas por meio de modelos mistos, usando o procedimento REML/BLUP. Para predição dos ganhos com a seleção, usou-se uma intensidade de seleção de 10%. Os genótipos diferiram para todos os caracteres avaliados, independentemente do delineamento considerado (látice ou blocos casualizados). Os maiores valores de eficiência do látice, em relação a blocos casualizados, foram obtidos para M_{100G} , NGV e CPV. Altas estimativas de acurácia e herdabilidade foram obtidas para os caracteres CPV, NGV, M_{100G} e M_{TOT} , indicando que o processo seletivo tende a ser facilitado para os mesmos. O caráter M_{TOT} apresentou a maior variância genética e as maiores predições de ganhos com a seleção. Os genótipos 5, 7, 14, 15, 25, 27, 31, 42, 47, 57, 85 e 113 apresentaram potencial genético para compor os EFL, devendo estes ser levados a esta etapa.

Palavras-chave: Ensaios finais de linhagens; Parâmetros genéticos; *Vigna unguiculata* (L.) Walp.

ABSTRACT

In improving cowpea is a constant search for superior genotypes. For evaluation purposes, we highlight individuals who in addition to having high productivities meet the requirements of the consumer market. Therefore, identifying the best genotypes to compose the final testing lines (EFL) is necessary because so chances is increased to obtain a plant variety that meets the objectives of the breeding program. The objective of this study: (i) verify the existence of genetic variability in the population, and (ii) identify promising lines to compose the final rehearsals. 119 genotypes of cowpea were identified, based on a preliminary test and according to program objectives, taken in ten progenies F_{3:4}. To conduct the test, added to these genotypes two commercial controls, Sempre Verde and BRS-Tumucumaque totaling 121 treatments. The test was conducted in the municipality of Marco-CE. We used the design in 11 x 11 square lattice with two replications, the plots formed by a 6m row. The characters were measured: number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM), plant height (ALT), pod length (CPV), number of seeds per pod (NGV), weight of 100 grains (M_{100G}) and total weight (M_{TOT}). Statistical analyzes were performed using mixed models using REML/BLUP procedure. For prediction of gains with the selection, we used a 10% selection intensity. The genotypes differed for all traits, regardless of considered design (lattice or a randomized block design). The largest lattice efficiency values in relation to randomized block were obtained for M_{100G}, NGV and CPV. High accuracy and estimates of heritability were obtained for the characters CPV, NGV, M_{100G} and M_{TOT}, indicating that the selection process tends to be easier for them. The M_{TOT} character had the highest genetic variance and higher earnings predictions with the selection. Genotypes 5, 7, 14, 15, 25, 27, 31, 42, 47, 57, 85 and 113 showed genetic potential to compose the EFL, which must be taken at this stage.

Keywords: Final testing of inbred lines; Genetic parameters; *Vigna unguiculata* (L.) Walp.

5.1 INTRODUÇÃO

Embora os programas de melhoramento do feijão-caupi tenham iniciado suas atividades na região Nordeste na década de 40, ainda são poucas as cultivares lançadas, quando em comparação à outras culturas. Isto se dá em parte pelas diferentes necessidades apresentadas pelos agricultores (KRUTMAN *et al.*, 1973). A obtenção de novas cultivares que apresentem características superiores as já existentes tem sido um desafio constante, exigindo investimentos e continuidade nas pesquisas, tendo sempre que estar aliadas às exigências do mercado consumidor (RAMALHO & ABREU, 2006).

No melhoramento de plantas autógamas é comum a exploração da variabilidade por meio de cruzamentos artificiais, sendo a hibridação, a principal estratégia para obtenção de novas linhagens na cultura do feijão-caupi. Inicialmente são escolhidos genitores que apresentam fenótipos desejáveis, sendo realizados cruzamentos entre estes para a obtenção da população base. O avanço da população ocorre até a obtenção de um nível satisfatório de homozigose, sendo por fim realizada a seleção e avaliação das linhagens. O lançamento de uma cultivar pode ocorrer entre 5 e 10 anos após a escolha e cruzamento dos genitores (BORÉM & MIRANDA, 2009).

Para que sejam obtidos genótipos superiores é necessário que a seleção seja baseada na escolha dos melhores indivíduos. Devendo reunir estes uma série de atributos favoráveis que lhes confira rendimento elevado e atenda as necessidades específicas para cada região. A possibilidade de prever o ganho esperado pela seleção, antes que esta seja realizada, constitui-se uma das principais contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas, podendo-se comparar o avanço de uma geração em relação a que lhe deu origem (CRUZ *et al.*, 2012).

É importante que a seleção seja fundamentada, sobretudo, nos componentes genéticos, contribuindo tanto como subsídio para o planejamento de eficientes estratégias de melhoramento, bem como para o conhecimento da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres aos quais se deseja melhorar (RESENDE *et al.*, 2001). Informações sobre estimativas de parâmetros genéticos têm contribuído para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento na cultura do feijão-caupi. Com as informações obtidas é

possível avaliar se a população é adequada para o melhoramento, bem como comparar as diferentes estratégias de seleção (SINGH, 2007).

Resende e Duarte (2007) indicam que os ensaios de avaliação de cultivares devem ser abordados do ponto de vista genético e estatístico. A acurácia seletiva é um dos parâmetros mais relevantes para a avaliação da qualidade de um experimento, pois não depende apenas da magnitude da variação residual e do número de repetições, mas também da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter sob seleção. Este parâmetro tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das linhagens para fins de seleção e também sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico das cultivares (RESENDE, 2002).

