

SELEÇÃO DE PROGÊNIES F₂ DE FEIJÃO-VAGEM PARA
PRODUÇÃO VIA MODELOS MISTOS

CARLOS MISAEL BEZERRA DE SOUSA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO – 2015

SELEÇÃO DE PROGÊNIES F₂ DE FEIJÃO-VAGEM PARA
PRODUÇÃO VIA MODELOS MISTOS

CARLOS MISAEL BEZERRA DE SOUSA

“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: Geraldo de Amaral Gravina

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO - 2015

SELEÇÃO DE PROGÊNIES F₂ DE FEIJÃO-VAGEM PARA
PRODUÇÃO VIA MODELOS MISTOS

CARLOS MISAEL BEZERRA DE SOUSA

“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 2015

Comissão examinadora:

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

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

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

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

Aos meus pais, Carlos Alberto (*in memoriam*) e Suêrde Maria.

Às minhas avós Arister (*in memoriam*) e Maria de Lourdes.

A toda a minha família.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao meu bom Deus por estar sempre presente, guiando e me fortalecendo a cada passo dado à frente;

À minha mãe, Suêrde Maria, por sempre me indicar o caminho do bem, sempre confiar em mim e por tudo ter feito para que eu pudesse crescer profissionalmente, além de ser meu exemplo de pessoa;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro por tornar possível a realização de mais um passo da minha carreira profissional e por contribuir eficientemente para o meu futuro;

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, pelos incentivos, ensinamentos, amizade, confiança e paciência;

Ao professor e praticamente coorientador Alexandre Pio Viana, pelo auxílio nas análises do experimento, pelo incentivo na hora certa e por estar sempre disponível;

A Prof.^a Regina Lúcia Ferreira Gomes pelo grande carinho, amizade, confiança, incentivo e ensinamentos valiosos que levarei por toda a vida;

A todos os professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, com os quais tive a grata oportunidade de adquirir e compartilhar conhecimentos.

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

À minha namorada Rozanna Tavares Sales pela paciência com a qual passamos por isso, pela sempre disponível ajuda a qual me acalmou em alguns momentos, e pelo inestimável carinho pelo qual agradeço todos os dias por ser merecedor;

A toda a minha família pelas orações e por sempre me apoiarem em tudo de bom que faço minha irmã Carlessa, minhas tias, avós e primos, além de todos que torcem por mim.

À todos os meus amigos da caminhada na pós-graduação, principalmente Raimundo Nonato, Diego Marmolejo, Hellen, Verônica Silva, Ingrid Gaspar, Léo Fernandes, Polliane Corrêa, Sr. Cinésio, Andréa Barros Cíntia Machado, Gislanne, Cláudia Lougon, e todos os participantes do Grupo “Deus é Mais”. Enfim, agradeço a todos com quem convivi durante esses dois anos em Campos.

SUMÁRIO

RESUMO.....	vi
ABSTRACT.....	viii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS.....	3
2.1 Objetivo geral.....	3
2.2 Objetivos Específicos.....	3
3. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
3.1 Origem, classificação botânica e aspectos da cultura.....	4
3.2 Importância socioeconômica.....	7
3.3 Melhoramento do feijão-vagem.....	8
3.4 REML/BLUP.....	11
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	17
4.1 Material genético.....	17
4.2 Local e condução do experimento.....	19
4.3 Análises estatísticas.....	20
4.4 Estimadores dos componentes de variância.....	21
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	23
5.1 Estimativas de parâmetros genéticos via REML.....	23
5.2 Seleção entre progênies.....	27
5.3 Seleção dentro de progênies.....	32
6. CONCLUSÕES.....	38
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	39

RESUMO

SOUSA, Carlos Misael Bezerra de; Ms.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março, 2015; SELEÇÃO DE PROGÊNIES F₂ DE FEIJÃO-VAGEM PARA PRODUÇÃO VIA MODELOS MISTOS. Orientador: Geraldo de Amaral Gravina; Conselheiros: Rogério Figueiredo Daher e Helaine Christine Cancela Ramos.

