

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES F₃ DE FEIJÃO-DE-VAGEM VIA
MODELOS MISTOS PARA AS REGIÕES NORTE E NOROESTE
FLUMINENSE**

DERIVALDO PUREZA DA CRUZ

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO – 2017**

SELEÇÃO DE PROGÊNIES F₃ DE FEIJÃO-DE-VAGEM VIA
MODELOS MISTOS PARA AS REGIÕES NORTE E NOROESTE
FLUMINENSE

DERIVALDO PUREZA DA CRUZ

Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador: Prof. Geraldo de Amaral Gravina
Co-orientador: Prof. Marcelo Vivas

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO - 2017

FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do CCH / UENF

025/2017

C957 Cruz, Derivaldo Pureza da.

Seleção de progênies F₃ de feijão-de-vagem via modelos mistos para as regiões norte e noroeste fluminense / Derivaldo Pureza da Cruz – Campos dos Goytacazes, RJ, 2017.
72 f. : il.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2017.
Bibliografia: f. 49 – 60.
Orientadora: Geraldo de Amaral Gravina.
Co-orientador: Marcelo Vivas.

1. *Phaseolus vulgaris* L.. 2. Melhoramento Genético 3. Método REML/BLUP. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD – 635.652

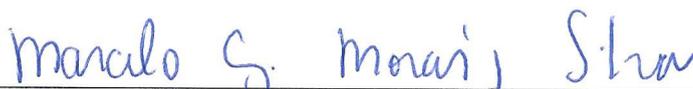
SELEÇÃO DE PROGÊNIES F₃ DE FEIJÃO-DE-VAGEM VIA
MODELOS MISTOS PARA AS REGIÕES NORTE E NOROESTE
FLUMINENSE

DERIVALDO PUREZA DA CRUZ

Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

Aprovada em 27 de março de 2017.

Comissão Examinadora:



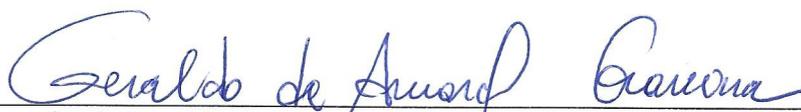
Prof. Marcelo Geraldo de Moraes Silva (D.Sc., Produção Vegetal) – IFF



Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF



Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UENF
(Co-orientador)



Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) – UENF
(Orientador)

DEDICATÓRIA

Ao Deus do impossível;

Aos meus pais, Josefina Pureza e Raimundo Paulo da Cruz;

Aos meus irmãos, Dionê, Derinaldo, Ducilene, Dalina, José Roque e Maria;

Aos meus sobrinhos, Daniel, Maria Heloísa, Juliana e Miguel,

Dedico

AGRADECIMENTOS

Ao meu Deus por estar sempre presente, guiando-me e elevando meus patamares;
Aos meus pais, Josefina Pureza e Raimundo Paulo da Cruz, minhas maiores referências, pelo apoio moral, carinho e dedicação desde o princípio da minha caminhada, sempre mostrando o caminho para minha ascensão profissional;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, por tornar possível a concretização de mais um sonho, na realização de mais um passo importantíssimo na minha carreira profissional;

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, pela oportunidade de adquirir e compartilhar conhecimentos;

À CAPES pela concessão da bolsa;

Ao Instituto Federal Fluminense – IFF de Bom Jesus do Itabapoana, pela parceria e disponibilização da área experimental;

Ao meu professor e orientador, Geraldo de Amaral Gravina, pelo suporte, ensinamentos, amizade, confiança e paciência;

Ao meu co-orientador, professor Marcelo Vivas, pelo auxílio nas análises da pesquisa, pela parceria, incentivo e disponibilidade;

Ao secretário do programa Daniel, pela imensurável paciência e disponibilidade para me auxiliar em tudo o que precisei, além dos conselhos de amigo;

Aos colegas do grupo de pesquisa do feijão-de-vagem, Andréa, Tâmara, Camila, Kleber e Lanusse, pela parceria, amizade e compromisso;

Aos colegas do grupo de pesquisa do capim elefante, em especial, Verônica Brito,
Maria do Socorro, Yure e Lília;
A todos que contribuíram, direta ou indiretamente, para a conclusão deste trabalho,
OBRIGADO!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	5
2.1. Objetivo geral	5
2.2. Objetivos específicos	5
3. REVISÃO DE LITERATURA	6
3.1. Origem do feijão-de-vagem.....	6
3.2. Classificação botânica do feijão-de-vagem.....	7
3.3. Aspectos nutricionais do feijão-de-vagem.....	9
3.4. Importância socioeconômica do feijão-de-vagem	10
3.5. O melhoramento genético do feijão-de-vagem	12
3.6. Single seed descent (SSD)	14
3.7. Modelos mistos - REML/BLUP.....	15
4. MATERIAL E MÉTODOS	20
4.1. População de estudo	20
4.2. Local de condução do experimento	21
4.3. Delineamento experimental e condução do experimento	21
4.4. Análises estatísticas e genéticas	22
4.4.1. Componentes de Variância (REML Individual)	22
4.4.2. Estimadores dos componentes de variância	23
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
5.1. Estimativas de parâmetros genéticos via REML.....	26

5.2. Seleção entre progênies	30
5.3. Seleção de indivíduos dentro de progênies	32
6. CONCLUSÕES	48
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	49

RESUMO

CRUZ, Derivaldo Pureza da; Ms.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março, 2017; SELEÇÃO DE PROGÊNIES F₃ DE FEIJÃO-DE-VAGEM VIA MODELOS MISTOS PARA A REGIÃO NORTE FLUMINENSE. Orientador: Geraldo de Amaral Gravina; Coorientador: Marcelo Vivas; Conselheiros: Rogério Figueiredo Daher e Alexandre Pio Viana.

O feijão-de-vagem possui uma importante contribuição de produção das hortaliças, sobretudo, no estado do Rio de Janeiro. Apesar de ser bastante cultivada por pequenos produtores, o estudo dessa fabácea para obtenção de genótipos superiores ainda é escasso. O uso de técnicas de modelos mistos REML/BLUP permitem obter valores da estimativa do progresso genético por ciclo de seleção, inferindo, deste modo, sobre os ganhos genéticos obtidos a partir da seleção aplicada à população em estudo. A presente pesquisa teve por objetivo estimar parâmetros genéticos das progênies F₃, visando à obtenção de linhagens superiores de feijão-de-vagem. A população base foi constituída de 10 progênies contrastantes entre si quanto a vários caracteres morfológicos e agronômicos. O experimento foi conduzido no Instituto Federal Fluminense, Campus Bom Jesus de Itabapoana – RJ, em ensaio de campo, no período de maio a setembro de 2015. Foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso com três repetições, sendo avaliadas plantas individuais dentro de cada progênie (bloco), constituída por dez plantas, no espaçamento de 1,0 x 0,5m, sendo as análises estatísticas realizadas com base nas oito plantas centrais da fileira. Para estimar o progresso genético foram utilizados os dados das avaliações dessas progênies com o auxílio da

metodologia dos modelos mistos REML/BLUP. A metodologia REML/BLUP foi eficiente na seleção de progênies e indivíduos superiores, proporcionando ganhos significativos. A partir da seleção entre e dentro das 10 progênies avaliadas foram selecionadas quatro progênies (7, 2, 6 e 10) para as características de peso de vagem por planta (PVP) e número de vagem por planta (NVP), proporcionando ganhos aditivos preditos de 15,765% e 14,328%, respectivamente. As progênies 7 e 2, oriundas dos cruzamentos (UENF 7-5-1) L6 x L20 (UENF 14-3-3) e (UENF 7-5-1) L6 x L13 (UENF 7-20-1), respectivamente, destacaram-se das demais pelos altos valores obtidos nas duas características.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., Melhoramento genético, Produtividade, REML/BLUP

ABSTRACT

CRUZ, Derivaldo Pureza da; Ms.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março, 2017; SELECTION OF F₃ BEAN POD PROGENIES VIA MIXED MODELS FOR THE NORTH FLUMINENSE REGION. Advisor: Geraldo de Amaral Gravina; Co-advisor: Marcelo Vivas; Consuelors: Rogério Figueiredo Daher e Alexandre Pio Viana.

Snap beans have an important contribution to the production of vegetables, especially in the state of Rio de Janeiro. Despite being highly cultivated by small producers, the study of this fabácea to obtain superior genotypes is still scarce. The use of techniques of mixed models REML / BLUP, allows to obtain values of the estimate of the genetic progress, per cycle of selection, thus inferring on the genetic gains obtained from the selection applied to the study population. The present research had the objective of estimating genetic parameters of the F₃ progenies, aiming to obtain superior strains of indeterminate growth habit bean. The base population was constituted of 10 progenies contrasting each other as to several morphological and agronomic characters. The experiment was conducted at the Federal Fluminense Institute, Campus Bom Jesus, RJ, Brazil, in a field trial, from May to September 2015. A randomized complete block design with three replications was used, and individual plants were evaluated within each replicate (block), consisting of ten plants, spaced 1.0 x 0.5m, and statistical analyzes were performed based on the eight central plants of the row. To estimate the genetic progress, the data of the evaluations of these progenies were used with the aid of the methodology of the mixed models REML / BLUP. The REML / BLUP

methodology was efficient in the selection of progenies and superior individuals providing significant gains. From the selection among and within among the 10 evaluated progenies, four progenies (7, 2, 6 and 10) were selected, being eight plants per progeny, for the characteristics of pod weight per plant (PVP) and number of pod per plant (NVP), yielding predicted additive gains of 15,765% and 14,328%, respectively. Progenies 7 and 2, from crosses (UENF 7-5-1) L6 x L20 (UENF 14-3-3) and UENF 7-5-1) L6 x L13 (UENF 7-20-1), respectively, stood out from the others by the high values obtained in the two characteristics.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., genetic improvement, productivity, REML/BLUP

1. INTRODUÇÃO

Produzido e consumido em vários países, o feijão-de-vagem tem sua produção mundial de vagem estimada em torno de 6,5 milhões de t.ano⁻¹ (FAO, 2010), tendo a China como principal produtor, seguida pela Indonésia e Turquia. O Brasil ocupa a sexta posição em volume produzido com produção de 56 mil t.ano⁻¹ e consumo de 0,7 kg. pessoa⁻¹ano⁻¹ (CEASA, 2010).

Pertencente à mesma família e espécie botânica do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), o feijão-de-vagem é uma hortaliça da qual são consumidas as vagens imaturas (Filgueira, 2003). Produz satisfatoriamente sob temperaturas compreendidas entre 18 e 30°C, entretanto, apresenta sensibilidade a temperaturas elevadas e a ocorrência de geadas, principalmente no período da diferenciação dos botões florais até o enchimento dos grãos nas vagens, reduzindo o número de vagens por planta, em decorrência da esterilização do grão de pólen com consequente queda das flores (Prela e Ribeiro, 2002).

No Brasil, a cultura é tradicionalmente produzida por agricultores familiares para o consumo *in natura* (Peixoto et al., 1993; 2001). A região Sudeste destaca-se com expressiva participação de cerca de 37 mil t.ano⁻¹, sendo o Estado do Rio de Janeiro responsável por 21% do total. Entretanto, apesar de o feijão-de-vagem ser bastante apreciado nas regiões Norte e Noroeste do Estado, a participação na produção é considerada baixa, devido às condições climáticas desfavoráveis ao cultivo (Vilela, 2008).

No Estado do Rio de Janeiro, os agricultores utilizam preferencialmente variedades de hábito de crescimento indeterminado por expressarem rendimentos mais expressivos e, por permitirem a rotação de culturas, diversificando a produção e aproveitando a estrutura e os resíduos de adubações em culturas como a do tomate (Francelino et al., 2011). Ainda de acordo com os autores, há vários problemas a serem resolvidos para aumentar a produtividade e a qualidade do feijão-de-vagem como: falta de cultivares com boa adaptabilidade às condições ambientais, suscetibilidade das cultivares às doenças, necessidade de sementes com boa qualidade dentre outros. Um dos meios para se obter significativos avanços neste sentido envolvem investimentos no melhoramento genético desta cultura, utilizando-se de métodos de melhoramento, avaliação e seleção das populações segregantes.

Instituições brasileiras têm desenvolvido ao longo dos anos, trabalhos com feijão-de-vagem. Entretanto, a cultura necessita de maior pesquisa, principalmente para incrementar características como produção e qualidade da vagem. No Brasil, o principal veículo de liberação de novas cultivares são as empresas privadas de produção de sementes, sendo que muitas destas cultivares são importadas (Rodrigues, 1997). Embora algumas pesquisas estejam sendo desenvolvidas, traduzindo-se em melhorias tanto no manejo como na produtividade dessa cultura, o melhoramento de características de interesses agrônômicos e de qualidade do grão tem sido praticado, de certo modo, empiricamente (Kurek et al., 2001).

Tendo em vista o desenvolvimento das regiões em estudo, Norte e Noroeste Fluminense, para as quais não existem cultivares recomendadas de feijão-de-vagem (Francelino et al., 2011), torna-se evidente a importância da produção de feijão-de-vagem, via melhoramento, por ser uma cultura adaptada ao clima tropical recorrente na região (Vilela et al., 2009).

O pesquisador de um programa de melhoramento, geralmente seleciona genótipos superiores de uma população geneticamente heterogênea. Como sendo o feijão-de-vagem uma espécie autógama, a oportunidade de ampliação da base genética para a seleção de indivíduos segregantes superiores é através da execução de cruzamentos entre grupos geneticamente divergentes (Lorencetti et al., 2006; Toledo et al., 2009). Após a escolha dos genitores, obtém-se a população híbrida que será conduzida com o auxílio de métodos de melhoramento pertinente com a composição genética da população (Ramalho et al., 1993).

Diante do exposto, a verificação da natureza e prolixidade dos efeitos gênicos que controlam um determinado caráter é de magnífica importância para o processo e progresso da seleção e predição do comportamento de gerações híbridas e segregantes (Cruz et al., 2004). Fazendo-se uso dos parâmetros genéticos, é presumível acessar qual tipo de herança controla o caráter, podendo-se, dessa forma, decidir qual método de melhoramento é mais adequado na aplicação e no desenvolvimento de novas cultivares (Lobo et al., 2005).

Proposto por Brim (1966), o método de melhoramento SSD (*Single Seed Descent*) preceitua que semente F_3 de cada indivíduo F_2 da população seja colhida aleatoriamente e agrupada, devendo-se estas constituir a geração F_3 , sendo esta agrupada e semeada. Adotando o mesmo processo, semente F_4 de cada indivíduo F_3 deve ser colhida repetindo-se o processo até a geração F_5 , a partir da qual obtêm-se indivíduos com maioria dos locos em homozigose, até que plantas individuais sejam submetidas ao teste de progênie (Borém e Miranda, 2009).

A utilização desse método permite ao pesquisador a averiguação da expressão da máxima variância genética entre as linhagens na população final, além de permitir que o experimento seja conduzido fora da região de adaptação da cultura. É um método muito importante para avanço de gerações, preferencialmente quando se dispõe de casa-de-vegetação e, como não sofre influência ambiental, é possível avançar duas ou mais gerações por ano (Borém e Miranda, 2009).