A identificação dos melhores genótipos assume papel fundamental na composição dos ensaios finais de linhagens, pois é necessário que sejam levados para essa etapa os genótipos que apresentaram os melhores desempenhos em relação aos caracteres que se buscou melhorar. Com isso, o investimento de recursos será direcionado a avaliação das linhagens que contam com um elevado potencial genético, tornando assim, maiores as chances de se obter uma cultivar que atenda de fato aos objetivos propostos pelo programa de melhoramento.

Diante do exposto, objetivou-se: (i) verificar a existência de variabilidade genética na população, e (ii) identificar linhagens promissoras para compor os ensaios finais.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

5.2.1 Material genético e condução experimental

Foram utilizadas sementes oriundas de dez progênies $F_{3:4}$. Com base em um ensaio prévio, selecionaram-se 119 genótipos dentro destas progênies. Para isto, os genótipos foram ordenados considerando os que primeiro floraram, primeiro maturaram e que se destacaram quanto aos caracteres relacionados a produção, utilizando-se um índice de seleção de 10%. Para condução do estudo, realizado nas condições de Marco-CE (3°4'60" S e 40°4'51" W), nos meses de fevereiro a junho de 2015, adicionou-se a esses genótipos duas testemunhas

comerciais, as cultivares Sempre Verde e BRS Tumucumaque, perfazendo um total de 121 tratamentos.

Foi utilizado um delineamento experimental em látice quadrado 11 x 11, com duas repetições, o qual foi disposto em sete blocos. Cada parcela foi composta por uma fileira de 6m, com espaçamento entre plantas de 0,30m, e espaçamento entre fileiras de 2m. Para semeadura foram utilizadas duas sementes por cova, deixando-se apenas uma planta após o desbaste, realizado aos 21 dias após a semeadura. A adubação de plantio foi feita com fósforo e potássio e a de cobertura com nitrogênio, conforme análise do solo e recomendação para a cultura.

Para o controle de plantas invasoras procederam-se capinas manuais da germinação ao início da maturação das vagens. O ensaio foi conduzido sem necessidade de utilização de irrigação, sendo aplicados os inseticidas ACTARA 250 WG e ACEHERO para controle de pragas, não sendo observadas perdas consideráveis. A colheita das vagens ocorreu em cada planta de forma individual, as quais foram acondicionadas em sacos de papel, evitando a mistura de genótipos do mesmo tratamento ou de tratamentos vizinhos.

5.2.2 *Mensuração dos caracteres*

Considerou-se para avaliação dos genótipos os caracteres:

- Número de dias para início da floração (NDF): avaliado mediante contagem dos dias decorridos da semeadura ao surgimento da primeira flor na parcela.
- Número de dias para início da maturação (NDM): avaliado pela contagem dos dias decorridos da semeadura ao surgimento da primeira vagem na parcela com mudança de coloração, indicando o início do processo de secagem.
- Altura de planta (ALT): avaliada após as plantas atingirem o estágio de maturação, no qual todas as plantas da parcela tiveram sua altura mensurada por meio do uso de régua, tomando como medida a distância do colo da planta ao ápice do ramo principal.

- Comprimento de vagem (CPV): avaliado mediante seleção aleatória de uma vagem de cada planta da parcela, mensurada com o auxílio de régua.
- Número de grãos por vagem (NGV): avaliado pela contagem dos grãos, o qual se deu na mesma vagem selecionada para mensuração do comprimento.
- Massa de 100 grãos (M_{100G}): avaliada por meio da contagem de 100 grãos de cada planta da parcela, os quais foram pesados em balança de precisão. Algumas plantas produziram um número inferior a 100 grãos, nas quais foi contado o número de grãos e aferido seu respectivo peso, realizando-se posteriormente uma regra de três para obtenção do massa de 100 grãos.
- Massa total (M_{TOT}): avaliada mediante pesagem de todos os grãos produzidos por planta, sendo este caráter aferido em todas as plantas da parcela.

5.2.3 Análises genético-estatísticas

A análise foi realizada por meio de modelos mistos, com o auxílio do programa estatístico R. Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos, submeteram-se os dados às análises por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP), conforme descrito por Resende (2002). Inicialmente, procederam-se as análises, considerando o delineamento em blocos casualizados pelo seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{e}$$

em que: \mathbf{y} é o vetor das médias fenotípicas das progênies; \mathbf{r} é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixo) somados à média geral; \mathbf{g} é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), em que, $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$; \mathbf{e} é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$; e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de \mathbf{r} e \mathbf{g} ao vetor \mathbf{y} .

As equações de modelo misto para a predição de \mathbf{r} e \mathbf{g} equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \lambda_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{r} \\ \mathbf{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

em que, $\lambda_1 = \frac{1-h_g^2}{h_g^2}$; h_g^2 é a herdabilidade à nível de média das progênies.

Na sequência analisou-se o mesmo conjunto de dados considerando o delineamento em látice quadrado 11 x 11 e, para isso, foi empregado o seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xm} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wb} + \mathbf{e}$$

em que: \mathbf{y} é o vetor das médias fenotípicas das progênies; \mathbf{m} é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; \mathbf{g} é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), em que, $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$; \mathbf{b} é o vetor dos efeitos blocos dentro de repetição (assumidos como aleatórios), em que, $b \sim N(0, B)$, sendo $B = I\sigma_{b/r}^2$; \mathbf{e} é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$; e \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de \mathbf{m} , \mathbf{g} e \mathbf{b} ao vetor \mathbf{y} .