O feijão-vagem tem se mostrado bastante promissor entre as leguminosas cultivadas no Brasil, com destaque para a região sudeste. Embora seja bastante apreciado nas regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro, estas regiões ainda possuem baixa participação na sua produção, devido às condições climáticas desfavoráveis de cultivo desta leguminosa. Portanto, torna-se necessário desenvolver genótipos mais adaptados com qualidade e produção superiores para serem recomendados aos produtores, principalmente das regiões Norte e Noroeste Fluminense. Este trabalho objetivou selecionar progênies F₂ de feijão-vagem para caracteres relacionados à produção de vagens e grãos através do procedimento REML/BLUP. O experimento foi conduzido na área experimental do Instituto Federal Fluminense - IFF, localizado no município de Bom Jesus do Itabapoana, estado do Rio de Janeiro. Foram semeadas linhas de 55 genótipos, entre eles, 42 progênies F₂ oriundas de cruzamentos dialélicos, além dos 13 parentais utilizados como testemunhas. Cada linha foi composta por 24 plantas, sem repetições e o espaçamento utilizado foi de 1,0 x 0,5 m. As plantas foram colhidas e avaliadas individualmente para as características produção de vagens

por planta e produção de grãos por planta. Foi realizada a seleção entre e dentro de progênies via BLUP, de acordo com o programa Selegen-REML/BLUP. Através do REML foi possível estimar os coeficientes de variação genético e residual (19,43% e 33,53%, respectivamente para PVP, 20,49% e 34,28% para PGP), o que possibilitou obter uma informação mais precisa sobre a participação do ambiente no processo de identificação de genótipos superiores, através da seleção direta nos caracteres em análise. Utilizou-se 7,9% de intensidade de seleção totalizando 100 plantas selecionadas com base no valor genotípico individual. A acurácia estimada para a seleção de progênies foi de 0,5014 para a PVP e 0,5130 para PGP, valores de acurácia considerados intermediários, indicando dificuldades na seleção dos caracteres devido à alta influência ambiental sobre as características de produção. Apesar disso, a predição dos valores genéticos do BLUP, apontou os cruzamentos Feltrin X UENF 15-23-4, UENF 7-5-1 X UENF 9-24-2 e Feltrin X UENF 14-3-3 como as progênies mais promissoras, apontando ganhos de 65,66g, 61,49g e 57,63g, respectivamente para a produção de vagens e 52,45g, 46,96g e 49,29g, respectivamente para a produção de grãos. O ganho genético aditivo predito com a seleção foi de 36,05% na produção de grãos e 33,5% na produção de vagens. Conclui-se que a seleção via BLUP para a produção de vagens e grãos possibilitou a predição e obtenção de ganhos genéticos significativos para o melhoramento do feijão-vagem nas próximas gerações.

ABSTRACT

SOUSA, Carlos Misael Bezerra de; Ms.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March, 2015; SELECTION OF SNAP BEAN F₂ PROGENIES FOR PRODUCTION TRAITS WITH MIXED MODELS. Advisor: Geraldo de Amaral Gravina; Consuelors: Rogério Figueiredo Daher e Helaine Christine Cancela Ramos.

The snap beans has been very promising between leguminous crops grown in Brazil, especially in the Southeast. Although very popular in the North and Northwest of the state of Rio de Janeiro, these regions still have low participation in production due to unfavorable weather conditions of cultivation of this legume. Therefore, it is necessary to develop more adapted genotypes with superior quality and production to recommend to the producers of Rio de Janeiro, mainly in the North and Northwest of the state. This study aimed to select snap bean progenies in the F₂ generation for characters related to the production of pods and grains by the REML/BLUP procedure. The experiment was conducted in the experimental area of the Federal Institute Fluminense - IFF, located in Bom Jesus do Itabapoana, state of Rio de Janeiro. The 55 genotypes were seeded in lines, among them 42 F₂ progenies derived from diallel crosses, in addition to 13 parental genotypes used as witnesses. Each line consisted of 24 plants, without replications and the spacing used was 1.0 x 0.5 m. The plants were individually harvested and evaluated for the traits production of green pods per plant and grain