Resende e Duarte (2007) sugerem que os ensaios de avaliação de cultivares devem ser abordados do ponto de vista genético e estatístico, e não apenas sob a perspectiva estatística. Os autores ainda frisam que um dos parâmetros mais importantes para a avaliação da qualidade de um experimento, embora ainda pouco utilizado, é a acurácia seletiva, e isto se deve ao fato de que deste parâmetro 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. Diante disso, o desenvolvimento e a recomendação de novas variedades para os produtores necessitam que uma seleção seja feita entre um grande número de genótipos candidatos à seleção e, a estimação dos valores genotípicos é a chave para qualquer avanço no melhoramento genético (Piepho et al., 2008).

A predição dos valores genéticos dos vários materiais submetidos à seleção tem grande importância para o melhoramento genético. Entretanto, essa predição necessita de componentes de variância conhecidos, e como isto não é possível, têm-se utilizado estimativas destes componentes, ambos associados a um modelo linear misto, o qual contém efeitos fixos além da média geral e efeito aleatório além do erro (Resende, 2004). A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância (parâmetros genéticos) e a predição dos valores genotípicos. As estimativas dos parâmetros genéticos tais quais a herdabilidade e correlações genéticas são fundamentais para o delineamento de eficientes estratégias de melhoramento para uma determinada cultura (Resende, 2007a).

O método considerado ótimo e utilizado na estimação dos componentes de variância é o REML (Método da Máxima Verossimilhança Restrita), e o procedimento para a predição dos valores genéticos é o BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada) (Resende, 2004). O REML foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson em 1971 e constitui-se um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente. Algumas características específicas dos estimadores REML são: não vício, tal que a esperança matemática do estimador seja o próprio parâmetro; consistência, tal que, com o aumento do tamanho da amostra, a esperança do estimador convirja para o parâmetro e a variância do estimador seja zero; e eficiência, tal que o estimador apresente variância mínima dentre outros.

Dada a relevância da pesquisa, o estudo tem por objetivo o uso de modelos mistos, para auxiliar na seleção e desenvolvimento de genótipos superiores de feijão-de-vagem mais adaptados às condições edafoclimáticas da região Norte Fluminense, possibilitando aumento na produção e, conseqüentemente, melhoria da qualidade de vida dos produtores.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral:

- Realizar seleção em feijão-de-vagem através da avaliação das progênes, visando a obtenção e o lançamento de genótipos superiores para os produtores do Norte Fluminense.

2.2. Objetivos específicos:

- Estimar parâmetros genéticos na população segregante através do método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML);
- Predizer valores genéticos das progênes avaliadas através da Melhor Predição Linear Não Viesada (BLUP);
- Predizer os ganhos genéticos obtidos com base na seleção de plantas entre e dentro das progênes.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Origem do feijão-de-vagem

O feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é considerado como sendo de origem americana, porém com diferentes centros de diversidade genética em todo o continente (Singh *et al.*, 2001; Acosta-Gallegos *et al.*, 2007). O gênero *Phaseolus* está amplamente distribuído pelo mundo, sendo cultivado em regiões tropicais, subtropicais e temperadas.

Hipóteses diversas surgiram para explicar a origem e domesticação do feijoeiro. Três vertentes buscam esclarecer a sua origem: a primeira sustenta a hipótese de que a espécie tenha tido um centro de origem difuso, com áreas de domesticação independentes, ocorrendo na América Central e do Sul posteriormente, propôs-se a origem Sul-Americana pela dispersão, após domesticação para o México e a Guatemala; e finalmente, sugeriu-se a região Centro-Americana como sendo a única origem (Silbernagel, 1986; Gepts e Debouck, 1991; Zimmermann e Teixeira, 1996; Nuñez, 1997; Vieira *et al.*, 1999).

Tipos silvestres, semelhantes às variedades crioulas simpátricas encontradas no México, associadas à existência de tipos domesticados, datados de cerca de 7.000 a.C., sustentam a hipótese de que o feijoeiro teria sido domesticado na Mesoamérica e disseminado para a América do Sul. Todavia, indícios arqueológicos antigos, de cerca de 10.000 a.C., de feijões domesticados na América do Sul (sítio de Guitarrero, no Peru), apontam que o feijoeiro teria sido

domesticado na América do Sul e transportado para a América do Norte (Silbernagel, 1986; Zimmermann e Teixeira, 1996; Vieira et al., 1999).

Populações silvestres do gênero *Phaseolus* perpetuam-se atualmente, desde o Norte do México até o Norte da Argentina, em altitudes que variam entre 500 e 2.000 m (Debouck, 1986). De acordo com o tipo de faseolina constituinte da semente, dois centros principais de domesticação são conhecidos para a espécie, o centro Mesoamericano e o centro Andino (Gepts et al., 1986; Acosta-Gallegos et al., 2007; Arantes et al., 2008).

Caracteres morfoagronômicos e moleculares, assim como os padrões de eletroforese em proteínas e o tipo de faseolina, são algumas das mais diversas metodologias usadas para caracterizar o germoplasma do *Phaseolus vulgaris*, (Gepts et al., 1986; Singh et al., 1991; Teixeira et al., 2004; Checa e Blair, 2008; Moreira et al., 2009).

A base genética do feijão-de-vagem é considerada mais ampla quando comparado ao feijão comum, embora ambos pertençam à espécie *Phaseolus*, levando-se em consideração o tipo de faseolina na semente (S – grupo Mesoamericano) e de aspectos morfológicos da planta característicos do Grupo Andino (Skroch e Nienhuis, 1995).

Pesquisas ressaltam que o feijão-de-vagem é resultante de processos de mutação do feijão comum selecionado em regiões da América do Norte e Europa (Silbernagel et al., 1991). Contudo, Zaumeyer (1972) afirma que 70% do germoplasma do feijão-de-vagem das variedades em cultivo comercial são oriundos de três fontes: as cultivares *Tendercrop*, *Blue Lake* e *Harvest*.

Embora o feijão-de-vagem compartilhe o centro de origem e variedade botânica com o feijoeiro comum, Oca (1987) defende que a cultura teve sua origem na Europa, resultante de processos de mutação do feijão comum introduzido da América, tendo sua evolução e melhoramento ocorrido principalmente na França e nos Países Baixos, e as cultivares iniciais disponibilizadas no início do século XIX, oriundas de cruzamentos entre feijões cultivados na Europa e genótipos da América Central.

3.2. Classificação botânica do feijão-de-vagem

Botanicamente, o feijão-de-vagem pertence ao ramo Embryophytae Syphonogamae; sub-ramo Angiospermae; classe Dicotyledoneae; subclasse

Archichlamydeae; ordem Rosales; família Fabaceae; subfamília Papilionideae; tribo Phaseoleae; subtribo Phaseolineae; gênero *Phaseolus* L.; e espécie *Phaseolus vulgaris* L., é uma espécie diploide, com $2n=2x= 22$ e seus cromossomos são considerados extremamente curtos quando comparados com os de outras espécies vegetais (Vieira et al.,1999).

Segundo Debouck (1993), o gênero *Phaseolus* compreende aproximadamente 55 espécies, das quais apenas cinco são cultivadas: o feijoeiro comum e o feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.); o feijão-de-lima (*Phaseolus lunatus* L.); o feijão Ayocote (*Phaseolus coccineus* L.); o feijão-tepari (*Phaseolus acutifolius*); e o *Phaseolus polyanthus*.

De acordo com Vieira et al. (1999), o feijão-de-vagem apresenta ampla adaptação a climas quentes e amenos, permitindo seu cultivo em uma ampla faixa térmica, variando de 18 a 30°C. Em temperaturas superiores a 35°C, há deficiência de polinização, o que resulta em vagens deformadas e queda significativa na produtividade (Peixoto et al., 2002). Por outro lado, é intolerante a baixas temperaturas (menor que 15°C) e a geadas, fator limitante do cultivo durante o inverno, ocasionando baixa germinação e desenvolvimento retardado das plantas (Silbernagel, 1986; Mariot, 2000).

Apresentam hábito de crescimento determinado ou indeterminado, de acordo com sua constituição genética. Possui caule ereto e piloso com folhas compostas trifolioladas e lanceoladas, apresentando raízes superficiais. As flores do feijoeiro são heteroclamídeas, zigomorfas e pentâmeras (Silbernagel, 1986; Vieira, 1988; Zimmermann e Teixeira, 1996).

A planta é uma Fabácea que possui ciclo anual, herbácea, sistema radicular superficial, do tipo pivotante, contendo caule anguloso e com pelos simples, de onde são emitidos os ramos laterais, com folhas compostas e trifoliadas. Em função de sua morfologia floral, é classificada como autógama, uma vez que o estigma e as anteras encontram-se protegidos pelas pétalas, fazendo com que a polinização ocorra no momento da abertura da flor, fenômeno esse conhecido como cleistogamia (Castellane et al.,1988). Os frutos são denominados vagens, dotados de polpa espessa e formato afilado onde desenvolvem-se as sementes (Filgueira, 2003).

A vagem é o principal componente que diferencia o feijão-de-vagem do feijão comum, a qual possuem mesocarpo suculento e teor de fibras reduzido,

sendo utilizadas na alimentação quando a semente se encontra ainda em um estágio imaturo (estádio R8) (Fernandez et al.,1986; Silbernagel et al.,1991; Singh, 2001). Para serem consumidas, as vagens podem passar por cocção, ou ainda podem ser industrializadas e consumidas na forma de conserva (Castellane et al.,1988).

Os três caracteres básicos: tipo de vagem, coloração da vagem e hábito de crescimento, diferenciam as variedades de feijão-de-vagem. Genótipos do tipo “manteiga” possuem vagens de formato achatado em toda sua extensão; e o tipo “macarrão”, as vagens possuem um formato arredondado, sendo que, com relação à cor de vagem, existem quatro tipos básicos de colorações que podem ser assumidas pelos genótipos de feijão de vagem: verde-escura, verde-clara, amarela ou púrpura (Vilhordo et al., 1996; Filgueira, 2003).

Em relação ao feijão-de-vagem, são observadas principalmente plantas com dois hábitos de crescimento: o hábito determinado (Tipo I), quando a porção terminal da haste se encerra em uma inflorescência; e o hábito indeterminado (Tipo IV), quando a extremidade da haste termina em um meristema vegetativo que possibilita a continuidade do crescimento da planta (Castellane et al.,1988; Filgueira, 2003), no entanto, é possível encontrar genótipos intermediários entre os dois hábitos de crescimento.

Outras características como o comprimento da vagem mais acentuado quando comparado ao do feijão comum, constitui uma característica distintiva das variedades de feijão-de-vagem (Vilhordo et al.,1996; Filgueira, 2003).

3.3. Aspectos nutricionais do feijão-de-vagem

O feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) está entre as principais hortaliças, sendo a terceira melhor opção como fonte de cálcio entre 39 plantas (frutos e vegetais) analisadas por Stevens (1994). Além disso, o cálcio presente nas vagens e nos grãos imaturos é prontamente absorvido pelo organismo humano (Grusak et al., 1996).

O feijão-de-vagem também é componente importante da dieta humana, apresentando baixo teor de fibra e textura carnosa (Pípolo et al., 2001). Alimento rico em ferro, vitaminas, sais minerais e outros nutrientes (Silbernagel et al., 1991; Rodrigues et al., 1998a). Sua exploração comercial visa o aproveitamento direto

das vagens, podendo ser consumidas “*in natura*” ou industrializadas (Tessarioli Neto e Groppo, 1992).

Pesquisas realizadas pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA – indicaram, ainda, que o feijão-de-vagem contém cerca de 3% de proteína, o que contribui para a sua importância na complementação na dieta básica da população (Santos et al., 2002). As proteínas do feijão, bem como as de outras leguminosas, são ricas em lisina e limitadas em aminoácidos sulfurados como a metionina, cisteína e cistina (EMBRAPA, 2006).

O feijão-de-vagem apresenta uma apreciável quantidade de vitaminas A, C, B1 e B2. Além de possuir quantidades menores de minerais como cálcio, ferro, fósforo, flúor e potássio (Santos et al., 2002). A exploração comercial da cultura tem por finalidade o aproveitamento das vagens produzidas pela planta em seu estágio imaturo, seja para utilização industrial ou “*in natura*” nas mais diversas receitas culinárias ou na forma de conservas ou congeladas, sendo um alimento adequado para satisfazer as necessidades alimentares da população.

3.4. Importância socioeconômica do feijão-de-vagem

Produzido e consumido em vários países, o feijão-de-vagem tem sua produção mundial estimada em torno de 6,5 milhões de t.ano⁻¹ de vagem (FAO, 2010), sendo a China o principal produtor, seguida pela Indonésia e Turquia. Deste montante, 250 a 300 mil toneladas são produzidas por pequenos agricultores na América Latina, em propriedades de até 20 ha, fazendo-se uso de germoplasma de porte indeterminado na maioria dos casos (Silbernagel et al., 1991; Henry e Jansen, 1992; Abreu et al., 2004).

No Brasil, o feijão-de-vagem ocupa a sexta posição em relação ao total produzido e a 13^a em importância econômica dentre as hortaliças, com produção de 56 mil t.ano⁻¹ e consumo de 0,7 kg.pessoa⁻¹ano⁻¹ (CEASA, 2010). Semelhante ao que ocorre com o feijão comum, o feijão-de-vagem é cultivado principalmente por pequenos agricultores, que utilizam reduzido número de cultivares, empregando mão-de-obra familiar no processo de produção, conseqüentemente, com restrição à variabilidade genética e ao emprego de tecnologia e insumos, (Peixoto et al., 2001; 2002).

A região Sudeste do Brasil é responsável por cerca de 37 mil t.ano⁻¹ de feijão-de-vagem, representando 65,04% da produção nacional (IBGE, 2006), sendo

os estados de MG, SP e RJ os maiores produtores com 26,83%, 19,93% e 14,16% da produção total, respectivamente. No Rio de Janeiro, a média de comercialização de feijão-de-vagem, do quantitativo total de unidades do CEASA, é de aproximadamente 600 t.mês⁻¹ (CEASA, 2010). Portanto, a demanda é maior do que a oferta, o que indica que o cultivo do feijão-de-vagem é uma opção rentável para os pequenos produtores do Norte e Noroeste Fluminense (Vilela et al., 2009).

O Estado do Rio de Janeiro possui intenso desenvolvimento urbano, com 94,53% de sua população morando em cidades e vilas, constituindo o segundo maior polo industrial brasileiro e apresentando um setor de serviços responsável por cerca de 40% de seu Produto Interno Bruto (Ceperj, 2006). Essas características demográficas implicam em um modelo de agricultura baseado no atendimento das demandas de seus centros urbanos (Gonçalves, 2006). A facilidade no preparo e praticidade de processamento industrial do feijão-de-vagem tendem a elevar o seu consumo em centros urbanos (Silbernagel et al., 1995). A contribuição da agricultura para o PIB no estado do Rio de Janeiro no ano de 2004 (Ceperj, 2006) representou apenas 0,4% do produto interno bruto estadual, demonstrando que existe grande potencial agrícola a ser explorado e, conseqüentemente, maior contribuição da agricultura no Estado.