As equações de modelo misto para a predição de \mathbf{m} , \mathbf{g} e \mathbf{b} equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{W} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \lambda_1 & \mathbf{Z}'\mathbf{W} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{m} \\ \mathbf{g} \\ \mathbf{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

em que, $\lambda_1 = \frac{1-h_g^2-h_i^2}{h_g^2}$ e $\lambda_2 = \frac{1-h_g^2-h_i^2}{h_i^2}$; h_g^2 é a herdabilidade à nível de média das progênies; h_b^2 é o coeficiente de determinação do efeito de bloco dentro de repetição.

Para os efeitos aleatórios, aplicou-se o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que, um quadro similar ao da análise de variância foi elaborado, denominado Análise de Deviance (ANADEV), estabelecida pelos seguintes passos (FRITSCHÉ-NETO, 2011): i) obter o ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obter a deviance $D = -2 \text{ Log L}$ para modelos com e sem o efeito

a ser testado; iii) obter a diferença entre as deviances para modelos com e sem o efeito a ser testado, obtendo, ao final, a razão de verossimilhança (LR); e iv) testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição.

Para obtenção da eficiência relativa do látice foi considerada a seguinte expressão:

$$ER = \frac{V\hat{a}r(\hat{m}_i - \hat{m}_i)_{BC}}{V\hat{a}r(\hat{m}_i - \hat{m}_i)_L}$$

em que, o numerador e o denominador referem-se às estimativas das variâncias das diferenças entre médias de dois tratamentos, no delineamento em blocos casualizados (BC) e no látice (L). As variâncias para o BC e L são dadas, respectivamente, por:

$$V\hat{a}r(\hat{m}_i - \hat{m}_i)_{BC} = \frac{2}{r} QME_{BC} \quad \text{e} \quad V\hat{a}r(\hat{m}_i - \hat{m}_i)_L = \frac{2}{r} QME_L$$

em que, QME_{BC} é o quadrado médio do erro no delineamento em blocos casualizados e QME_L é o quadrado médio do erro efetivo, obtido no látice. Assim, a ER é obtida pela expressão:

$$ER = \frac{QME_{BC}}{QME_L}$$

Para estimação dos ganhos com a seleção utilizou-se intensidade de seleção de 10%. As estimativas foram obtidas por meio da diferença entre a média dos valores genotípicos dos melhores indivíduos e média da população como um todo. Para isto, foram negligenciados os valores genotípicos das testemunhas.

Visando determinar a relação dos coeficientes de variação genético/residual (CV_g/CV_e), denominado por coeficiente de variação relativo (CVr), as estimativas dos componentes de variância genotípica e residual, dados por $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$, respectivamente, foram utilizados para o cálculo do CVr:

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e} \quad CV_g = \frac{\hat{\sigma}_g}{\bar{x}} \times 100 \quad CV_e = \frac{\hat{\sigma}_e}{\bar{x}} \times 100$$

em que, os desvios padrão genético e residual são determinados, respectivamente por: $\hat{\sigma}_g$ e $\hat{\sigma}_e$, e \bar{x} é a média geral.

Tal relação é importante para a predição da acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}) cuja expressão, conforme Resende e Duarte (2007), é:

$$\hat{r}_{gg} = \left[1 - \frac{1}{1 + b \times (CV_r)^2} \right]^{1/2}$$

neste caso, b é o número de blocos do delineamento estatístico, e CV_r , o coeficiente de variação relativo. Segundo os autores supracitados, valores maiores que 0,70 apresentam classe alta de precisão.

Para estimação do ganho por seleção utilizou-se a expressão:

$$G_s = \bar{X}_s$$

em que, G_s é o ganho com a seleção e \bar{X}_s é a média dos indivíduos selecionados, dada por:

$$\bar{X}_s = \frac{\sum BLUP}{n}$$

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.3.1 *Análises de deviance*

O efeito de blocos foi não-significativo para todos os caracteres, com exceção do NDF (Tabela 6), o que indica que houve uniformidade na área experimental. Observou-se comportamento diferencial dos genótipos tanto quando os dados foram submetidos a análise pelo delineamento em blocos casualizados como pelo delineamento em látice, indicando presença de variabilidade genética. Isto torna viável a prática da seleção para obtenção de ganhos para os caracteres avaliados, a exceção do caráter NDM. Em razão disso, o mesmo foi desconsiderado nas análises seguintes.

Tabela 6. Análises de deviance (ANADEVs) realizadas considerando os delineamentos em blocos casualizados e o látice quadrado para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}) avaliados em 119 genótipos derivados de progênes F_{3;4} de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015.

Análise	Efeito	Caracteres						
		NDF	NDM	ALT	CPV	NGV	M _{100G}	M _{TOT}
DBC	Bloco ¹	11,031 ⁺⁺⁺	0,002 ^{ns}	2,314 ^{ns}	1,731 ^{ns}	0,302 ^{ns}	2,832 ^{ns}	0,071 ^{ns}
	Genótipo ²	2,967 [*]	0,729 ^{ns}	5,789 ^{**}	83,517 ^{***}	85,614 ^{***}	200,183 ^{***}	27,370 ^{***}
	Erro	1,914	2,310	11,633	0,615	0,784	0,490	64,827
Látice	Repetição ¹	11,029 ⁺⁺⁺	0,001 ^{ns}	1,521 ^{ns}	0,814 ^{ns}	0,102 ^{ns}	0,932 ^{ns}	0,034 ^{ns}
	Bloco/Rep ²	7,59x10 ⁻⁶ ^{ns}	1,971 ^{ns}	2,543 [*]	2,551 [*]	0,677 ^{ns}	4,515 ^{**}	7,479 ^{***}
	Genótipo ²	2,968 [*]	0,512 ^{ns}	4,737 ^{**}	85,551 ^{***}	89,822 ^{***}	206,528 ^{***}	23,309 ^{***}
	Erro	1,913	2,239	11,361	0,554	0,699	0,405	61,785
DBC vs. Látice	Contraste ²	-6,31x10 ⁻⁶ ^{ns}	1,753 ^{ns}	1,369 ^{ns}	4,596 ^{**}	4,885 ^{**}	10,859 ^{***}	3,419 ^{**}
	Eficiência	1,001	1,032	1,024	1,110	1,122	1,210	1,049