production per plant. The selection among and within progenies via BLUP according to Selegen-REML/BLUP program was performed. By REML was possible to estimate the genetic and residual variation coefficients (19.43% and 33.53%, respectively for PVP, 20,49% and 34,28% for PGP), which allows to obtain more precise information about the participation of the environment in the process of identifying superior genotypes by direct selection in the characters in question. It was used 7.9% of intensity selection with a total of 100 plants selected based on individual genotypic value. The estimated accuracy for the selection of progeny was 0.5014 for the PVP and 0.5130 for PGP, values considered of intermediate magnitude and indicating difficulties in the selection of characters due to the high environmental influence on production traits. Nevertheless, the prediction of breeding values via BLUP, pointed the progenies derived from the crossings Feltrin X UENF 15-23-4 , UENF 7-5-1 X UENF 9-24-2 and Feltrin X UENF 14-3-3 as the most promising progenies pointing 65,66g, 61,49g and 57,63g, respectively, for the production of pods and 52,45g, 46,96g and 49,29g, respectively, for the grain production. The additive genetic gain predicted with the selection was 36.05% in PGP and 33.5% in the PVP trait. We conclude that selection via BLUP for the production of pods and grains enabled the prediction and achievement of significant genetic gains for the improvement of snap beans in the coming generations.

INTRODUÇÃO

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.; $2n = 2x = 22$), assim como o feijão comum, é uma espécie predominantemente autógama, diplóide, domesticada há mais de sete mil anos, em dois centros de origem: a Mesoamérica (México e América Central) e a região Andina (Vieira, 1999).

É uma hortaliça de relevância mundial. Suas vagens são colhidas ainda imaturas e geralmente consumidas na forma *in natura* ou industrializadas em diversos países no mundo. No Brasil, é conduzido tradicionalmente por produtores familiares visando o consumo *in natura*, utilizando-se de pequeno número de cultivares de crescimento indeterminado no sistema tutorado (Peixoto *et al.*, 1993; 2002).

De acordo com Francelino *et al.* (2011), no Estado do Rio de Janeiro, as variedades de hábito de crescimento indeterminado são mais utilizadas por possibilitarem maior rendimento econômico, além de permitirem rotação de culturas quando adequadamente conduzidas em áreas já tradicionais no cultivo do tomate de mesa, gerando empregos no meio rural e se tornando uma fonte de renda a mais para os produtores do estado.

A cultura tem se mostrado promissora entre as leguminosas cultivadas no Brasil, ao alcançar a sexta posição em volume produzido (CEASA, 2010), com destaque para a Região Sudeste, produzindo cerca de 37 mil ton. ano⁻¹, onde o Estado do Rio de Janeiro tem sido responsável por 21% desse valor. Embora o

feijão-vagem seja bastante apreciado nas regiões Norte e Noroeste do estado estas possuem baixa participação na sua produção, devido às condições climáticas desfavoráveis ao seu cultivo (Vilela, 2008). Portanto, torna-se necessário que os programas de melhoramento da espécie sejam implementados, a fim de selecionar e desenvolver genótipos mais adaptados com qualidade e produção superiores para serem recomendados aos produtores dessas regiões.

É importante que a seleção de genótipos superiores seja fundamentada, sobretudo nos componentes genéticos contribuindo tanto como subsídio para o planejamento de eficientes estratégias de melhoramento, bem como para o conhecimento da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres aos quais se deseja melhorar. Outro benefício dos componentes genéticos bem estimados, segundo Resende et al. (2001) está na possibilidade de predição de valores genotípicos dos candidatos à seleção, já que o procedimento de predição de valores genéticos depende do conhecimento do controle genético dos caracteres sob seleção, especialmente dos parâmetros herdabilidade e repetibilidade individuais.

Há necessidade do uso de métodos específicos quando se objetiva a estimação de parâmetros genéticos e a predição de valores genéticos individuais. Atualmente, de acordo com Resende (2007b), o procedimento padrão recomendado para a análise de estudos em genética quantitativa e para a prática da seleção com base em valores genotípicos é o REML/BLUP, ou seja, a estimação de componentes da variância é feita pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genotípicos é realizada através da melhor predição linear não-viesada (BLUP).

Com base nestas informações, o objetivo desta pesquisa foi selecionar plantas F_2 de feijão-vagem para caracteres de produção através do procedimento REML/BLUP.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

- Selecionar progênies F_2 de feijão-vagem para caracteres de produção através do procedimento REML/BLUP.