Dados do CEASA–RJ (2010) informam que foi comercializado um total de aproximadamente 7,7 mil toneladas de vagem, sendo 6 mil toneladas do tipo manteiga e 1,7 mil toneladas do tipo macarrão, tendo o município de Campos dos Goytacazes, contribuído com 1,2 mil toneladas do produto comercializado. Essas informações demonstram a potencialidade de expansão de mercado para a cultura, principalmente para os pequenos produtores do Norte Fluminense.

As principais cultivares de feijão-de-vagem recomendadas são de hábito de crescimento indeterminado (Abreu et al., 2004; Moreira et al., 2009), por apresentarem maiores produtividades frente aos genótipos de hábito determinado. No entanto, as cultivares de hábito determinado apresentam vantagens como: eliminação da necessidade de tutoramento; facilidade nos tratos culturais e na colheita e redução do ciclo da cultura (Peixoto et al., 1993; Pereira et al., 2003; Filgueira, 2003; Checa e Blair, 2008).

No Estado do Rio de Janeiro, a região serrana é a principal produtora e fornecedora de vagem para o CEASA–RJ, com destaque para os Municípios de Cachoeiras de Macacu, Nova Friburgo e Teresópolis, com predomínio das

cultivares de crescimento indeterminado, por apresentarem maior produtividade. Além disso, oferecem condições para a fixação do homem no campo, tornando-se uma alternativa a mais na geração de empregos e uma fonte de renda no meio rural (Abreu et al., 2004).

3.5. O melhoramento genético do feijão-de-vagem

Diversas instituições brasileiras de pesquisa têm desenvolvido trabalhos com feijão-de-vagem. Todavia, há necessidade de maiores investimentos na cultura, principalmente para incrementar qualidade no principal fator de produção que são as vagens, já que no Brasil o principal veículo de criação e liberação de novas cultivares de feijão-de-vagem são as empresas privadas de produção de sementes, e muitas destas cultivares são importadas (Rodrigues, 1997).

A produção de sementes de feijão-de-vagem em si não depende de tecnologias complexas ou muito caras. Talvez o ponto crítico da cultura esteja no desenvolvimento de cultivares mais resistentes a fatores ambientais adversos, sem que isso altere o valor comercial. Há vários problemas a serem resolvidos para aumentar a produtividade e a qualidade do feijão-de-vagem como: falta de cultivares com boa adaptabilidade às condições ambientais, suscetibilidade às doenças e pragas, necessidade de sementes com boa qualidade, etc. Um dos meios para se obter significativos avanços neste sentido envolvem investimentos no melhoramento genético desta cultura, utilizando-se de introdução de plantas, seleção de linhas puras e hibridação e uso de métodos de avaliação e seleção.

As características desejáveis que uma cultivar deve possuir são: vigor, alta produtividade, moderada resistência a doenças e pragas, produzir vagens no padrão exigido pelos consumidores, com forma e dimensões que satisfaçam às exigências do mercado; possuir sabor agradável e ser desprovida de fios ou fibras (Castellane et al., 1988; Blanco et al., 1997).

Na escolha dos genitores, visando hibridação e formação de populações segregantes, devem-se considerar características como qualidade para consumo e/ou industrialização e adaptação das linhagens para cultivo na região de investigação do programa de melhoramento (Zimmermann et al., 1996).

Embora exista no mercado brasileiro cultivares de boa aceitação, Hamasaki et al., (1998) ressalta que há a necessidade de um programa nacional de avaliação e recomendação de cultivares que poderia contribuir com a seleção dos genótipos

mais adaptados em ambientes específicos. Essas pesquisas se fazem necessárias em função de obter alta precisão na indicação de cultivares, proporcionando maior segurança aos produtores.

Na escolha de novos genótipos, é sempre desejável a execução de ensaios de avaliação, visando à seleção dos mais adaptados. Recomendam-se, inicialmente, plantios em escala experimental e, após obtidos resultados satisfatórios, deverão ser realizados plantios em escala comercial. Este procedimento é indispensável para a recomendação de novas cultivares, pois a resposta de cada genótipo depende dos fatores ambientais preponderantes, principalmente o clima e o solo (Figueira, 2008).

Para Peixoto et al. 1993, as empresas produtoras de sementes interessam em cultivares estáveis que possam ser cultivadas em diferentes ambientes, logo, para o produtor seria desejável cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas da sua região de cultivo, empregando tecnologia específica na produção.

Na busca por cultivares superiores, a utilização da variabilidade genética nos cruzamentos de grupos geneticamente divergentes representa uma importante estratégia para obter ganhos com a seleção. As plantas de hábito de crescimento indeterminado, com ramificações e internódios curtos e, conseqüentemente, de porte mais ereto, apresentam menor produtividade de grãos do que aquelas com ramificações e internódios mais longos, ainda que de menor hábito de crescimento. Contudo, é possível obter plantas que associem porte ereto, grãos de tamanho comercialmente aceitável e alta produtividade (Menezes Júnior et al., 2008).

Em programas de melhoramento para esses caracteres, é necessário identificar populações segregantes que possibilitem o sucesso da seleção. Na escolha dessas populações, existem métodos que auxiliam na decisão, como a metodologia de Jinks e Pooni (1976), uso de cruzamentos dialélicos, dentre outros.

A metodologia de Jinks e Pooni (1976) baseia-se no fato de que para características quantitativas é possível predizer em gerações precoces a média e a variância das linhas puras que serão obtidas. Sabendo que para um caráter quantitativo a distribuição se aproxima de uma distribuição normal, suas propriedades podem ser utilizadas para estimar a probabilidade de ocorrência de linhagens com fenótipo que supere a um determinado padrão. Na maioria dos casos, essa metodologia tem sido utilizada para avaliar a proporção de linhagens superiores aos genitores, a uma linhagem de desempenho conhecido ou a uma

cultivar adaptada à região de interesse do melhorista, sem qualquer alteração do método (Pooni e Jinks, 1978).

Entre esses métodos, os cruzamentos dialélicos têm sido os mais empregados em várias espécies, inclusive no feijoeiro (Mendonça et al., 2002; Jung et al., 2007). Na seleção de linhagens e populações segregantes superiores, devem-se considerar vários caracteres conjuntamente. Nesse sentido, a seleção simultânea de vários caracteres desejáveis é uma alternativa que pode aumentar a probabilidade de sucesso em um programa de melhoramento.

3.6. *Single seed descent (SSD)*

O método SSD permite ao melhorista o avanço de gerações, mantendo a variabilidade genética (Johnson e Bernard, 1962). Segundo Fehr (1978), esse método possibilita que grande número de plantas F_2 seja representado nas gerações futuras com rápida fixação dos genes nas linhas melhoradas. A principal característica desse método é a separação da fase de aumento de homozigose da fase de avaliação e seleção. A avaliação e seleção de genótipos só se iniciam após a obtenção das linhagens em homozigose (Ramalho et al., 1993).

O método "*Single Seed Descent*" (SSD) foi proposto por Brim (1966) e, consiste basicamente em avançar para as gerações subsequentes cada planta da geração F_2 , por meio de uma única semente até atingir certo grau de homozigose. Assim, de cada planta F_2 de um determinado cruzamento, colhe-se uma única semente, ao acaso, para o avanço de geração. Repete-se o processo com as gerações F_3 e F_4 . A partir da geração F_5 ou F_6 , em vez de se tomar uma semente por planta, colhem-se plantas individuais que serão semeadas em fileiras separadas e avaliadas para características agronômicas desejáveis.

É sabido que a variância genética aditiva entre as plantas nas populações segregantes aumenta na medida em que se avançam gerações (Ramalho et al., 1993; Machiavelli e Beaver, 2001), portanto, a seleção de indivíduos em gerações avançadas, como ocorre no método SSD, beneficia-se da maior variância genética aditiva presente.

Na concepção de Ramalho et al. (1993), as principais vantagens do método SSD é que fornece máxima variância genética entre linhagens na população final, é de fácil condução, atinge rapidamente o nível desejado de homozigose, não exige registro das genealogias, pode ser conduzido fora da região de adaptação e requer

pequena demanda de área e de mão-de-obra. Os autores destacam que o método SSD oferece, ainda, benefícios em situações onde é desejável a seleção simultânea de várias características com diferentes herdabilidades. Em comparação com o método genealógico, Pereira (1983) verificou que no cultivo de soja a seleção pelo método SSD foi mais eficiente, uma vez que os genótipos obtidos pelo método SSD foram agronomicamente superiores, principalmente no aspecto de qualidade de sementes.

Como desvantagem do método há a menor oportunidade de seleção nas gerações precoces, excluindo o aproveitamento da seleção natural quando esta é favorável, a qual se torna mais proeminente quando plantas indesejáveis são mantidas dentro da população (Ramalho et al., 1993).

Tigchellar (1986) afirmou que, em relação ao tomateiro, a seleção em gerações precoces pelo uso do método genealógico associada com o SSD nas gerações subsequentes mostrou maior eficiência, tanto em tempo quanto em progresso genético. Raposo et al. (2000) compararam cinco métodos de condução de populações segregantes em feijoeiro-comum (SSD, "bulk", genealógico, "bulk" dentro de F_3 e "bulk" dentro de F_2) e observaram que os métodos não apresentam diferenças marcantes na obtenção de famílias superiores. No entanto, considerando a facilidade e flexibilidade de condução, os métodos "bulk" e SSD são mais vantajosos para os melhoristas.

Outras vantagens deste método são: menor espaço por geração, menor dispêndio de esforço na colheita, não há necessidade de anotações e a seleção para caracteres de alta herdabilidade (altura de planta, maturação, floração e resistência às doenças) pode ser praticada em plantas individuais.

3.7. Modelos mistos - REML/BLUP

O investimento e a intensificação das pesquisas dos programas em melhoramento genético poderiam se tornar alternativas viáveis para aumentar a produção dos agricultores que cultivam o feijão-de-vagem, selecionando genótipos mais produtivos e adaptados às condições de cultivo da região de interesse. Dessa forma, a variabilidade genética existente na população torna-se uma condição ideal para que o pesquisador possa exercer uma pressão de seleção artificial alcançando progresso pela obtenção de genótipos superiores (Coimbra et al., 1999).

Carvalho et al. (1981; 2001) comentam que embora seja importante o uso de parâmetros que auxiliem na identificação de variabilidade com o objetivo de selecionar genótipos superiores, apenas isso não basta para quantificar a variação existente de uma determinada população, sendo primordial estimar outros parâmetros como a herdabilidade para indicar quanto da variabilidade observada se deve ao genótipo ou ao ambiente, aumentando assim a eficiência da seleção. É de suma importância o conhecimento do grau de relação genética entre a planta-mãe e suas progênes, estimado através da herdabilidade, o que confere ao melhorista estabelecer uma relação adequada com os objetivos a serem alcançados no programa de melhoramento genético.

Uma das grandes dificuldades enfrentadas pelos programas de melhoramento nas fases iniciais em relação à obtenção de progresso genético, relacionada ao caráter produtividade é principalmente por se tratar de um caráter quantitativo, portanto de difícil seleção nas primeiras gerações, visto que o número de *locus* heteróticos em F₂ é bastante significativo (Coimbra et al., 1999).

Assim, o estudo e a identificação de parâmetros genéticos como o coeficiente de variação genética, herdabilidade e a correlação entre caracteres assumem um papel de grande relevância para o sucesso na seleção deste caráter, pois através destes pode-se conhecer a variabilidade genética, o grau de expressão de um caráter de uma geração para outra e a possibilidade de ganhos através da seleção direta ou indireta (Rocha et al., 2003).

Resende e Duarte (2007) sugerem que os ensaios de avaliação de cultivares devem ser abordados do ponto de vista genético e estatístico e não apenas sob a perspectiva estatística. Os autores ainda frisam que um dos parâmetros mais importantes para a avaliação da qualidade de um experimento, embora ainda pouco utilizado, é a acurácia seletiva, isto se deve ao fato de que este parâmetro 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.

Diante disso, o desenvolvimento de novas cultivares quanto à recomendação de novas variedades para os produtores necessitam que uma seleção seja feita entre um grande número de genótipos candidatos à seleção e, que a estimação dos valores genotípicos é a chave para qualquer avanço no melhoramento genético (Piepho et al., 2008).

A predição dos valores genéticos dos vários materiais submetidos à seleção tem grande importância para o melhoramento genético, já sua predição necessita de componentes de variância conhecidos, e como isto não é possível, têm-se utilizado estimativas destes componentes, ambos associados a um modelo linear misto, o qual contém um efeito fixo, além da média geral e efeitos aleatórios, além do erro (Resende, 2004).

A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância (parâmetros genéticos) e a predição dos valores genotípicos. As estimativas dos parâmetros genéticos tais quais a herdabilidade e correlações genéticas são fundamentais para o delineamento de eficientes estratégias de melhoramento para uma determinada cultura (Resende, 2007a).

Segundo Resende (2004), o método considerado ótimo e utilizado na estimação dos componentes de variância é o REML (Método da Máxima Verossimilhança Restrita), e o procedimento para a predição dos valores genéticos é o BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada).

O REML foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson em 1971 e constitui-se um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente. Assim, o REML tem substituído com vantagens o método ANOVA criado pelo cientista inglês Ronald Fisher em 1925. Embora, para situações simples, os dois procedimentos sejam equivalentes em nível de informação, porém, em situações mais complexas encontradas na prática, a ANOVA seria um procedimento apenas aproximado (Resende, 2004; 2007a).

Algumas características específicas dos estimadores REML são: (a) não vício, tal que a esperança matemática do estimador seja o próprio parâmetro; (b) consistência tal que, com o aumento do tamanho da amostra, a esperança do estimador convirja para o parâmetro e a variância do estimador seja zero; (c) eficiência, tal que o estimador apresente variância mínima; (d) suficiência, tal que o estimador condense o máximo possível a informação contida na amostra e não seja função (dependente) do parâmetro; (e) invariância de translação; tal que a estimação dos componentes de variância não seja afetada por mudanças nos efeitos fixos.

Para Resende (2004), estes procedimentos estão amplamente relacionados aos modelos mistos, como: (a) modelos com efeitos aleatórios de tratamentos e efeitos fixos de ambiente; (b) modelos com efeitos fixos de tratamentos e efeitos aleatórios de ambiente. Assim, as inferências sobre os tratamentos serão realizadas pelos procedimentos REML/BLUP no caso de genótipos com efeitos aleatórios e pelo procedimento REML/GLS para o caso de efeitos fixos de genótipos, mas os dois casos apresentam a interação genótipo X ambiente como efeito aleatório, possibilitando que inferências sobre os genótipos sejam realizadas para toda a população, não somente sobre os genótipos avaliados.

A consideração dos efeitos de tratamentos como aleatórios é essencial ao melhoramento genético, uma vez que esta é a única forma de fazer seleção genética. Caso contrário a seleção é apenas fenotípica e não genética, visto que a única forma de se eliminar os efeitos ambientais residuais embutidos nos dados fenotípicos é por meio do efeito *shrinkage* ou multiplicação do valor fenotípico corrigido por uma função da herdabilidade do caráter sob seleção, uma das propriedades do estimador REML/BLUP (Resende, 2004; 2007).