¹ Teste F de Wald. ⁺⁺⁺ significativo a 0,1% de probabilidade e ^{ns} não-significativo.

² Teste de razão de verossimilhança (LRT), testado via qui-quadrado com 1 grau de liberdade. ^{***} significativo a 1% de probabilidade, ^{**} a 5% de probabilidade e ^{*} a 10% de probabilidade e ^{ns} não-significativo.

O caráter M_{TOT} apresentou o maior erro observado no ensaio, tendo este sofrido grande influencia pelo ambiente a que esteve exposto, devido seu controle genético ser mais complexo. Esse comportamento foi observado quando os dados foram analisados no delineamento em blocos casualizados bem como pelo látice. Resultado similar foi observado para o caráter ALT.

O efeito de repetição para análise considerando o delineamento em látice foi significativo apenas para o caráter NDF. O efeito de blocos dentro de repetição foi significativo para ALT, CPV, M_{100G} e M_{TOT} , mostrando que para esses caracteres é viável o uso de delineamentos sofisticados como o látice, tendo-se eficácia no controle local. O contraste entre blocos casualizados e látice foi significativo para CPV, NGV, M_{100G} e M_{TOT} , mostrando que para esses caracteres há diferenças entre estimativas conforme os delineamentos adotados.

Para que o látice tenha eficiência elevada é necessário que seja grande o efeito dos blocos, o que ocorre quando a variação dentro dos blocos é superior à variação entre os blocos do delineamento em blocos completos casualizados (CHOCHRAN, 1957). Verifica-se que a eficiência do látice variou para os caracteres. Eficiência muito baixa foi observada para NDF, indicando que para esse caráter a análise por ambos delineamentos proporciona estimativas muito próximas ou semelhantes. Contudo, maiores eficiências foram obtidas para os componentes de produção CPV, NGV e M_{100G} . Isto mostra a viabilidade na adoção do delineamento látice na obtenção de estimativas mais confiáveis desses caracteres.

5.3.2 Valores genotípicos

Para o caráter NDF buscam-se valores genotípicos inferiores, os quais condicionam a obtenção de genótipos que apresentam floração mais cedo. Essa característica é interessante para produtores de feijão-caupi, principalmente da região Nordeste, pois ciclos mais curtos reduzem gastos com tratamentos culturais, além de reduzir o tempo que as plantas ficam expostas às condições do ambiente e ao ataque de pragas e doenças. Valores genotípicos inferiores também são buscados para ALT, o que condiciona a extração de genótipos com porte ereto, facilitando processos como a colheita. Genótipos de porte ereto facilitam a colheita manual,

praticada pela grande maioria dos produtores de feijão-caupi das regiões Norte e Nordeste, mas possibilita também a colheita mecanizada, que é empregada pelos grandes produtores da região Centro-Oeste do Brasil. Ademais, essa característica permite reduzir também as perdas de grãos, por evitar que ocorra o contato das vagens com o solo. Neste sentido, observou-se para NDF, que os melhores desempenhos foram apresentados pelos genótipos 25, 42, 47 e 85, e para ALT os genótipos 7 e 27 apresentaram os menores valores genotípicos (Tabela 7).

Para o caráter CPV, no qual se busca valores elevados, verificou-se superioridade para os genótipos 31 e 113. Estes, por sua vez, tiveram desempenho similar a testemunha 2 (BRS Tumucumaque). Valores superiores são desejáveis por condicionar vagens de maiores tamanhos, que em boas condições nutricionais, tendem a produzir maior número de grãos, contribuindo positivamente para produção. Para o caráter NGV se sobressaíram os genótipos 25, 31, 57 e 85 apresentando os maiores valores genotípicos, os quais foram superiores aos das testemunhas. Os genótipos 25 e 85 apresentaram potencial também para o NDF, e o genótipo 31 para CPV, devendo estes ser levados para compor os ensaios finais do programa.

A obtenção de genótipos que apresentam elevada massa de grãos vem sendo objetivo nos programas de melhoramento. Buscam-se atualmente genótipos com essa característica visando atender as exigências do mercado consumidor, que cada vez mais tem dado preferência por grãos de maiores tamanhos. Identificou-se que para $M_{100}G$ os genótipos 5, 15 e 57 foram os mais promissores, tendo este último se destacado também para o caráter NGV.

A M_{TOT} apresentou a maior variação dos valores genotípicos. Para esse caráter, buscaram-se valores genotípicos elevados, pois quanto maiores forem, mais elevados serão os ganhos em produção. Observou-se o genótipo 14 como o de maior valor genotípico, destacando-se também o genótipo 31, que além desse caráter apresentou valor genotípico elevado para o CPV e NGV. Contando estes com valores superiores aos das testemunhas, apresentando performances que condicionam ganhos para o programa de melhoramento, devendo estes ser levados para compor os ensaios finais.