2.2 Objetivos Específicos

- Estimar parâmetros genéticos para a população segregante e selecionar plantas para os caracteres avaliados através do método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML);
- Predizer valores genéticos das progênies avaliadas através da Melhor Predição Linear Não Viesada (BLUP);
- Predizer os ganhos genéticos obtidos através da seleção entre e dentro das progênies.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Origem, classificação botânica e aspectos da cultura

O gênero *Phaseolus* é classificado, segundo Melchior (1964), como pertencente à ordem *Rosales*, subtribo *Phaseolinae*, tribo *Phaseoleae*, subfamília *Papilionoideae* e família *Fabaceae*. Cronquist (1988) classifica-o como pertencente à subclasse *Rosidae*, ordem *Fabales* e família *Fabaceae*. O gênero é representado por cerca de 55 espécies, e destas, apenas cinco são cultivadas: *Phaseolus acutifolius* L., *Phaseolus coccineus* L., *Phaseolus lunatus* L., *Phaseolus polyanthus* Greenman e *Phaseolus vulgaris* L. Entre as cinco, *Phaseolus vulgaris* L. se destaca por ser a espécie cultivada mais antiga e a mais utilizada nos cinco continentes e, em alguns locais, é considerada alimento indispensável (Singh, 2001).

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.; $2n = 2x = 22$), assim como o feijão comum, é uma espécie predominantemente autógama, diplóide, domesticada há mais de sete mil anos, em dois centros de origem: a Mesoamérica (México e América Central) e a região Andina (Vieira, 1999). Debouck (1988) cita três centros de diversidade genética, tanto para espécies silvestres como cultivadas do gênero *Phaseolus*, podendo ser identificados nas Américas, os centros Mesoamericanos, Norte e Sul dos Andes.

A origem do gênero *Phaseolus* e sua diversificação primária ocorreram nas Américas (Debouck, 1991). Populações silvestres de feijão crescem,

atualmente, desde o Norte do México até o Norte da Argentina, em altitudes entre 500 e 2.000 m (Debouck, 1986).

A diversidade entre as espécies de *Phaseolus* em relação ao feijão comum está organizada em *pools* gênicos: primário, secundário, terciário e quaternário (Debouck, 1999). O *pool* primário compreende populações cultivadas e silvestres, sendo essas últimas os ancestrais mais próximos do feijão e distribuem-se desde o norte do México até o noroeste da Argentina (Gepts & Bliss, 1986). Híbridos entre os feijões cultivados e silvestres deste *pool* são férteis e não existem barreiras de cruzamento entre eles. O *pool* secundário compreende as espécies *Phaseolus coccineus* L., *Phaseolus costaricensis* Freytag & Debouck, e *Phaseolus polyanthus* Greeman; o terciário é constituído por *Phaseolus acutifolius* L. e *Phaseolus parvifolius* Freytag; já espécies como *Phaseolus filiformis* Bentham e *Phaseolus angustissimus* Asa Gray podem ser consideradas do *pool* quaternário (Singh, 2001).

A atual organização da diversidade genética em conjuntos gênicos do feijoeiro cultivado é resultante da evolução em ambas as condições naturais e de cultivo, pois antes da domesticação, a espécie *Phaseolus vulgaris* L. já havia divergido em dois grandes conjuntos de genes, cada um com a sua distribuição geográfica característica (Gepts, 1998). Trabalhos realizados por Bitocchi et al. (2012), indicaram um padrão claro associado a uma origem mesoamericana desta espécie a partir da qual diferentes eventos de migração ampliaram a distribuição de *Phaseolus vulgaris* L. na América do Sul.

Até o momento, a hipótese mais creditada referente às origens do feijão indicou que, a partir de uma área central nas encostas ocidentais dos Andes no norte do Peru e do Equador, os grãos selvagens foram dispersos ao norte (para a Colômbia, América Central, e México) e ao sul (para ao sul do Peru, Bolívia e Argentina), que resultou nos conjuntos gênicos Mesoamericano e Andino, respectivamente (Bitocchi et al., 2012). A evolução isolada nos dois conjuntos gênicos resultou em mudanças evolutivas significativas, tais como: morfológicas, fisiológicas e genéticas. Ainda se sugere um terceiro centro localizado na região da Colômbia (Debouck, 1986; Gepts & Debouck, 1991).