A utilização dos BLUP's é considerada uma alternativa viável visando diminuir os custos e o tempo para a obtenção e avaliação dos híbridos, pois a utilização do mesmo permite realizar apenas os cruzamentos onde os genitores apresentam-se como promissores para as características desejáveis com base nos BLUP's. A predição dos valores genéticos associados às observações fenotípicas permite inferir sobre a predição do desempenho genético dos híbridos que não estejam presentes ou que tenham sido perdidos, a partir das covariâncias genéticas entre os genótipos a serem cruzados (Rocha et al., 2007; Baldissera et al., 2012).

No melhoramento de plantas seu uso ainda é relativamente pequeno quando comparado às aplicações dentro do melhoramento animal, isto porque os experimentos com plantas geralmente são balanceados. Quando o balanceamento é completo, Bernardo (2002) afirma que o BLUP e o método dos quadrados mínimos (MQM) dispõem das mesmas informações, indicando a utilização preferencial do BLUP na análise de experimentos desbalanceados.

Para Resende (2002), as principais vantagens práticas do REML/BLUP são: permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite

lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. População de estudo

Silva (2013) avaliou 12 genótipos de feijão-de-vagem do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual do Norte Fluminense, visando a obtenção de populações produtivas através de um dialelo parcial, onde obteve e avaliou híbridos F_1 e os genitores.



Sousa (2014; 2017), objetivando selecionar progênies F_2 para caracteres de produção baseados nos procedimentos REML/BLUP, utilizou 55 genótipos de feijão-de-vagem, sendo 42 progênies F_1 obtidas dos cruzamentos dialélicos e 13 dos parentais.



Na presente pesquisa, foram utilizadas as dez melhores progênies F_3 provenientes do trabalho desenvolvido por Sousa (2014), com o objetivo de avaliação e seleção para características quantitativas via modelos mistos.

Fluxograma da população de estudo utilizada na pesquisa.

4.2. Local de condução do experimento

O presente experimento foi instalado e conduzido na área experimental do Instituto Federal Fluminense –(IFF), localizado no município de Bom Jesus do Itabapoana, Noroeste do estado do Rio de Janeiro - RJ, com coordenadas geográficas 21° 08' S e 41° 40' W. O clima da região caracteriza-se como Aw, segundo a classificação de Köppen, com uma estação quente e chuvosa e outra seca. Sua altitude é de 88 metros, temperatura média anual oscilando de 22°C a 25°C e precipitação média anual de 1200 a 1300 mm.

4.3. Delineamento experimental e condução do experimento

O trabalho foi idealizado com o intuito de selecionar genitores superiores e avançar gerações através do método SSD (*Single Seed Descent*) modificado. O delineamento estatístico experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições, sendo a parcela experimental constituída de dez plantas individuais no espaçamento de 1,0 x 0,5m, totalizando 300 unidades experimentais, avaliando-se oito plantas por parcela. O experimento contou com uma área de bordadura contornando integralmente a área experimental para minimizar os efeitos ambientais. O solo da área utilizada apresenta topografia plana e textura argilosa. A adubação foi realizada de acordo com as exigências da cultura, mediante fontes de nitrogênio, fósforo e potássio (NPK), baseada em análise de solo, obtida por amostra coletada e analisada (0 a 20 cm de profundidade) pelo laboratório de solos da Universidade Federal do Espírito Santo.

A semeadura foi realizada colocando-se duas sementes por cova, a uma profundidade de 2,5 cm. Ao final da emergência, que se completa por volta do 7º dia após a semeadura, foi realizado o desbaste, mantendo-se apenas uma planta por cova. Aproximadamente quinze dias após a emergência, as plantas foram tutoradas com uso de bambu e arame. Durante a condução do experimento foram realizados os tratos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura, segundo Filgueira (2008), bem como a irrigação por aspersão.

As progênies foram avaliadas com relação aos seguintes caracteres:

Peso de vagem por planta (PVP) – Quantificação do peso total em gramas (g) das vagens verdes de cada planta, obtida através de balança de precisão.

Número de vagem por planta (NVP) – Quantificação do número total de vagens de cada planta após a colheita.

4.4. Análises estatísticas e genéticas

Foram realizadas análises individuais referentes aos valores por planta das duas características utilizadas para a seleção. O programa utilizado para estimação e predição dos valores genéticos foi o SELEGEN – REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood – Best Linear Unbiased Prediction*), sendo o procedimento adotado pelo programa para a predição dos valores genéticos, o BLUP (melhor predição linear não viciada), utilizando-se de estimativas de variância obtidas através do método REML (máxima verossimilhança restrita), apresentados por Resende (2016).

O modelo genético estatístico do Selegen utilizado para estimar os componentes de variância e predizer os valores genotípicos foi o número 61 (Resende, 2007b), com a seguinte descrição: $y = Xr + Za + Wp + Tb + \varepsilon$; em que y é o vetor de dados; r é o vetor dos efeitos de populações e testemunhas, considerados como de efeitos fixos; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios); b é vetor dos efeitos de blocos (fixos); ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); e X , Z , W , T são matrizes de incidência para os efeitos r , a , p e b , respectivamente.

4.4.1. Componentes de Variância (REML Individual)

V_a : variância genética entre famílias, equivalendo a variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando-se os componentes D1 e D2.

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas.

V_{proc} : variância genética entre populações.

V_e : variância residual.

V_f : variância fenotípica individual.

$h^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$c^2_{\text{parc}} = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

$c^2_{\text{proc}} = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos de populações.

$CV_{g\%}$: coeficiente de variação genética aditiva individual, ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância.

$CV_{e\%}$: coeficiente de variação residual.

$\Delta g = ds \cdot h_a^2$: ganho de seleção.

Tanto a herdabilidade entre progênieis quanto a herdabilidade dentro de progênieis encontram-se inflacionadas pela fração (1/4) da variância genética de dominância. Isto não deverá afetar a seleção de indivíduos, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos valores genéticos dos mesmos, estando as duas inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será afetada (Resende, 2007b).

4.4.2. Estimadores dos componentes de variância

Na distribuição e estrutura de médias e variâncias, consideraram-se as seguintes condições:

$$\begin{aligned} y|r, V &\sim N(Xr, V) \quad a|\sigma_a^2 \sim N(0, I\sigma_a^2); \quad p|\sigma_p^2 \sim N(0, I\sigma_p^2); \\ b|\sigma_b^2 &\sim N(0, I\sigma_b^2); \quad e|\sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2); \quad \text{Cov} = (a, p') = 0; \\ \text{Cov}(a, b') &= 0; \quad \text{Cov}(a, e') = 0; \quad \text{Cov}(p, b') = 0; \\ \text{Cov}(p, e') &= 0; \quad \text{e} \quad \text{Cov}(b, e') = 0; \end{aligned}$$

ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{e} \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WP & TB & R \\ GZ' & G & 0 & 0 & 0 \\ PW' & 0 & P & 0 & 0 \\ BT' & 0 & 0 & B & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que:

$$G = I\sigma_a^2; \quad R = I\sigma_e^2; \quad P = I\sigma_p^2; \quad B = I\sigma_b^2;$$

$$V = ZI\sigma_a^2Z' + WI\sigma_p^2W' + TI\sigma_b^2T' + I\sigma_e^2$$

As equações de modelo misto para a predição BLUP dos valores genéticos individuais equivalem a:

$$\begin{bmatrix} X'X & Z'X & X'W & X'T \\ Z'X & Z'ZI\lambda_1 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I\lambda_3 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \tilde{a} \\ \tilde{p} \\ \tilde{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix}$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - C_p^2 - C_b^2}{h^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h^2 - C_p^2 - C_b^2}{C_p^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h^2 - C_p^2 C_b^2}{C_b^2};$$

$C_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_a^2} + \sigma_p^2 + \sigma_b^2 \sigma_e^2$ é a correlação, em razão do ambiente comum

da parcela; e

$C_b^2 = \sigma_b^2 / \sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2$ é a correlação, em razão do ambiente comum do bloco.

Os estimadores iterativos dos componentes de variância foram obtidos por REML, via algoritmo em:

$$\sigma_e^2 = \frac{[y'y - \hat{r} X'y - \tilde{a} Z'y - \tilde{p} W1y - \tilde{b} T'y]}{[N - r(X)]}; \sigma_a^2 = [\tilde{a}'\tilde{a} + \sigma_e^2 \text{tr} C^{22}] / q;$$

$\sigma_p^2 = [\tilde{p}'\tilde{p} + \sigma_e^2 \text{tr} C^{33}] / s$; $\sigma_b^2 = [\tilde{b}'\tilde{b} + \sigma_e^2 \text{tr} C^{44}] / \eta$; e C^{22} , C^{33} e C^{44} , advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

Em que: C é a matriz dos coeficientes das equações de modelo misto; tr é operador-traço matricial; r(x) é posto da matriz X; N, q, s e η correspondem ao número total de dados, de indivíduos, de parcelas e de blocos, respectivamente. Utilizando-se o índice multiefeitos, derivados por Resende e Higa (1994), tem-se que o índice ótimo ou BLUP, neste caso, é dado por:

$$I_m = b_1 \delta_{ijk} + b_2 g_i + b_3 c_{ij} = b_1 (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij}) + b_2 (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + b_3 (\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})$$

em que:

$b_1 = (1/2) \sigma_a^2 / \hat{\sigma}_\delta^2$ é a herdabilidade do efeito de indivíduo dentro de parcela;

$b_2 = \frac{(2nb+1)}{2nb} \sigma_a^2$ é a herdabilidade do efeito de populações; e

$$\sigma_f^2 + \frac{\sigma_p^2}{b} + \frac{\sigma_\delta^2}{nb}$$

$b_3 = \frac{[(1/2)/n]\sigma_a^2}{\sigma_c^2 + \sigma_\delta^2/n}$ é a herdabilidade do efeito de parcela.

Os componentes de variância σ_f^2 , σ_p^2 e σ_δ^2 , referem-se às variâncias entre populações, entre parcelas e dentro de parcelas, respectivamente; enquanto que as quantidades n e b referem-se aos números de indivíduos por parcela e número de blocos, respectivamente.

A estimação de σ_a^2 com dados apenas da geração F_3 implica em assumir $0,25 \sigma_d^2$, com tendência a zero, na variação entre e dentro de progênies. Assim, ainda que sem a referente suposição, a presença mínima da fração da variância de dominância (σ_d^2) provavelmente não afetará o ranking pelo BLUP, em razão de as duas herdabilidades serem incluídas no cômputo dos valores genéticos. Sendo que ambas as estimativas influenciadas igualmente manterão suas proporções inalteradas (Resende, 2007b).

Ao empregar a metodologia de modelos mistos em dados desbalanceados, os efeitos do modelo não devem ser testados via teste F , tal como se procede utilizando o método da análise de variância (Resende, 2007a). Portanto, o teste recomendado para os efeitos aleatórios é o teste da razão de verossimilhança (LRT), por meio de uma análise de deviance. Tal análise, recomendada por Resende (2007a), generaliza a análise de variância clássica, tanto para dados balanceados como também para desbalanceados, indicando a qualidade do ajuste do modelo. Sendo a deviance uma estatística derivada da razão entre as verossimilhanças do modelo completo, em relação ao modelo sem o efeito que se deseja testar.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Estimativas de parâmetros genéticos via REML

Com relação às estimativas dos parâmetros genéticos, os resultados obtidos referentes aos dois caracteres avaliados (PVP) e (NVP) estão representados na Tabela 1. Para a realização das análises, foram utilizados os valores individuais das plantas de cada progênie.

Tabela 1. Parâmetros genéticos estimados para peso de vagem por planta (PVP) em kg/planta, e número de vagem por planta (NVP) e a média geral das progênies.

Estimativas	PVP	NVP
σ_g^2	0,028	382,404
σ_a^2	0,019	229,349
σ_{ep}^2	0,025	258,450
σ_{er}^2	0,135	1605,449
σ_{fi}^2	0,209	2475,653
h_a^2	0,092 ± 0,056	0,092 ± 0,056
c_{parc}^2	0,136	0,154
c_{proc}^2	0,123	0,104
$Cv_{gi}\%$	10,590	10,497
$Cv_e\%$	16,226	16,737
Cv_r	0,652	0,627
Média geral	1,313	144,266

σ_g^2 : variância genética entre populações; σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_{ep}^2 : variância ambiental entre parcelas; σ_{er}^2 : variância residual (ambiental + não aditiva); $\sigma_{fi}^2 = V_a + V_{parc} + V_e$: variância fenotípica individual; $h_a^2 = V_a/V_f$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos; $c_{parc}^2 = V_{parc}/V_f$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $c_{proc}^2 = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de populações; $Cv_{gi}\% = [(V_a)^{1/2} / \text{Média Geral}] \cdot 100$: coeficiente de variação genética aditiva individual; $Cv_e\% = \{[(0,75 V_a + V_e)/3 + V_{parc}]^{1/2} / \text{Média Geral}\} \cdot 100$: coeficiente de variação experimental.

A estimativa da variância genética entre populações (σ_g^2), quando expressa valores significativos e diferentes de zero, é um indicativo da ocorrência de variabilidade genética entre as populações em função do genótipo, possibilitando a seleção de populações superiores para as características avaliadas. Ambas as características, peso de vagem por planta PVP e número de vagem por planta NVP apresentaram variância genética de 0,028, e 382,404, respectivamente. Tais valores detectam a variabilidade genética existente entre os genótipos, podendo ser aproveitada para fins de seleção, tendo em vista que o peso de vagem é o principal caráter de grande relevância econômica para a cultura.

A variância genética aditiva (σ_a^2) foi de 0,019 para PVP, enquanto que para NVP foi de 229,349, sendo este último valor considerado expressivo para a característica. O êxito na seleção de genótipos superiores depende também do componente da variância ambiental entre parcelas (σ_{ep}^2), visto que a variação manifestada no fenótipo é dada em função das condições ambientais.

Realizando uma análise mais detalhada dos parâmetros contidos na Tabela 1, é possível afirmar que não houve diferença no coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para as duas características, sendo considerado de baixa magnitude, e, as variâncias (σ_g^2 , σ_a^2 , σ_{ep}^2 , σ_{er}^2 e σ_{fi}^2) são próximas para as duas características estudadas PVP e NVP, pois os coeficientes de determinação e os coeficientes de variação CVs corroboram com os valores obtidos.

Moreto (2008) afirma que a comparação de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos não é muito fácil, porque além da variação genética da população existem diferenças na unidade de avaliação, precisão experimental, número de plantas, interação genótipos x ambientes e vários outros fatores que podem interferir nas estimativas.

Segundo Borém (1997), caracteres que se desenvolvem em curto período de tempo estariam menos sujeitos à interação com o ambiente e, desta forma, expressariam maior valor de herdabilidade do que aqueles caracteres sujeitos a um período de desenvolvimento maior, fato este que pode ser observado neste trabalho, em razão de haver constante formação e desenvolvimento das vagens, com consequente impacto nos valores de herdabilidade para as duas características estudadas.

Fehr (1987) afirma que altos valores de herdabilidade podem estar associados com maior variabilidade genética aditiva, menor variação de ambiente e menor interação genótipo x ambiente.