Tabela 7. Valores genotípicos para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}), considerando os delineamentos em blocos casualizados e látice, preditos em 119 genótipos derivados de progênes F_{3:4} e duas testemunhas comerciais de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015.

Gen.	NDF		ALT		CPV		NGV		M _{100G}		M _{TOT}	
	DBC	Látice	DBC	Látice	DBC	Látice	DBC	Látice	DBC	Látice	DBC	Látice
1	44,314	44,314	34,261	34,163	19,522	19,525	15,431	15,388	16,342	16,325	33,610	32,851
2	44,584	44,584	34,030	33,944	19,607	19,611	16,291	16,265	15,093	15,066	40,883	39,958
3	44,314	44,314	33,703	33,562	18,699	18,596	14,172	14,068	18,376	18,362	31,641	30,271
4	44,720	44,720	33,904	33,813	19,952	19,990	15,168	15,191	15,908	16,045	33,403	33,781
5	44,720	44,720	31,395	31,720	16,611	16,608	9,486	9,548	20,992	20,967	33,270	33,678
6	44,179	44,179	31,467	31,787	20,214	20,266	16,214	16,403	17,014	16,955	30,193	30,672
7	45,260	45,260	30,615	30,961	20,499	20,664	16,447	16,542	19,028	19,061	34,168	35,488
8	45,260	45,260	31,572	31,667	21,346	21,389	17,180	17,170	17,717	17,795	34,831	35,398
9	44,855	44,855	33,256	33,376	20,239	20,347	16,122	16,108	19,038	19,217	33,790	34,094
10	44,179	44,179	34,051	33,953	18,198	18,209	13,203	13,188	15,951	16,088	26,214	26,756
11	44,720	44,720	34,940	34,847	18,443	18,373	14,039	13,991	16,087	15,988	30,088	30,687
12	44,584	44,584	34,340	34,202	20,478	20,402	16,510	16,501	19,308	19,289	46,085	44,588
13	44,179	44,179	33,028	32,983	18,808	18,829	14,197	14,201	17,524	17,674	30,532	30,975
14	44,855	44,855	34,924	34,718	19,773	19,686	15,763	15,689	18,751	18,741	56,852	54,907
15	44,855	44,855	34,563	34,547	21,049	21,056	16,122	16,167	20,689	20,627	39,192	39,797
16	44,855	44,855	34,033	34,044	20,825	20,829	16,141	16,187	18,716	18,637	35,853	36,534
17	44,179	44,179	33,692	33,790	18,985	19,074	15,129	15,097	16,406	16,563	31,165	31,528
18	45,260	45,260	34,707	34,585	19,860	19,868	16,268	16,241	18,972	18,978	46,445	45,393
19	44,855	44,855	34,038	33,951	19,684	19,689	15,584	15,544	17,589	17,583	38,874	37,995
20	44,584	44,584	34,850	34,710	19,056	19,080	14,782	14,797	17,563	17,714	36,200	36,515
21	44,584	44,584	32,619	32,648	18,004	17,928	13,343	13,282	16,167	16,069	26,113	26,802
22	44,449	44,449	32,637	32,722	18,233	18,197	13,688	13,687	15,806	15,702	28,423	29,273
23	44,449	44,449	34,926	34,757	19,103	19,007	14,689	14,644	17,429	17,395	33,687	32,472
24	44,449	44,449	33,729	33,586	20,109	20,027	16,049	15,980	17,840	17,822	43,653	42,009
25	43,909	43,909	34,246	34,076	21,452	21,391	17,704	17,667	17,562	17,542	35,634	34,173
26	44,314	44,314	33,048	33,266	19,200	19,345	14,914	14,980	18,369	18,397	31,567	32,947
27	45,125	45,125	29,650	30,047	16,370	16,472	10,886	10,875	17,963	17,988	22,802	24,382
28	44,584	44,584	33,571	33,561	19,285	19,297	15,343	15,298	18,173	18,255	35,004	35,567
29	44,855	44,855	34,422	34,481	19,686	19,786	16,608	16,603	18,384	18,558	38,572	38,766
30	44,584	44,584	33,935	33,895	20,918	20,886	16,599	16,600	19,065	18,992	37,556	37,984
31	44,855	44,855	34,061	33,962	22,292	22,366	17,322	17,385	15,422	15,554	45,424	45,528
32	44,314	44,314	34,293	34,157	21,492	21,432	16,894	16,892	18,335	18,308	45,053	43,579
33	44,314	44,314	34,482	34,300	20,121	20,040	16,559	16,500	18,057	18,041	43,044	41,414
34	44,584	44,584	33,118	33,177	18,911	18,885	15,449	15,481	17,941	17,855	32,477	33,235
35	44,855	44,855	34,665	34,817	20,424	20,479	15,900	16,083	18,416	18,369	40,949	41,182