No melhoramento do feijão-de-vagem não foram encontrados muitos trabalhos que relacionem o emprego do BLUP, com foco na estimativa do valor genotípico individual no processo de seleção da cultura, especialmente na condução de experimentos com repetição. Algumas publicações apontam que o BLUP estima o verdadeiro valor genotípico (Resende, 2002), o que representa vantagem na identificação e seleção de indivíduos superiores.

Baixas herdabilidades de sentido amplo evidenciam que, embora tenha ocorrido a predominância dos efeitos genéticos sobre os efeitos ambientais em algumas características, a eficiência da seleção em plantas individuais torna-se bastante limitada nas gerações segregantes pouco avançadas, em razão de a herdabilidade no sentido restrito ser a porção da variância genética que pode ser fixada à seleção. Apesar da baixa magnitude, esses valores são importantes para o melhoramento por se tratar de características poligênicas, devendo-se considerar qualquer ganho nas características provenientes da seleção.

Os coeficientes de determinação dos efeitos de parcela (C_{parc}^2) e, de determinação dos efeitos de populações (C_{proc}^2) também são medidas que caracterizam a qualidade experimental e mede a variação ambiental entre parcelas dentro de blocos e populações, respectivamente. Quando elevados, esses valores indicam alta variabilidade entre parcelas dentro dos blocos e alta correlação ambiental entre observações dentro da parcela. Os valores obtidos nesse trabalho representam 13,6% e 12,3% para (PVP), 15,4% e 10,4% para (NVP) da variação fenotípica total das características ocorrida em função da variação ambiental para os dois coeficientes de determinação, simultaneamente. De acordo com Ramalho et al. (2013), o sucesso na seleção de progênies superiores está intrinsecamente ligado à experimentação adequada, pois, para a análise estatística resultar em boas predições de BLUP, é indispensável que haja boas estimativas dos componentes de variância.

O coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{\text{gi}}\%$) quantifica a magnitude da variação genética disponível para a seleção e, portanto, altos valores são desejáveis. Os dados obtidos neste trabalho apresentam 10,590 para PVP enquanto que para NVP foi de 10,497. Analisando as estimativas do coeficiente de

variação experimental (CV_e), obteve-se 16,226 para PVP e 16,737 para NVP, valores considerados aceitáveis para as duas características, o que sugere aceitáveis condições de precisão na condução do experimento.

Outro parâmetro muito importante como estratégia de seleção, utilizado no melhoramento de plantas é o coeficiente de variação relativa (CV_r) ou índice de variação (IV), que representa a razão entre o (CV_{gi}) e (CV_e). Contudo, ele não é influenciado pela média do caráter. De acordo com Vencovsky (1987), quando o índice é próximo ou superior a 1, interpreta-se que há ótimas condições para a seleção de uma determinada característica. Tendo como base este parâmetro, as características PVP e NVP podem propiciar ganhos genéticos aceitáveis, visto que a magnitude do parâmetro para as características foram de 0,652 e 0,627, respectivamente, considerados magnitude moderada. Estes valores evidenciam uma significativa proporção de variação genética em relação à influência ambiental, propiciando condição ao processo de seleção.

A avaliação, seleção e recomendação de novas cultivares, que superponha níveis de produtividade de cultivares comerciais, constitui um dos principais desafios dos melhoristas, principalmente quando se trata de caracteres de herança quantitativa. O uso de procedimentos genético estatísticos mais elaborados, a exemplo da metodologia de modelos mistos, é uma tendência no melhoramento genético de plantas. Procedimentos estes capazes de fornecer parâmetros complementares importantes na identificação de genótipos superiores (Maia et al., 2011; Ramalho e Araújo, 2011).

Resende et al. (2001) salienta que o uso dos modelos mistos (REML/BLUP) é de grande importância na obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos e predições de valores genotípicos em um programa de melhoramento, e destaca suas principais vantagens, como: pode ser aplicado a dados desbalanceados; não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de vários experimentos, gerando estimativas mais precisas; corrige os dados para os efeitos ambientais e, prediz de maneira precisa e não viciada os valores genotípicos, conduzindo à maximização do ganho genético com seleção. Em razão disso, permite-se utilizar conjuntos de dados que foram tomados, normalmente dentro dos programas de melhoramento, sem antes ter estimado parâmetros genéticos por

falta de metodologia apropriada que contemplasse, inclusive, dados desbalanceados.

5.2. Seleção entre progênies

Os resultados analisados referentes às progênies selecionadas em função dos efeitos genéticos, ganhos genéticos e novas médias, obtidos para a característica PVP, estão apresentados na Tabela 2. O valor médio obtido das progênies F₃ foi de 1,313kg para peso de vagem por planta PVP.

Tabela 2. Predição dos efeitos genéticos, ganhos genéticos preditos e nova média da população melhorada para o caráter peso de vagem por planta (PVP) em kg/planta⁻¹, em progênies F₃ de feijão-vagem, avaliadas em Bom Jesus do Itabapoana – Rio de Janeiro, 2015.

Ordem	Progênie	Valor genético	Ganho	Nova Média
1	7	0,228	0,228	1,541
2	2	0,150	0,189	1,502
3	6	0,064	0,147	1,460
4	10	0,010	0,113	1,426
5	5	-0,002	0,090	1,403
6	3	-0,048	0,067	1,380
7	1	-0,052	0,049	1,363
8	9	-0,054	0,036	1,350
9	4	-0,065	0,025	1,338
10	8	-0,229	0,000	1,313

Apesar de haver poucas referências bibliográficas relativas ao emprego de características quantitativas na seleção de plantas individuais em melhoramento genético do feijão-de-vagem, Francelino et al. (2011) alcançou valores superiores aos obtidos neste trabalho quando desenvolveram pesquisa com linhagens parentais para essa característica sob condições ambientais semelhantes em Bom Jesus do Itabapoana.

Entre as F₃ avaliadas, as progênies 7(UENF 7-5-1) L6 x L18 (UENF 9-24-2), 2 (UENF 7-5-1) L6 x L13 (UENF 7-20-1), 6 (Feltrin) L2 x L20 (UENF 14-3-3) e 10 (UENF 7-6-1) L7 x L31 (UENF 15-23-4) destacaram-se das demais, em virtude de obtermos maiores ganhos genéticos e novas médias, para PVP, o que propicia incremento de produtividade para a característica avaliada. Estas progênies são oriundas das melhores testemunhas para produção de vagens, a exemplo, as progênies (Feltrin) e (UENF 7-5-1).

As demais progênies, representadas pelos números 5, 3, 1, 9, 4 e 8, obtiveram os menores ganhos genéticos preditos, com valores oscilando de 0,090 a 0,000, enquanto que na nova média, foram observados resultados compreendidos entre 1,403 e a média geral 1,313, para peso de vagem por planta (tabela 2).

Houve similaridade no desempenho produtivo das progênies em relação às duas características estudadas, em razão de as melhores classificadas para peso de vagem por planta PVP, também liderarem o ranqueamento para a característica número de vagem por planta NVP, (Tabela 3), demonstrando assim alto grau de correlação entre os caracteres avaliados. As progênies 7, 2, 10 e 6 apresentaram resultados significativos para número de vagem por planta NVP, as quais por ocasião da seleção poderão proporcionar ganhos genéticos preditos médios de 16 vagens por planta para a próxima geração.

A progênie 7, oriunda do cruzamento (UENF 7-5-1) x (UENF 9-24-2), obteve o maior desempenho para a característica quando comparada as demais, expressando ganho genético predito de 20,063 vagem por planta e nova média predita de 164,330 vagem por planta.

Os genótipos que apresentaram os menores desempenhos para número de vagem por planta foram 5, 9 e 8, com ganho genético variando de 3,251 a 0,000 e, médias entre 147,518 a 144,266 respectivamente, considerados não satisfatórios para a seleção para a característica avaliada. Segundo Chiorato et al. (2008), a seleção efetiva de genótipos superiores está aliada aos componentes da variância, assim como, também, nos componentes da média e que para atingir ganhos genéticos significativos os genótipos obtentores das maiores médias e de maior variabilidade genética deverão ser selecionados.

Em virtude disso, torna-se importante a utilização do ranking e predição dos valores genéticos, baseado em critérios de maior interesse para a cultura, enfatizando incrementar ganhos genéticos através da seleção das melhores plantas dentro das progênies selecionadas.

Tabela 3. Predição dos efeitos genéticos, ganhos genéticos preditos e nova média da população melhorada para o caráter número de vagem por planta (NVP) em progênies F₃ de feijão-vagem avaliadas em Bom Jesus do Itabapoana – Rio de Janeiro, 2015.

Ordem	Progênie	Valor genético	Ganho	Nova Média
1	7	20,063	20,063	164,330
2	2	17,447	18,755	163,022
3	10	7,149	14,886	159,153
4	6	5,008	12,417	156,683
5	1	-1,864	9,560	153,827
6	4	-5,313	7,081	151,348
7	3	-5,955	5,219	149,486
8	5	-10,521	3,251	147,518
9	9	-11,972	1,560	145,826
10	8	-14,041	0,000	144,266

5.3. Seleção de indivíduos dentro de progênies

Na avaliação das características, é possível verificar as estimativas para cada indivíduo ou planta e, com isso, realizar não apenas a seleção entre as progênies, mas também identificar indivíduos capazes de contribuir com ganhos obtidos na população para a próxima geração através da seleção das melhores plantas em suas respectivas repetições e progênies.

Assim como na seleção entre progênies, na seleção dentro de progênies os melhores indivíduos ou plantas em suas respectivas repetições foram ranqueados pela metodologia REML/BLUP na ordem decrescente para as duas características avaliadas.

A aplicação dos modelos mistos, em especial BLUP, no melhoramento genético vegetal tem sido destacado em alguns trabalhos científicos (Nunes et al.; 2008; Piepho et al., 2008; Resende, 2007). Bernardo (2002) afirma que a vantagem do emprego do BLUP é justificada em situações em que ocorrem perdas de parcelas ou exista número diferente de progênies, ou seja, quando se têm experimentos desbalanceados.

Os valores genéticos preditos estimados mediante análise estão apresentados nas tabelas 4 e 5 para as características PVP e NVP, respectivamente. Houve significativa interferência da variância ambiental, assim como, também, variabilidade genética na população para as duas características avaliadas e com valores significativos passíveis de uso através da seleção para a próxima geração. Dessa forma, a seleção das plantas mais produtivas foi realizada

com base nos valores genéticos preditos de cada indivíduo, valores estes que estão explicitados nas tabelas 4 e 5, respectivamente.

A característica número de vagem por planta (NVP), tabela 4, representa alta associação com a produção da cultura e por isso, considerada de grande importância, pois segundo Araújo (2011), esta característica tem maior contribuição direta com a produtividade de vagens.

Os resultados indicam ganhos reais com a seleção de progênies superiores, portanto, consideradas promissoras, em razão de esta característica constituir importante componente da produção e, conseqüentemente, da produtividade do feijão vagem. Araújo (2011) identificou em Bom Jesus do Itabapoana, que as linhagens que se destacaram quanto ao número de vagens foram UENF 14-3-3, UENF 14-22-3, UENF 14-23-3, UENF 15-8-4 (linhagens 20, 25, 26 e 29), que apresentaram maiores valores de número médio de vagens por planta, (91,00 85,38 83,38 e 79,44), respectivamente, sendo estas linhagens superadas por todas as progênies investigadas nessa pesquisa para a mesma característica.

Tabela 4 Valor genético predito ($\mu+a$), ganho genético e nova média predita estimados para plantas selecionadas para a característica peso de vagem por planta (PVP) em Kg.planta^{-1} , em progênies F_3 de feijão-vagem avaliadas em Bom Jesus do Itabapoana – Rio de Janeiro, 2015.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
1	1	7	7	1.601	0,287	1,601
2	3	7	4	1.598	0,286	1,599
3	3	7	6	1.591	0,283	1,596
4	3	7	2	1.569	0,276	1,589
5	1	7	5	1.561	0,270	1,584
6	1	7	1	1.558	0,266	1,579
7	3	7	7	1.555	0,263	1,576
8	1	7	2	1.554	0,260	1,573
9	2	7	2	1.546	0,257	1,570
10	2	7	3	1.546	0,255	1,568
11	1	7	6	1.546	0,253	1,566
12	2	7	5	1.544	0,251	1,564
13	2	7	7	1.544	0,249	1,562
14	2	7	8	1.542	0,248	1,561
15	1	7	8	1.541	0,246	1,559
16	2	7	4	1.535	0,245	1,558
17	3	7	3	1.534	0,243	1,557
18	3	7	5	1.531	0,242	1,555

Tabela 4 – Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
19	2	7	1	1.525	0,240	1,554
20	3	7	8	1.524	0,239	1,552
21	2	7	6	1.521	0,237	1,551
22	1	7	4	1.516	0,236	1,549
23	1	7	3	1.508	0,233	1,546
24	3	7	1	1.492	0,226	1,539
25	1	2	1	1.511	0,234	1,547
26	3	2	7	1.506	0,231	1,544
27	3	2	3	1.497	0,229	1,542
28	3	2	8	1.494	0,227	1,541
29	2	2	8	1.491	0,224	1,537
30	2	2	6	1.488	0,222	1,535
31	1	2	3	1.478	0,220	1,534
32	1	2	4	1.478	0,219	1,532
33	2	2	2	1.469	0,217	1,530
34	3	2	2	1.466	0,215	1,528
35	1	2	6	1.465	0,213	1,526
36	1	2	2	1.462	0,211	1,525
37	1	2	8	1.462	0,210	1,523
38	2	2	4	1.461	0,208	1,521
39	2	2	7	1.457	0,206	1,520
40	1	2	7	1.457	0,205	1,518
41	2	2	1	1.453	0,203	1,516
42	2	2	3	1.451	0,202	1,515
43	3	2	5	1.447	0,200	1,513
44	2	2	5	1.446	0,199	1,512
45	3	2	6	1.445	0,197	1,510
46	3	2	1	1.436	0,196	1,509
47	1	2	5	1.425	0,192	1,505
48	3	2	4	1.419	0,189	1,502
49	3	6	3	1.427	0,194	1,507
50	3	6	8	1.420	0,190	1,503
51	1	6	7	1.408	0,187	1,500
52	2	6	6	1.398	0,185	1,498
53	3	6	6	1.398	0,183	1,496
54	1	6	5	1.393	0,179	1,492
55	2	6	1	1.391	0,177	1,491
56	1	6	6	1.391	0,176	1,489
57	2	6	7	1.386	0,174	1,487
58	2	6	2	1.383	0,172	1,485
59	2	6	5	1.380	0,169	1,482
60	2	6	3	1.370	0,167	1,480
61	3	6	1	1.369	0,165	1,478
62	1	6	3	1.369	0,163	1,477
63	3	6	4	1.368	0,162	1,475
64	3	6	2	1.366	0,160	1,473

Tabela 4 - Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
65	1	6	1	1.366	0,159	1,472
66	1	6	8	1.366	0,157	1,470
67	1	6	2	1.363	0,154	1,467
68	1	6	4	1.360	0,152	1,466
69	2	6	4	1.353	0,149	1,463
70	2	6	8	1.353	0,148	1,461
71	3	6	7	1.350	0,145	1,458
72	3	6	5	1.341	0,141	1,454
73	3	10	8	1.395	0,181	1,494
74	1	10	2	1.358	0,151	1,464
75	1	10	8	1.341	0,142	1,455
76	3	10	6	1.341	0,139	1,452
77	1	10	7	1.336	0,136	1,450
78	3	10	5	1.325	0,135	1,448
79	1	10	5	1.323	0,132	1,445
80	1	10	4	1.319	0,128	1,441
81	3	10	7	1.316	0,124	1,437
82	3	10	3	1.312	0,118	1,432
83	1	10	6	1.310	0,117	1,430
84	1	10	3	1.309	0,116	1,429
85	3	10	2	1.309	0,115	1,428
86	3	10	1	1.296	0,104	1,417
87	3	10	4	1.289	0,094	1,407
88	1	10	1	1.288	0,092	1,405
89	2	5	4	1.383	0,170	1,484
90	2	5	6	1.364	0,155	1,469
91	2	5	2	1.352	0,146	1,460
92	2	5	5	1.343	0,144	1,457
93	1	5	1	1.340	0,138	1,451
94	1	5	4	1.324	0,133	1,447
95	3	5	3	1.321	0,131	1,444
96	3	5	6	1.319	0,129	1,442
97	1	5	2	1.317	0,125	1,438
98	3	5	5	1.316	0,122	1,435
99	3	5	1	1.315	0,121	1,434
100	1	5	6	1.313	0,120	1,433
101	2	5	1	1.308	0,113	1,427
102	3	5	8	1.308	0,112	1,425
103	3	5	7	1.307	0,110	1,423
104	1	5	7	1.296	0,105	1,419
105	3	5	4	1.296	0,103	1,416
106	1	5	3	1.294	0,102	1,415
107	1	5	5	1.292	0,100	1,413
108	3	5	2	1.291	0,096	1,409
109	1	5	8	1.265	0,071	1,384
110	2	5	3	1.262	0,066	1,379

Tabela 4 - Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
111	2	5	8	1.260	0,065	1,378
112	2	5	7	1.254	0,053	1,366
113	3	3	8	1.317	0,126	1,439
114	1	3	4	1.292	0,099	1,412
115	3	3	6	1.292	0,098	1,411
116	1	3	3	1.289	0,093	1,406
117	2	3	6	1.288	0,091	1,404
118	1	3	8	1.284	0,088	1,401
119	3	3	3	1.282	0,086	1,399
120	2	3	3	1.279	0,083	1,396
121	2	3	8	1.276	0,082	1,395
122	2	3	4	1.273	0,078	1,391
123	3	3	2	1.264	0,070	1,383
124	1	3	2	1.263	0,068	1,381
125	3	3	7	1.262	0,067	1,380
126	1	3	7	1.258	0,062	1,375
127	2	3	2	1.257	0,058	1,371
128	3	3	1	1.257	0,057	1,371
129	3	3	5	1.255	0,055	1,368
130	1	3	1	1.248	0,047	1,360
131	2	3	7	1.247	0,046	1,359
132	3	3	4	1.246	0,044	1,357
133	1	3	6	1.235	0,037	1,350
134	2	3	1	1.227	0,033	1,346
135	2	3	5	1.225	0,032	1,345
136	1	3	5	1.213	0,029	1,342
137	3	9	5	1.307	0,111	1,424
138	1	9	1	1.304	0,108	1,421
139	3	9	6	1.293	0,101	1,414
140	1	9	4	1.291	0,095	1,408
141	3	9	4	1.282	0,085	1,398
142	2	9	6	1.276	0,080	1,393
143	1	9	5	1.276	0,079	1,393
144	2	9	5	1.271	0,077	1,390
145	2	9	1	1.269	0,076	1,389
146	3	9	8	1.268	0,074	1,387
147	1	9	2	1.266	0,072	1,386
148	1	9	6	1.257	0,060	1,373
149	2	9	2	1.256	0,057	1,370
150	3	9	1	1.255	0,054	1,367
151	2	9	8	1.248	0,048	1,361
152	2	9	4	1.247	0,045	1,358
153	2	9	3	1.241	0,041	1,354
154	3	9	7	1.239	0,040	1,353
155	3	9	2	1.228	0,034	1,347
156	1	9	7	1.228	0,034	1,347

Tabela 4 - Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
157	1	9	8	1.225	0,031	1,344
158	1	9	3	1.223	0,031	1,344
159	2	9	7	1.222	0,030	1,343
160	3	9	3	1.198	0,027	1,340
161	2	1	6	1.305	0,109	1,422
162	2	1	8	1.300	0,107	1,420
163	1	1	7	1.291	0,097	1,410
164	2	1	5	1.287	0,090	1,403
165	3	1	7	1.283	0,087	1,400
166	1	1	8	1.265	0,071	1,385
167	2	1	2	1.262	0,067	1,381
168	3	1	8	1.258	0,063	1,377
169	1	1	1	1.258	0,061	1,374
170	1	1	6	1.257	0,060	1,373
171	1	1	4	1.256	0,056	1,369
172	2	1	3	1.255	0,055	1,368
173	2	1	1	1.255	0,053	1,366
174	2	1	7	1.252	0,051	1,364
175	3	1	2	1.250	0,050	1,363
176	3	1	1	1.249	0,049	1,362
177	3	1	6	1.249	0,048	1,362
178	1	1	3	1.248	0,047	1,360
179	3	1	4	1.245	0,043	1,356
180	1	1	5	1.245	0,042	1,355
181	2	1	4	1.244	0,042	1,355
182	1	1	2	1.239	0,039	1,352
183	3	1	5	1.237	0,037	1,350
184	3	1	3	1.231	0,035	1,349
185	1	4	2	1.287	0,089	1,402
186	3	4	6	1.281	0,084	1,397
187	3	4	3	1.276	0,081	1,394
188	2	4	6	1.275	0,078	1,392
189	1	4	6	1.269	0,075	1,388
190	2	4	4	1.268	0,073	1,386
191	1	4	3	1.264	0,069	1,382
192	1	4	5	1.260	0,064	1,377
193	2	4	2	1.258	0,063	1,376
194	2	4	8	1.257	0,059	1,372
195	2	4	5	1.252	0,052	1,365
196	1	4	8	1.252	0,050	1,364
197	2	4	7	1.246	0,045	1,358
198	3	4	4	1.245	0,043	1,357
199	1	4	1	1.240	0,040	1,353
200	3	4	8	1.239	0,038	1,352
201	3	4	7	1.237	0,038	1,351
202	3	4	2	1.233	0,036	1,349

Tabela 4 – Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
203	1	4	4	1.228	0,035	1,348
204	2	4	3	1.227	0,032	1,346
205	1	4	7	1.217	0,029	1,343
206	3	4	1	1.209	0,028	1,341
207	2	4	1	1.199	0,027	1,341
208	3	4	5	1.196	0,026	1,339
209	2	8	4	1.127	0,025	1,338
210	1	8	3	1.115	0,024	1,337
211	2	8	8	1.112	0,023	1,336
212	3	8	1	1.109	0,022	1,335
213	3	8	3	1.109	0,021	1,334
214	2	8	3	1.102	0,020	1,333
215	3	8	8	1.094	0,019	1,332
216	1	8	4	1.088	0,017	1,331
217	3	8	7	1.084	0,016	1,329
218	1	8	8	1.080	0,015	1,328
219	1	8	2	1.079	0,014	1,327
220	3	8	4	1.078	0,013	1,326
221	3	8	5	1.078	0,012	1,325
222	3	8	2	1.075	0,011	1,324
223	1	8	7	1.073	0,010	1,323
224	2	8	2	1.073	0,008	1,322
225	1	8	1	1.067	0,007	1,320
226	1	8	6	1.063	0,006	1,319
227	1	8	5	1.062	0,005	1,318
228	2	8	6	1.060	0,004	1,317
229	2	8	7	1.058	0,003	1,316
230	2	8	1	1.053	0,002	1,315
231	2	8	5	1.047	0,000	1,314
232	3	8	6	1.030	-0,000	1,312

Tabela 5. Valor genético predito ($\mu+a$), ganho genético e nova média predita estimados para plantas selecionadas para a característica número de vagem por planta (NVP), em progênies F_3 de feijão-vagem avaliadas em Bom Jesus do Itabapoana – Rio de Janeiro, 2015.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho	Nova Média
1	1	7	7	171.318	27,051	171,318
2	3	7	4	169.392	26,088	170,355
3	3	7	2	168.392	25,434	169,701
4	1	7	5	167.889	24,981	169,248
5	3	7	6	167.035	24,126	168,393
6	2	7	3	166.231	23,856	168,122
7	3	7	7	165.535	23,568	167,835
8	1	7	1	165.318	23,121	167,388
9	1	7	2	165.318	22,949	167,215
10	1	7	6	165.175	22,792	167,058
11	1	7	8	164.746	22,626	166,893
12	2	7	5	164.660	22,234	166,501
13	2	7	2	164.589	22,128	166,395
14	2	7	7	164.589	22,033	166,300
15	2	7	1	164.017	21,817	166,083
16	2	7	8	163.874	21,716	165,983
17	2	7	4	163.589	21,520	165,787
18	1	7	4	162.960	21,149	165,416
19	3	7	3	163.321	21,422	165,688
20	3	7	5	162.106	20,782	165,049
21	3	7	8	161.892	20,601	164,867
22	2	7	6	161.803	20,513	164,780
23	3	7	1	159.964	19,795	164,061
24	1	7	3	159.103	19,398	163,665
25	3	2	3	167.576	24,647	168,913
26	3	2	7	167.147	24,352	168,619
27	3	2	8	165.433	23,328	167,595
28	1	2	3	164.678	22,479	166,745
29	2	2	6	164.676	22,349	166,616
30	1	2	7	164.035	21,920	166,186
31	1	2	6	163.678	21,616	165,883
32	2	2	8	163.319	21,331	165,597
33	3	2	2	163.147	21,240	165,506
34	2	2	7	162.747	21,057	165,324
35	1	2	2	162.607	20,966	165,233
36	2	2	2	162.462	20,877	165,144
37	1	2	4	162.035	20,691	164,957
38	2	2	4	161.390	20,419	164,685
39	1	2	1	160.964	20,318	164,585
40	2	2	3	160.390	20,208	164,475
41	1	2	8	160.321	20,101	164,368
42	2	2	1	160.176	19,997	164,263
43	3	2	5	160.076	19,894	164,161

Tabela 5 – Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Plant	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
44	2	2	5	159.890	19,698	163,964
45	3	2	6	159.647	19,599	163,866
46	3	2	1	159.361	19,499	163,766
47	1	2	5	157.464	19,266	163,533
48	3	2	4	155.647	18,959	163,226
49	1	10	2	156.390	19,117	163,384
50	3	10	8	153.935	18,601	162,868
51	1	10	7	153.890	18,263	162,530
52	3	10	6	153.649	18,098	162,365
53	1	10	8	153.319	17,934	162,201
54	1	10	5	152.319	17,758	162,024
55	3	10	5	152.078	17,583	161,850
56	1	10	4	151.962	17,413	161,679
57	3	10	3	151.578	16,924	161,190
58	1	10	6	151.105	16,761	161,028
59	3	10	2	151.006	16,602	160,868
60	3	10	7	150.435	15,845	160,111
61	1	10	3	150.248	15,565	159,832
62	3	10	1	149.435	14,892	159,159
63	3	10	4	147.863	14,107	158,373
64	1	10	1	146.605	13,331	157,597
65	1	6	7	154.261	18,780	163,047
66	3	6	8	153.908	18,429	162,696
67	2	6	6	151.854	17,246	161,513
68	2	6	1	151.782	17,084	161,350
69	1	6	5	150.904	16,446	160,713
70	1	6	6	150.547	16,290	160,556
71	2	6	2	150.496	16,137	160,404
72	3	6	6	150.479	15,989	160,256
73	2	6	7	150.425	15,704	159,971
74	3	6	1	150.194	15,430	159,696
75	2	6	5	149.782	15,292	159,559
76	3	6	3	149.694	15,157	159,424
77	3	6	2	149.551	15,023	159,290
78	3	6	4	148.979	14,632	158,899
79	2	6	3	148.782	14,503	158,769
80	1	6	3	148.332	14,370	158,637
81	1	6	4	148.047	14,238	158,505
82	1	6	8	147.689	13,976	158,243
83	1	6	1	147.618	13,848	158,115
84	1	6	2	147.118	13,717	157,984
85	2	6	4	147.068	13,589	157,856
86	3	6	7	146.622	13,458	157,725
87	3	6	5	145.694	12,942	157,209
88	2	6	8	144.996	12,561	156,828
89	2	1	6	149.332	14,763	159,029

Tabela 5 – Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Plant	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
90	2	1	8	146.332	13,203	157,469
91	1	1	7	145.806	13,072	157,338
92	2	1	5	145.617	12,815	157,081
93	3	1	7	145.607	12,690	156,957
94	1	1	8	142.877	11,880	156,146
95	1	1	1	142.806	11,745	156,012
96	1	1	3	142.806	11,613	155,880
97	2	1	3	142.046	11,212	155,478
98	3	1	5	141.892	10,954	155,221
99	1	1	4	141.735	10,827	155,094
100	1	1	6	141.663	10,701	154,968
101	2	1	2	141.617	10,457	154,723
102	3	1	6	141.607	10,337	154,604
103	2	1	1	141.546	10,220	154,486
104	3	1	2	141.178	9,759	154,026
105	3	1	8	141.107	9,648	153,914
106	3	1	1	140.749	9,318	153,585
107	3	1	4	140.535	8,796	153,062
108	2	1	4	140.475	8,695	152,962
109	1	1	5	140.449	8,596	152,862
110	2	1	7	140.117	8,397	152,664
111	1	1	2	139.592	8,102	152,368
112	3	1	3	139.321	7,811	152,077
113	3	3	8	144.452	12,430	156,696
114	1	3	3	142.994	12,017	156,283
115	2	3	3	142.049	11,343	155,610
116	3	3	6	140.952	9,537	153,803
117	3	3	3	140.881	9,427	153,694
118	1	3	4	140.708	9,211	153,478
119	3	3	7	140.666	9,105	153,372
120	1	3	8	140.637	9,001	153,268
121	2	3	6	140.192	8,496	152,763
122	2	3	4	139.406	8,004	152,270
123	2	3	8	138.835	7,619	151,886
124	1	3	2	137.494	6,949	151,216
125	1	3	7	137.351	6,853	151,119
126	1	3	1	137.280	6,663	150,930
127	3	3	2	137.166	6,478	150,744
128	3	3	1	137.095	6,386	150,653
129	2	3	2	137.049	6,295	150,562
130	3	3	5	136.024	5,838	150,105
131	2	3	7	135.978	5,748	150,014
132	3	3	4	135.524	5,477	149,743
133	2	3	1	134.406	4,509	148,776
134	1	3	6	134.280	4,425	148,691
135	2	3	5	133.478	3,528	147,795