36	44,314	44,314	33,154	33,166	18,407	18,406	13,820	13,746	15,306	15,364	24,781	25,577
37	44,584	44,584	34,070	33,994	21,251	21,204	16,634	16,599	19,276	19,221	37,610	37,016
38	44,584	44,584	33,015	32,995	18,021	17,924	13,508	13,414	16,628	16,550	25,029	24,722
39	44,584	44,584	34,747	34,623	19,882	19,890	15,870	15,835	17,606	17,601	39,714	38,816
40	44,584	44,584	35,107	34,954	19,636	19,669	16,047	16,086	18,166	18,322	40,900	41,107
41	44,584	44,584	34,448	34,304	19,723	19,636	14,852	14,811	17,741	17,709	38,966	37,631
42	43,638	43,638	33,174	33,174	21,071	21,041	16,812	16,817	18,659	18,582	32,005	32,560
43	44,449	44,449	34,312	34,376	18,447	18,528	14,529	14,485	16,186	16,341	36,743	36,979
44	44,720	44,720	34,403	34,550	18,507	18,641	16,366	16,460	12,205	12,180	31,490	32,872
45	44,990	44,990	34,602	34,538	18,275	18,272	15,702	15,664	12,922	12,959	30,560	31,224
46	44,179	44,179	33,952	33,882	21,282	21,235	15,890	15,841	18,248	18,184	37,628	37,034
47	43,909	43,909	33,886	34,079	18,792	18,823	14,378	14,532	19,782	19,747	41,590	41,809
48	44,314	44,314	33,470	33,413	20,096	20,107	16,439	16,416	19,294	19,303	35,936	35,124
49	44,855	44,855	32,967	32,936	19,857	19,865	15,345	15,300	19,017	19,023	40,558	39,641
50	44,449	44,449	34,484	34,416	21,438	21,414	15,667	15,650	18,909	18,835	32,947	33,480
51	44,584	44,584	35,932	35,758	19,849	19,780	15,866	15,816	19,754	19,704	37,791	37,193
52	44,720	44,720	33,783	33,982	19,753	19,798	16,085	16,272	18,005	17,954	34,472	34,853
53	44,720	44,720	33,669	33,529	20,192	20,112	16,991	16,939	19,011	19,002	43,898	42,248
54	44,855	44,855	33,166	33,223	19,925	19,914	16,034	16,078	18,987	18,911	36,785	37,445
55	44,720	44,720	32,145	32,410	18,838	18,978	16,624	16,722	17,295	17,314	40,188	41,371
56	44,044	44,044	31,221	31,448	19,687	19,786	15,611	15,587	15,229	15,376	31,215	31,577
57	44,584	44,584	34,583	34,520	21,278	21,320	17,031	17,018	19,967	20,065	37,748	38,248
58	44,720	44,720	34,570	34,468	20,214	20,151	15,586	15,531	18,680	18,620	44,727	43,971
59	44,449	44,449	33,490	33,704	19,314	19,352	15,238	15,409	18,268	18,220	36,635	36,967
60	44,584	44,584	33,279	33,273	19,233	19,176	15,224	15,199	17,273	17,185	32,197	32,748
61	44,720	44,720	33,587	33,566	19,790	19,741	15,562	15,543	19,909	19,844	33,177	33,705
62	44,720	44,720	34,969	34,798	20,279	20,201	16,219	16,204	18,704	18,681	42,287	40,876
63	44,990	44,990	32,837	32,778	19,228	19,133	15,650	15,624	18,223	18,195	34,823	33,582
64	44,855	44,855	33,704	33,563	21,416	21,354	16,535	16,475	17,182	17,158	41,516	39,921
65	44,314	44,314	33,747	33,928	19,898	20,053	16,224	16,315	19,940	19,982	34,868	36,172
66	45,531	45,531	32,597	32,752	17,862	17,934	16,315	16,305	13,695	13,829	36,419	36,662
67	44,855	44,855	35,511	35,444	19,155	19,133	15,692	15,729	17,442	17,353	32,915	33,663
68	44,855	44,855	33,357	33,578	19,191	19,227	15,111	15,279	14,095	14,011	33,454	33,858
69	44,720	44,720	33,925	33,897	19,969	19,991	15,614	15,574	17,135	17,209	42,525	42,917
70	44,720	44,720	35,467	35,232	19,303	19,209	13,942	13,833	16,359	16,328	32,685	31,291
71	44,720	44,720	35,086	34,871	19,895	19,810	15,286	15,202	15,763	15,726	35,909	34,442
72	44,720	44,720	33,975	33,856	19,631	19,543	15,525	15,497	13,534	13,466	33,308	32,102
73	44,449	44,449	34,921	35,041	18,353	18,485	15,673	15,753	13,904	13,894	30,600	32,002
74	44,584	44,584	34,271	34,424	18,120	18,249	13,720	13,763	16,025	16,033	28,380	29,832
75	44,449	44,449	35,270	35,170	18,717	18,720	14,456	14,395	17,262	17,337	32,331	32,954
76	44,720	44,720	32,681	32,938	18,540	18,567	14,175	14,325	15,009	14,933	37,005	37,328
77	44,584	44,584	33,574	33,511	18,401	18,386	14,407	14,345	15,694	15,671	29,512	28,847
78	44,855	44,855	35,330	35,188	20,071	20,006	16,425	16,386	17,622	17,553	45,868	45,086
79	44,855	44,855	34,262	34,164	18,032	18,012	16,016	15,984	13,531	13,490	26,844	26,239