Tabela 5 – Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Plant	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
136	1	3	5	131.922	2,380	146,647
137	3	4	3	143.987	12,296	156,563
138	1	4	2	143.031	12,155	156,422
139	3	4	6	142.202	11,478	155,744
140	1	4	6	142.031	11,082	155,349
141	2	4	6	141.626	10,578	154,845
142	2	4	4	141.198	9,986	154,253
143	2	4	8	141.198	9,872	154,138
144	2	4	2	140.555	8,898	153,164
145	1	4	8	139.888	8,298	152,565
146	1	4	5	139.817	8,200	152,467
147	1	4	3	139.388	7,907	152,173
148	2	4	5	139.269	7,716	151,983
149	3	4	7	138.702	7,523	151,790
150	1	4	1	138.602	7,427	151,694
151	2	4	7	138.483	7,332	151,599
152	3	4	2	138.345	7,238	151,504
153	3	4	4	138.059	7,142	151,409
154	3	4	8	137.202	6,570	150,837
155	1	4	4	136.674	6,113	150,379
156	1	4	7	135.817	5,657	149,924
157	2	4	3	135.626	5,567	149,833
158	3	4	1	134.487	4,680	148,947
159	2	4	1	134.055	4,173	148,440
160	3	4	5	132.273	2,531	146,798
161	2	5	4	141.384	10,103	154,369
162	2	5	5	137.670	7,046	151,312
163	2	5	6	137.313	6,757	151,024
164	2	5	2	136.241	5,930	150,196
165	3	5	3	135.092	5,296	149,563
166	3	5	7	135.020	5,207	149,473
167	3	5	8	134.806	4,941	149,208
168	2	5	1	134.598	4,767	149,034
169	1	5	1	134.424	4,594	148,861
170	1	5	6	134.138	4,340	148,607
171	3	5	6	134.092	4,256	148,523
172	1	5	4	133.924	4,090	148,357
173	3	5	5	133.806	3,766	148,032
174	1	5	2	133.424	3,372	147,639
175	3	5	1	133.306	3,295	147,562
176	3	5	2	132.735	2,984	147,250
177	1	5	3	132.638	2,756	147,022
178	1	5	7	132.638	2,681	146,948
179	3	5	4	131.878	2,232	146,499
180	1	5	5	131.495	2,011	146,278
181	2	5	3	129.456	0,964	145,231

Tabela 5 – Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Plant	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
182	1	5	8	129.138	0,817	145,084
183	2	5	7	128.098	0,451	144,718
184	2	5	8	127.884	0,302	144,568
185	1	9	1	136.697	6,203	150,470
186	3	9	5	136.338	6,021	150,288
187	1	9	4	135.340	5,387	149,653
188	3	9	4	134.981	5,118	149,384
189	1	9	5	133.840	3,926	148,193
190	3	9	6	133.838	3,846	148,112
191	3	9	8	133.053	3,217	147,484
192	2	9	5	132.833	3,139	147,405
193	1	9	2	132.769	3,061	147,327
194	3	9	1	132.696	2,907	147,174
195	2	9	1	132.691	2,831	147,098
196	2	9	6	132.333	2,606	146,873
197	2	9	4	131.976	2,455	146,722
198	2	9	2	131.905	2,306	146,573
199	2	9	3	131.048	1,936	146,203
200	2	9	8	131.619	2,085	146,351
201	3	9	7	130.910	1,861	146,128
202	1	9	6	130.697	1,712	145,978
203	1	9	7	130.126	1,488	145,755
204	3	9	2	129.696	1,412	145,678
205	2	9	7	129.691	1,336	145,602
206	1	9	3	129.054	0,672	144,939
207	1	9	8	128.983	0,600	144,866
208	3	9	3	126.624	-0,001	144,265
109	2	8	4	134.814	5,029	149,295
210	2	8	8	134.743	4,854	149,120
211	2	8	3	133.885	4,008	148,274
212	3	8	1	133.759	3,686	147,953
213	3	8	3	133.688	3,608	147,874
214	1	8	3	133.465	3,450	147,717
215	3	8	8	131.759	2,158	146,425
216	1	8	8	130.750	1,786	146,053
217	3	8	4	130.545	1,637	145,904
218	1	8	4	130.536	1,563	145,830
219	1	8	6	129.679	1,261	145,527
220	3	8	7	129.616	1,186	145,453
221	1	8	7	129.536	1,112	145,378
222	1	8	2	129.465	1,038	145,304
223	3	8	2	129.331	0,891	145,158
224	3	8	5	129.116	0,745	145,011
225	2	8	2	128.528	0,526	144,793
226	1	8	1	127.893	0,376	144,643
227	2	8	6	127.814	0,228	144,494

Tabela 5 – Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Plant	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
228	2	8	7	127.314	0,152	144,419
229	1	8	5	127.036	0,076	144,342
230	2	8	1	126.457	-0,078	144,188
231	2	8	5	125.600	-0,159	144,107
232	3	8	6	123.831	-0,246	144,020

Com a classificação das melhores progênies e indivíduos dentro das progênies, estabelecida pela metodologia do BLUP para a seleção, é possível captar toda a variação genotípica entre e dentro de progênies (Resende 2007a). Nessa fase de condução da pesquisa, foram selecionadas quatro progênies e oito plantas de cada uma das progênies, totalizando 32 plantas que darão origem a geração F₄, aplicando-se uma intensidade de seleção de cerca de 13,8% na população original, conforme (Tabelas 6 e 7).

Tabela 6. Plantas selecionadas dentro das melhores progênies F₃ de feijão-de-vagem para a característica peso de vagem por planta (PVP), com base no valor genético predito ($\mu+a$), ganho genético e nova média predita, avaliadas em Bom Jesus do Itabapoana – Rio de Janeiro, 2015.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
1	1	7	7	1.601	0,287	1,601
2	3	7	4	1.598	0,286	1,599
3	3	7	6	1.591	0,283	1,596
4	3	7	2	1.569	0,276	1,589
5	1	7	5	1.561	0,270	1,584
6	1	7	1	1.558	0,266	1,579
7	3	7	7	1.555	0,263	1,576
8	1	7	2	1.554	0,260	1,573
9	1	2	1	1.511	0,234	1,547
10	3	2	7	1.506	0,231	1,544
11	3	2	3	1.497	0,229	1,542
12	3	2	8	1.494	0,227	1,541
13	2	2	8	1.491	0,224	1,537
14	2	2	6	1.488	0,222	1,535
15	1	2	3	1.478	0,220	1,534
16	1	2	4	1.478	0,219	1,532
17	3	6	3	1.427	0,194	1,507
18	3	6	8	1.420	0,190	1,503
19	1	6	7	1.408	0,187	1,500
20	2	6	6	1.398	0,185	1,498
21	3	6	6	1.398	0,183	1,496

Tabela 6 – Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho (kg)	Nova Média
22	1	6	5	1.393	0,179	1,492
23	2	6	1	1.391	0,177	1,491
24	1	6	6	1.391	0,176	1,489
25	3	10	8	1.395	0,181	1,494
26	1	10	2	1.358	0,151	1,464
27	1	10	8	1.341	0,142	1,455
28	3	10	6	1.341	0,139	1,452
29	1	10	7	1.336	0,136	1,450
30	3	10	5	1.325	0,135	1,448
31	1	10	5	1.323	0,132	1,445
32	1	10	4	1.319	0,128	1,441

Tabela 7. Plantas selecionadas dentro das melhores progênies F₃ de feijão-de-vagem para a característica número de vagem por planta (NVP), com base no valor genético predito ($\mu+a$), ganho genético e nova média predita, avaliadas em Bom Jesus do Itabapoana – Rio de Janeiro, 2015.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho	Nova Média
1	1	7	7	171.318	27,051	171,318
2	3	7	4	169.392	26,088	170,355
3	3	7	2	168.392	25,434	169,701
4	1	7	5	167.889	24,981	169,248
5	3	7	6	167.035	24,126	168,393
6	2	7	3	166.231	23,856	168,122
7	3	7	7	165.535	23,568	167,835
8	1	7	1	165.318	23,121	167,388
9	3	2	3	167.576	24,647	168,913
10	3	2	7	167.147	24,352	168,619
11	3	2	8	165.433	23,328	167,595
12	1	2	3	164.678	22,479	166,745
13	2	2	6	164.676	22,349	166,616
14	1	2	7	164.035	21,920	166,186
15	1	2	6	163.678	21,616	165,883
16	2	2	8	163.319	21,331	165,597
17	1	10	2	156.390	19,117	163,384
18	3	10	8	153.935	18,601	162,868
19	1	10	7	153.890	18,263	162,530
20	3	10	6	153.649	18,098	162,365
21	1	10	8	153.319	17,934	162,201
22	1	10	5	152.319	17,758	162,024
23	3	10	5	152.078	17,583	161,850
24	1	10	4	151.962	17,413	161,679
25	1	6	7	154.261	18,780	163,047
26	3	6	8	153.908	18,429	162,696
27	2	6	6	151.854	17,246	161,513

Tabela 7 – Cont.

Ordem	Rep	Progênie	Planta	$\mu+a$	Ganho	Nova Média
28	2	6	1	151.782	17,084	161,350
29	1	6	5	150.904	16,446	160,713
30	1	6	6	150.547	16,290	160,556
31	2	6	2	150.496	16,137	160,404
32	3	6	6	150.479	15,989	160,256

Na Tabela 8, encontra-se a média dos valores genotípicos de cada progênie selecionada e das melhores plantas dentro das progênies. Também estão discriminados os avanços gerais obtidos advindos do processo seletivo realizado nesta pesquisa, inclusive ganhos genéticos em relação à média da população original, provenientes da seleção entre e dentro das progênies.

Tabela 8. Valor genético predito médio ($\mu + a$) das plantas selecionadas dentro das progênies para as características peso de vagem por planta (PVP) em kg/planta e número de vagem por planta (NVP), avaliadas em Bom Jesus do Itabapoana – Rio de Janeiro, 2015.

Progênies selecionadas	PVP	NVP
	$\mu + a$	$\mu + a$
(UENF 7-5-1) L6 x L20 (UENF 14-3-3)	1,541	164,330
(UENF 7-5-1) L6 x L13 (UENF 7-20-1)	1,502	163,022
(UENF 7-6-1) L7 x L20 (UENF 14-3-3)	1,460	159,153
(UENF 7-5-1) L6 x L1 (UENF-1445)	1,426	156,683
Média Geral	1,313	144,266
Média das progênies selecionadas	1,482	160,797
Média das plantas selecionadas	1,520	164,936
Ganho genético predito	0,207	20,67
Ganho genético predito (%)	15,765%	14,328%

A progênie (UENF 7-5-1) L6 x L20 (UENF 14-3-3) destacou-se com melhor desempenho produtivo para as características peso de vagem por planta (PVP) e número de vagem por planta (NVP), obtendo novas médias preditas de 1,573kg e 167,638, respectivamente.

A nova seleção de 32 plantas (10,6% de intensidade de seleção), com base nos mais altos valores genéticos preditos, tanto para peso de vagem por planta

como de número de vagem por planta, proporcionou ganho genético aditivo predito simultâneo de 15,765% para PVP e de 14,328% para NVP em relação à média da população original.

6. CONCLUSÕES

1. A metodologia REML/BLUP permitiu selecionar progênies e indivíduos superiores, proporcionando ganhos significativos no melhoramento do feijão-de-vagem;
2. As progênies 7 e 2, oriundas dos cruzamentos (UENF 7-5-1) L6 x L20 (UENF 14-3-3) e (UENF 7-5-1) L6 x L13 (UENF 7-20-1), respectivamente, destacaram-se das demais pelos altos valores obtidos nas duas características;
3. Com a seleção entre e dentro de progênies para PVP e NVP, foram obtidos ganhos aditivos preditos de 15,765% e 14,328% para as duas características respectivamente;

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F.B.; Leal, N.R.; Amaral Júnior, A.T.; Silva, D.J.H. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 22 (3): 547-552.
- Acosta-Gallegos, J.; Kelly, J.D.; Gepts, P. (2007) Prebreeding in Common Bean and Use of Genetic Diversity from Wild Germplasm. *Crop Science, Madison*. 47(S3), p. 44-59.
- Arantes L.O.; Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B. (2008) Controle genético da incompatibilidade do cruzamento entre cultivares andinas e mesoamericanas de feijoeiro comum. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras. 32: 978-980.
- Araujo, L.C. (2011) *Avaliação de Linhagem Melhoradas de Feijão de Vagem em Bom Jesus do Itabapoana-RJ*. Tese de Mestrado – Produção Vegetal. Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense. Fevereiro, 46p.
- Baldissera, J.N. da C.; Bertoldo, J.G.; Valentini, G.; Coan, M.M.D.; Rozeto, D.S.; Guidolin, A.F.; Coimbra, J.L.M. (2012) Uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) na predição de híbridos em feijão. *Bioscience Journal*, v.28, p.395- 403.

- Bernardo, R. (2002) *Breeding for quantitative traits in plants*. Woodbury: Stemma, 368p.
- Blanco, M.C.S.G.; Groppo. G.A.; Tessarioli Neto. J. (1997) *Feijão-vagem (Phaseolus vulgaris L.) Manual Técnico das Culturas*. Campinas. n. 8. 2ª Ed. p. 63-65.
- Borém, A. (1997) *Melhoramento de plantas*. Viçosa: Editora da UFV, 547 p.
- Borém, A., Miranda, G.V. (2009) *Melhoramento de plantas*. 5a. Edição. Viçosa: Editora UFV. 529p.
- Brim, C. A. (1966) A modified pedigree method of selection in soybeans. *Crop Science*, 6:220.
- Carvalho, F.I.F. de; Silva, S.A.; Kurek, A.J.; Marchiori, V.S. (2001) *Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção*. Pelotas: UFPEL, 98p.
- Carvalho, F.I.F., Uitdewilligen, W.P.M., Federizzi, L.C. (1981) Herdabilidade do caráter estatura de planta de trigo: estimativa através do coeficiente de regressão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 16, p. 55-67.
- Castellane, P. D.; Vieira, R. D.; Carvalho, N. M. (1988) *Feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.): cultivo e produção de sementes*. Jaboticabal, FUNEP/FCAV/UNESP. 60p.
- CEASA. (2010) - Prohort - Programa Brasileiro de Modernização do Mercado de Hortigranjeiro. <http://www.ceasa.gov.br/precos.php>. Página mantida pelo CEASA.
- Ceperj – Anuário estatístico do estado do Rio de Janeiro. (2006) <http://www.ceperj.rj.gov.br> (acessado em fevereiro de 2017).

- Checa, O.E.; Blair, M.W. (2008) Mapping QTL for climbing ability and component traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Molecular Breeding*, . p.22: 201-205.
- Chiorato, A. F.; Carbonell, S. A. M.; Dias, L. A. D. S.; Resende, M. D. V. de. (2008) Prediction of genotypic values and estimation of genetic parameters in common bean. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, v. 51, n. 3, p. 465-472.
- Coimbra, J. L. M.; Guidolin, A. F.; Carvalho, F. I. F. D. (1999). Parâmetros genéticos do rendimento de grãos e seus componentes com implicações na seleção indireta em genótipos de feijão preto. *Ciência Rural*, v. 29, p. 1-6.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Viçosa: UFV, v.1. 480p.
- Debouck, D.G. (1986) Primary diversification of *Phaseolus* in the Americas: three centers? *Plant Genetic Resources Newsletter*. 67: 2-8.
- Debouck, D. (1993) Systematics and morphology. In: Schoonhoven, A. V.; Voyesest, O. (eds). Common beans: research for crop improvement. Cali, *Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT)*, p.55-118.
- EMBRAPA, 2006. Empresa Brasileira de Pesquisa agropecuária - Agência de Informação Embrapa Grãos: <http://www.embrapa.br> em 27/02/2017.
- FAO (2010) http://www.fao.org/index_en.htm. Página mantida pela FAO.
- Fehr, W. (1978) Principles of cultivar development: theory and technique. *Macmillan Publishing Co.*, New York, 536p.
- Fehr, W.R. (1987) *Principles of cultivar development*. New York: Macmillan, 525p.

- Fernández, F.; Gepts, P.; López, M. (1986) *Etapas de desarrollo de la planta de frijol común (Phaseolus vulgaris L.)*. Cali. Centro internacional de agricultura tropical. 34p.
- Filgueira, F.A.R. (2003) *Novo manual de olericultura: Agrotecnologia Moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa: Editora UFV, 412p.
- Filgueira F.A.R. 2008. *Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa: UFV. 402p.
- Francelino, F.M.A., Gravina, G. de A., Manhães, C.M.C., Cardoso, P.M.R., Araújo, L.C. de; (2011). Evaluation of Promising of snap bean to the North and Northwest Fluminense. *Revista Ciencia Agronomica*, v. 42, n. 2, p. 554-562.
- Gepts, P., Debouck, D.G. (1991) Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Ed.). *Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT, p.7-53.
- Gepts, P.; Osborn, T.C.; Rasca, K.; Bliss, F.A. (1986) Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris L.*): evidence for multiple centers of domestication. *Economic Botany*. 40(4), p. 451-468.
- Gonçalves, B.M.L. (2006). *Produção agrícola e pecuária do estado do Rio de Janeiro 1999 – 2004*. Serviço Nacional de Aprendizagem Rural (SENAR), 32p. (Disponível em www.senar-rio.com.br).
- Grusak, M.A.; Pezeshgi, S.; O'brien, K.O.; Abrans, S.A. (1996) Intrinsic Ca labelling of green bean pods for use in human bioavailability studies. *Journal Science Food Agronomic*, v. 70, p. 11-15.
- Hamasaki, R.I.; Braz, L.T.; Purquerio. L.F.V.; Peixoto, N. (1998) Comportamento de novas cultivares de feijão-vagem em Jaboticabal-SP. Congresso Brasileiro de Olericultura, Petrolina, *Resumo* p. 38.

- Henry, G.; Jansen, W. (1992) Snap Beans in the developing world. Calí. *Centro internacional de agricultura tropical*. 366p.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2006) Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/> em 15/12/2016.
- Jing, R., V. I. Bolshakov and A. J. Flavell. (2007) *The tagged microarray marker (TAM) method for high throughput detection of single nucleotide and indel polymorphisms*. *Nat. Protoc.* 2: 168–177.
- Jinks, J.L.; Pooni, H.S. (1976) *Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent*. *Heredity*, v.36, n.2, p.253-266.
- Johnson, H. W.; Bernard, R. L. (1962) Soybean genetics and breeding. *Advances in Agronomy*, 14:149–221.
- Kurek, A.J., Carvalho, F.I.F. de, Assmann, I.C., Cruz, P.J. (2001) Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 36: 645-651.
- Lobo, V. L. S., Giordano, L. B., Lopes, C. A. (2005) Herança da resistência à mancha-bacteriana em tomateiro. *Fitopatologia Brasileira*. 30: 343-349.
- Lorencetti, C., Carvalho, F.I.F. de, Oliveira, A.C. de, Valério, I.P., Hartwig, I., Marchioro, V.S., Vieira, E.A. (2006) Retrocruzamento como uma estratégia de identificar genótipos e desenvolver populações segregantes promissoras em aveia. *Ciência Rural*. 36(4): 1118-1125.
- Macchiavelli, R.; Beaver, J. S. (2001) Effect of number of seed bulked and population size on genetic variability when using the multiple-seed procedure of SSD. *Crop Science*, 41:1513-1516.
- Maia, M.C.C.; Resende, M.D.V. de; Oliveira, L.C. de; Álvares, V. de S.; Maciel, V.T.; Lima, A.C. de. (2011) Seleção de clones experimentais de cupuaçu para

características agroindustriais via modelos mistos. *Revista Agroambiente Online*, v.5, p.35- 43.

Mariot, E. J. (2000) Aptidões climáticas, ideótipos e épocas de cultivo do feijoeiro no Paraná. In: *IAPAR. Feijão: tecnologia e produção*. Londrina: IAPAR, Informe de Pesquisa, p. 5-13.

Mendonça, H. A.; Santos, J. B.; Ramalho, M. A. P. (2002) Selection of common bean segregating populations using genetic and phenotypic parameters and RAPD markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 2, n. 2, p. 219-226.

Menezes Júnior, J. A. N.; Ramalho M. A. P.; Abreu A. F. B. (2008) Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. *Bragantia*, Campinas, v. 67, n. 4, p. 833.

Moreira, R.M.P.; Ferreira, J.M.; Takahashi, L.S.A.; Vasconcelos, M.E.C.; Geus, L.C.; Botti, L. (2009) *Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-de-vagem de crescimento determinado*. Seminário: Ciências Agrárias, Londrina. 30(1), p. 1051-1060.

Moreto, A. L. (2008) *Epistasia em cruzamento de feijão Andino x Mesoamericano*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) –Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras - UFLA, 67p.

Nunes, J. A. R.; Ramalho, M. A. P.; Ferreira, D. F. (2008) Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v. 31, n. 1, p. 73-78.

Nuñez, O. A. M. (1997) Origen y importancia del cultivo de la caraota (*Phaseolus vulgaris*L.). *Revista Facultad Agronomia, Maracay*, 23:225-234.

Oca, G.M. (1987) (ed.). Mejoramiento genético de la habichuela en el CIAT y resultados de viveros internacionales. El mejoramiento genético de La

habichuela en América Latina. Memorias de un taller. Cali: *Centro internacional de Agricultura Tropical*, p. 60-72.

Peixoto, N.; Braz, L. T.; Banzatto, D. A.; Oliveira, A. P. (2002) Adaptabilidade e estabilidade em feijão-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, DF, 20(4):616-618.

Peixoto, N.; Moraes, E.A.; Monteiro, J.D.; Thung, M.D.T. (2001) Seleção de linhagens de feijão-vagem de crescimento indeterminado para cultivo no Estado de Goiás. *Horticultura Brasileira*. 19(1), p. 85-88.

Peixoto, N.; Silva, L.O.; Thung, M.D.T.; Santos, G. (1993) Produção de sementes de linhagens e cultivares arbustivas de feijão-de-vagem em Anápolis–GO. *Horticultura Brasileira*. 11(2), p. 151-152.

Pereira, A.V.; Otto, R.F.; Reghin, M.Y. (2003) Respostas do feijão-vagem cultivado sob proteção com agrotêxtil em duas densidades de plantas. *Horticultura Brasileira*. 21(3): 564-569.

Pereira, M. G. (1983) *Variabilidade de genótipos de soja (Glycine Max (L.) Merrill) descendentes de dois processos de seleção*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 137p.

Piepho, H. P.; Möhring J.; Melchinger, A. E.; Büchse A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, v. 161, n.1-2, p. 209-228.

Pípolo, C. V.; Vizoni, É.; Giroto, J. C. M. (2001) Determinação do melhor período para realização de cruzamento artificial em feijão-vagem, *Phaseolus vulgaris* L., em Londrina, Estado do Paraná. *Acta Scientiarum Agronomy*, Maringá, 23(5):1191-1193.

- Pooni, H.S.; Jinks, J.L. (1978) Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent for two or more characters simultaneously. *Heredity*, v.40, n.3, p.349-361.
- Prela, A., Ribeiro, A.M.A. (2002) Determinação de graus-dia acumulados e sua aplicação no planejamento do cultivo de feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) para Londrina-PR. *Revista Brasileira de Agrometeorologia*. 10(1): 83-86.
- Ramalho, M. A. P., Santos, J. B., Zimmermann, M. J. O. (1993). *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, 271p.
- Ramalho, M.A.P.; Araújo, L.C. de A. (2011) Breeding self pollinated plants. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.11, p.17.
- Ramalho, M.A.P.; Carvalho, B.L.; Nunes, J.A.R. (2013) Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. *ISRN Genetics*, v.2013, p.718-127.
- Raposo, F. V.; Ramalho, M. A. P.; Abreu, A. F. B. (2000) Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, 35(10):1991-1997.
- Resende, M. D. V. de. (2004). *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Colombo: Embrapa Florestas, 57 p.
- Resende, M. D. V. de.; Duarte, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v.37, n. 3, p 182-194.
- Resende, M. D. V. de; Furlani-Júnior, E.N.E.S; Moraes, M.D.; Fazuoli L.C. (2001) Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. *Bragantia*, v.60, n. 3, p. 185-193.

- Resende, M.D.V. de. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 975p.
- Resende, M.D.V. de. (2007a) *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: *Embrapa Florestas*, 561p.
- Resende, M.D.V. de. (2007b) *Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo: *Embrapa Florestas*, 359p.
- Resende, M.D.V. de; Higa, A.R. (1994) *Estimação de valores genéticos no melhoramento de Eucalyptus: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes*. *Boletim de Pesquisa Florestal*, n.28, 29, p.11,36.
- Resende, M.D.V. (2016) *Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding*. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, 16: 330 -339.
- Rocha, M. G. B.; Pires, I. E.; Rocha, R. B.; Xavier, A.; Cruz, C. D. (2007). *Seleção de genitores de eucalyptus grandis e de eucalyptus urophylla para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética*. *Revista Árvore*, Viçosa, v. 31, n. 6, p. 977-987.
- Rocha, M. M.; Campelo, J. E. G.; Freire Filho, F. R.; Ribeiro, V. Q.; Lopes, A. D. A. (2003) *Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco*. *Revista Científica Rural*, v. 08, n. 01, p. 135-141.
- Rodrigues, R. (1997) *Análise genética da resistência ao crestamento bacteriano comum e outras características agronômicas em Phaseolus vulgaris L.* Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes – RJ, Estadual do Norte Fluminense – UENF, 103p.

- Rodrigues, R.; Leal, N. R.; Pereira, M. G. (1998) Análise dialéctica de seis características agronômicas em *Phaseolus vulgaris* L. *Bragantia*, Campinas, 57(2):241-250.
- Santos, F.F.; Matos, M.J.L.F.; Melo, M.F.; Lana, M.M.; Luengo, R.F.A.; Tavares, S.A. (2002) Feijão-de-vagem: <http://www.emater.df.gov> em 27/02/2017.
- Silbernagel, M.J; Janssen, W.; Davis, J.H.C.; Montes de Oca, G. (1995). Snap bean production in the tropics: Implications for genetic improvement. In Van Schoonhoven, A.; Voysest, O. (eds.) *Common beans: Research for crop improvement*. C.A.B; Ciat, Cali, Colômbia, p. 835–862.
- Silbernagel, M.J. (1986). Snap breeding. In: Basset, M.J (ed.) *Breeding vegetable crops*. New York: Avi Publishing, p. 243-282.
- Silbernagel, M.J.; janssen, W.; davis, J.H.C.; Oca, G.M. (1991) Snap bean production in the tropics: Implications for genetic improvement. In Van Schoonhoven, A., Voysest, O. (eds.) *Common beans: Research for crop improvement*. Cali: CIAT, p. 835–862.
- Silva, A. B. G. (2013) Cruzamentos dialécticos para caracteres agronômicos na cultura de feijão-de-vagem. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 55p.
- Singh, S. P.; Gepts, P.; Debouck, D. G. (1991) Races of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Economic Botany*, Bronx, v. 45, n. 3, p. 379-396.
- Singh, S.P. (2001) Broadening the Genetic Base of Common Bean Cultivars: A Review. *Crop Science*, Madison, 41: 1659-1675.
- Sousa, C. M. B; Gravina, G. A; Viana, A. P; Daher, R. F; Souza, C. L. M. (2017) Selection of snap bean F2 progenies for production using the REML/ BLUP methodology. *Horticultura Brasileira* 35: 033-040.

- Sousa, C. M. B. (2014) Seleção de Progênes F₂ de Feijão-Vagem para Produção Via Modelos Mistos. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 56p.
- Skroch, P.; Nienhuis, J.(1995) Qualitative and quantitative characterization of RAPD variation among snap bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. *Theoretical Applied Genetics*, 91, p. 1078–1085.
- Stevens, M.A. (1994) *Varietal influence on Nutritional Value*. In: White, D.L e SELVEY, n(ed) *Nutritional Quality of Fresh fruits and Vegetables*. New York: Futura Publishing, p.87.
- Teixeira, A.B.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Pereira, T.N.S.; Bressan-Smith, R.E. (2004) Genetic divergence in Snap –bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated for different methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*.4(1), p. 52-62.
- Tessarioli Neto, J.; Groppo, G. A. (1992) A cultura do feijão-vagem. Boletim técnico CATI, Campinas, n. 212, p. 1-12.
- Tigchellar, E. C. (1986) Tomato breeding. In: Basset, M. J. (Ed.). *Breeding vegetable crops*. Avi Publishing, p.135-171.
- Toledo, M.R., Tancredi, F.D., Sedyama, T., Ribeiro Júnior, J.I., Reis, M.S. (2009) Remoção do meristema apical e adensamento em plantas de soja visando sua utilização no método descendente de uma única semente. *Acta Scientiarum. Agronomy*. 31(1): 113-119.
- Vieira, C. (1988) Perspectiva da cultura do feijão e de outras leguminosas de grãos no país e no mundo. In: Zimmermann, M. J. O.; Rocha, M.; Yamada, T. *Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba: Associação Brasileira da Potassa e do Fosfato. p.02–19.

- Vieira, C.; Borém, A.; Ramalho, M. A. P. (1999) Melhoramento do feijão. In: Borém, A. *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa. Ed. UFV, p. 273-349.
- Vilela, F.O., Amaral Júnior, A.T., Freitas Júnior, S.P., Viana, A.P., Pereira, M.G. and Morais Silva, M.G. (2009) Selection of snap bean recombined lines by using EGT and SSD. *Euphytica* 165: 21-26.
- Vilela, F.O., Amaral-Júnior, A.T.(2008) *Melhoramento Genético de Feijão-de-Vagem (Phaseolus vulgaris L.): Avanço de Gerações Via SSD e Uso de Índices de Seleção e Estatística P1 na Identificação de Genótipos Superiores*. Tese (Produção Vegetal) – Campos Goytacazes – RJ, Universidade do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, p 141.
- Vilhordo, B.W.; Mikusinski, O.M.F.; Burin, M.E.; Gandolf, V.H. (1996) Morfologia. IN: Araújo, R.S., Rava, C.A., Stone, L.F., Zimmermann, M.J.O (eds.). *Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba. Associação Brasileira para pesquisa da potassa e do fosfato, p. 669 -700.
- Zaumeyer, W.J. (1972) Genetic vulnerability of major crops. *National Academy of Science*, p. 234-244.
- Zimmermann, M.J.O.; Teixeira, M.G. (1996) Origem e evolução. In: Zimmermann, M.J.O.; Rocha, M.; Yamada, T. *Cultura do feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: Potafos, p.57-68.