80	44,855	44,855	35,725	35,539	18,822	18,842	15,741	15,774	13,137	13,249	32,343	32,746
81	44,584	44,584	33,787	33,703	19,470	19,500	15,345	15,371	14,375	14,498	34,077	34,440
82	44,584	44,584	34,639	34,533	21,148	21,099	16,896	16,865	17,610	17,541	40,902	40,233
83	44,314	44,314	32,893	32,832	18,702	18,599	15,484	15,454	12,956	12,883	33,012	31,813
84	44,855	44,855	34,466	34,284	19,506	19,415	16,853	16,800	13,611	13,557	36,480	35,000
85	43,909	43,909	32,707	32,788	21,162	21,170	17,197	17,262	18,857	18,779	37,901	38,535
86	44,584	44,584	34,717	34,692	19,687	19,674	14,843	14,863	19,600	19,529	35,530	36,218
87	44,855	44,855	33,551	33,656	18,367	18,447	16,024	16,009	14,964	15,108	36,615	36,853
88	44,720	44,720	33,291	33,256	19,857	19,788	16,671	16,636	19,022	18,965	36,516	35,947
89	44,855	44,855	32,818	33,067	18,207	18,228	15,513	15,689	15,288	15,214	31,725	32,168
90	44,449	44,449	33,420	33,366	18,554	18,543	13,562	13,484	16,941	16,929	35,522	34,719
91	44,449	44,449	35,177	35,043	19,216	19,137	14,885	14,816	15,785	15,700	37,305	36,718
92	44,584	44,584	33,196	33,206	19,162	19,172	16,044	16,013	14,070	14,117	35,560	36,110
93	44,179	44,179	33,826	33,916	18,251	18,329	13,237	13,168	16,425	16,582	27,610	28,054
94	44,855	44,855	33,632	33,819	18,013	18,140	13,817	13,862	14,314	14,307	23,811	25,367
95	44,449	44,449	34,504	34,490	19,013	18,989	15,129	15,155	16,093	15,991	26,613	27,505
96	44,584	44,584	34,992	34,908	19,299	19,311	16,004	15,972	17,917	17,998	34,315	34,894
97	44,314	44,314	33,571	33,436	18,685	18,582	14,528	14,430	16,604	16,575	32,586	31,195
98	44,449	44,449	34,596	34,445	20,056	19,974	15,918	15,897	18,401	18,375	45,417	43,934
99	44,584	44,584	33,915	33,876	20,543	20,505	16,377	16,374	19,714	19,647	38,568	38,974
100	44,449	44,449	32,895	32,857	18,865	18,886	15,753	15,787	14,477	14,601	34,357	34,714
101	44,720	44,720	33,475	33,459	18,549	18,481	14,180	14,135	15,900	15,800	29,412	30,026
102	44,584	44,584	34,868	34,702	18,236	18,126	13,102	13,027	16,146	16,100	30,490	29,348
103	44,584	44,584	33,100	33,161	18,916	18,890	14,289	14,299	15,247	15,138	25,972	26,878
104	44,584	44,584	31,825	31,953	17,976	17,936	12,927	12,911	16,480	16,382	31,173	31,960
105	44,584	44,584	34,268	34,422	18,964	19,105	14,799	14,863	16,052	16,059	31,124	32,514
106	44,855	44,855	33,373	33,487	18,904	18,992	15,971	15,954	13,282	13,412	29,115	29,525
107	44,179	44,179	33,024	33,262	17,988	18,006	12,795	12,919	16,044	15,977	29,069	29,573
108	44,314	44,314	32,529	32,535	18,161	18,066	14,338	14,259	15,504	15,417	28,563	28,176
109	44,314	44,314	32,994	33,014	18,782	18,786	14,262	14,196	16,238	16,304	29,885	30,565
110	44,855	44,855	33,783	33,699	18,540	18,557	14,414	14,422	17,832	17,984	31,643	32,062
111	45,125	45,125	34,043	33,997	19,504	19,450	16,109	16,100	18,203	18,122	40,041	40,413
112	44,720	44,720	34,799	34,714	19,494	19,440	16,842	16,847	15,672	15,570	37,800	38,222
113	44,314	44,314	33,347	33,261	22,195	22,146	16,451	16,441	19,599	19,583	44,088	42,636
114	45,125	45,125	32,996	33,130	19,161	19,253	16,518	16,512	12,805	12,931	33,099	33,418
115	44,720	44,720	32,661	32,899	18,483	18,617	15,349	15,423	19,933	19,975	33,935	35,261
116	44,720	44,720	33,771	33,864	18,705	18,790	15,037	15,002	14,176	14,314	42,547	42,650
117	44,990	44,990	33,263	33,206	18,457	18,472	15,808	15,842	11,865	11,966	29,600	30,065
118	45,395	45,395	33,939	33,910	18,497	18,497	16,624	16,604	12,742	12,778	29,836	30,517
119	45,125	45,125	34,524	34,411	20,244	20,258	16,849	16,834	17,623	17,617	44,293	43,290
T1 ¹	44,584	44,584	30,963	31,051	19,090	19,010	16,302	16,260	15,817	15,732	31,760	31,299
T2 ²	44,179	44,179	31,983	32,277	22,480	22,567	13,913	14,059	19,515	19,478	25,443	26,030

¹ Testemunha 1- cultivar Sempre Verde

² Testemunha 2- cultivar BRS-Tumucumaque

5.3.3 Parâmetros genéticos

Elevadas magnitudes de acurácia foram obtidas para os caracteres CPV, NGV, M_{100G} e M_{TOT}, em ambos delineamentos utilizados (Tabela 8). Esses valores estão associados a elevadas herdabilidades, indicando que se teve boa precisão na avaliação dos caracteres. O que condiciona alta confiabilidade para os valores genotípicos preditos, facilitando assim o processo de seleção dos melhores genótipos.

Tabela 8. Estimativas das variâncias genotípica e de blocos dentro de repetição, da herdabilidade à nível de médias, dos ganhos com a seleção em termos absoluto e em percentual e da acurácia do processo seletivo, considerando os delineamentos em blocos casualizados e látice, para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), altura de planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (M_{100G}) e massa total (M_{TOT}) avaliados em 119 genótipos derivados de progênies F_{3:4} de feijão-caupi. Baixo Acaraú/CE, 2015.

Delineamento	Parâmetros	Caracteres					
		NDF	ALT	CPV	NGV	M _{100G}	M _{TOT}
DBC	$\hat{\sigma}_g^2$	0,354	3,224	1,491	1,960	4,449	53,384
	h_m^2	0,270	0,357	0,829	0,948	0,948	0,622
	GS	-0,561	-2,233	2,151	1,646	2,989	10,897
	GS _(%)	-1,257	-6,619	11,064	10,686	17,621	31,059
	Acurácia	0,253	0,365	0,960	0,962	0,997	0,759
Látice	$\hat{\sigma}_{b/r}^2$	1,93x10 ⁻⁷	0,594	0,073	0,091	0,104	7,384
	$\hat{\sigma}_g^2$	3,54x10 ⁻¹	2,899	1,473	1,967	4,395	47,917
	h_m^2	0,270	0,337	0,842	0,849	0,956	0,608
	GS	-0,561	-2,021	2,143	1,640	2,968	9,787
	GS _(%)	-1,257	-5,992	11,023	10,646	17,499	27,894
	Acurácia	0,253	0,339	0,966	0,970	0,998	0,739
DBC vs. Látice	r	1,000	0,9946	0,9980	0,9986	0,9992	0,9899

O caráter M_{TOT} apresentou a maior variância genética entre os caracteres avaliados, detectada tanto pelo delineamento em blocos casualizados quanto pelo látice. Resultado similar foi observado para o componente de variância de blocos dentro de repetição. Por esse caráter ter apresentado também valores altos para herdabilidade à nível de média, torna-se ainda mais fácil a obtenção de ganhos mediante identificação e seleção dos genótipos mais promissores ao aumento de produção.

A herdabilidade é de fundamental importância para a estimação dos ganhos genéticos e para escolha dos métodos de seleção a serem aplicados (REIS, 2000). Foi observada uma grande variação para esse parâmetro. O NDF apresentou a menor estimativa, muito provavelmente devido a baixa magnitude de sua variância genotípica. Assim, maiores dificuldades serão esperadas para o progresso genético desse caráter. Por outro lado, comportamento diferente foi observado para os caracteres CPV, NGV, M_{100G} e M_{TOT} , os quais apresentaram altos valores para herdabilidade. Situação esta desejável para o programa, pois pode-se identificar mais facilmente os melhores indivíduos e, com isso, serem alcançados maiores ganhos com a seleção.

Ganhos com a seleção negativos foram obtidos para os caracteres NDF e ALT, condicionando para os genótipos redução do ciclo e um menor porte. Isto mostra que a seleção foi de fato eficiente para atender os objetivos propostos pelo programa, observando-se esse comportamento para ambos delineamentos utilizados. Os maiores ganhos preditos com a seleção se deram para os caracteres M_{TOT} e M_{100G} , podendo-se com isso gerar incrementos na produção. O delineamento em blocos casualizados proporcionou estimativas de ganhos superiores para a M_{TOT} em relação aqueles obtidos pelo látice. Todavia, para os demais caracteres os delineamentos não diferiram na magnitude dos ganhos obtidos. Sendo expressos para os caracteres avaliados valores semelhantes de correlação.

5.4 CONCLUSÕES

O delineamento experimental látice permitiu obter estimativas mais confiáveis, em comparação ao blocos casualizados, para a maioria dos caracteres estudados.

Os genótipos 5, 7, 14, 15, 25, 27, 31, 42, 47, 57, 85 e 113 apresentam potencial genético para compor os ensaios finais de linhagens.

A predição dos ganhos genéticos mostra que a seleção será eficiente para a melhoria dos caracteres avaliados, sobretudo a M_{TOT} .

REFERÊNCIAS

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 5. ed. Viçosa: Editora UFV, 2009. 529p.

CHOCHRAM, W. C.; COX, M. G. **Experimental designs**. 2. ed. New York: John Willer, 1957. 611p.

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

FRITSCHÉ-NETO, R. **Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho**. Viçosa, 2011. 28p. Tese de mestrado. Universidade Federal de Viçosa.

KRUTMAN, S.; MEDEIROS, L. C.; SANTANA, J. C. Indicação para o feijoeiro de macassar – *Vigna simensis* L. Em Surubim na Zona do Agreste. **Pesquisa Agropecuária do Nordeste**, v. 5, p.5-12. 1973.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Cultivares. In. VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Ed). **Feijão**. 2. ed. Viçosa, Editora UFV, p.415-436, 2006.

REIS, E. F. **Ganhos preditos e realizados por diferentes estratégias de seleção em populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Viçosa, 2000. 120p. Tese (D.S.) – Universidade Federal de Viçosa.

RESENDE, M. D. V.; FURLANI-JÚNIOR, E. N. E. S; MORAES, M. D.; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, p.185-193. 2001.

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

SINGH, B. B. Recent Progress in cowpea genetics and breeding. **Acta Horticulture**, v. 752, p.69-75, 2007.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A identificação precoce de progênies com potencial elevado na cultura do feijão-caupi gera progressos para os programas de melhoramento, reduzindo o tempo para o lançamento de cultivares superiores.

A estimativa $m + a$ é viável para identificação de populações promissoras na cultura do feijão-caupi, mesmo que estas sejam avaliadas em anos diferentes.

O uso do delineamento látice aumenta a precisão na avaliação de componentes de produção na cultura do feijão-caupi.

Os genótipos detectados como promissores devem ser selecionados e levados à etapa seguinte do programa de melhoramento, aumentando as chances de se obter uma cultivar superior.