Por se tratar da mesma variedade botânica do feijão comum, o feijão-vagem também apresenta o mesmo centro de origem, no entanto, devido às

mutações genéticas ocorridas no feijão comum introduzido da América, Oca (1987) cita o continente Europeu como local de evolução e melhoramento do feijão-de-vagem como cultura, mais precisamente a França e Países Baixos, onde as primeiras cultivares apropriadas para colheita e consumo de vagens ainda imaturas foram obtidas no início do século XIX. De acordo com Filgueira (2008), o feijão-vagem é uma planta que se reproduz por autofecundação, na qual a polinização do estigma ocorre antes da abertura do botão floral, caracterizando a cleistogamia.

É uma Fabácea anual e herbácea que pode apresentar crescimento determinado, o qual chega a atingir em média 0,50 m de comprimento, não forma guias e apresenta ciclo relativamente mais curto; ou o crescimento do tipo indeterminado, este último sendo o mais comum e atingindo em média 2,5 m de comprimento, necessitando assim de tutores para o seu adequado cultivo (Castellane et al., 1988).

Os frutos são vagens que apresentam polpa espessada e formato afilado, dentro das quais se desenvolvem as sementes, contudo, na cultura do feijão-vagem, o objeto de consumo é o próprio fruto ou vagem. Sendo assim, as cultivares mais produtivas e com menor teor de fibras, ao serem colhidas em ponto de comercialização têm maior preferência no mercado. Tanto as cultivares de hábito de crescimento determinado quanto às de crescimento indeterminado apresentam vagens unicarpelares, indeiscentes ou tardiamente deiscentes, e com número variável de sementes que são, em geral, reniformes, com hilo branco e vagens mais compridas que as do feijão comum (Castellane et al., 1988; Filgueira, 2000; 2008)

No Brasil, as cultivares comerciais de feijão-vagem são classificadas em três grupos principais, conforme o formato da seção circular: os tipos macarrão, macarrão rasteiro e manteiga (Filgueira, 2003). O tipo macarrão, de maior importância econômica, e o macarrão rasteiro apresentam vagens com seção circular no formato cilíndrico ou levemente ovalado, com comprimento variando de 15 a 18 cm e diâmetro médio em torno de 0,8 cm no ponto comercial. O tipo manteiga possui vagens de seção achatada, em geral com comprimento de 21 a 23 cm e largura, variando de 1,5 a 2,0 cm (Maluf, 1994; 2001; Filgueira, 2003).

Quanto à cor da vagem, existem alguns grupos que produzem vagens verdes, tenras e lisas, com baixo teor de fibras, polpa espessa e formato alongado. As vagens de cor verde são apresentadas pela maioria das cultivares comerciais. Sendo as mais populares para consumo *in natura* e industrialização. As demais cores apresentam mercado restrito (Castellane et al., 1988; Abreu, 2001).

3.2 Importância socioeconômica

O feijão-vagem é uma hortaliça de relevância mundial. Suas vagens são colhidas ainda imaturas e consumidas na forma *in natura* ou industrializadas em diversos países no mundo. É estimado que a produção mundial de vagem esteja em torno de 6,5 milhões de t.ano⁻¹, onde a China figura como principal produtor, seguida pela Indonésia e Turquia (FAO, 2010). Segundo dados da CEASA (2010), o feijão-vagem, no Brasil, ocupa a sexta posição em volume produzido, com produção de 56 mil t.ano⁻¹.

Ainda segundo dados da CEASA (2010), a região Sudeste do Brasil produz cerca de 37 mil t.ano⁻¹ de feijão-vagem, sendo o estado do Rio de Janeiro responsável por 21% dessa produção. No Rio de Janeiro, a média de comercialização de feijão-de-vagem, somando-se todas as unidades de revenda do CEASA é de aproximadamente, 600 t.mês⁻¹.

O feijão-vagem tem se mostrado bastante promissor entre as Fabáceas cultivadas no Estado do Rio de Janeiro. O Estado é considerado um dos maiores centros nacionais de produção e comercialização desta olerícola. Conforme dados da CEASA – RJ, no ano de 2010 a produção fluminense chegou a 10.246 toneladas. Os municípios que mais contribuíram foram Sumidouro, com 2.852 t de vagem “Manteiga”, e São João da Barra, com 557 t de vagem “Macarrão”.

O cultivo do feijão-vagem no Brasil para consumo *in natura* é conduzido tradicionalmente por produtores familiares, utilizando-se pequeno número de cultivares de crescimento indeterminado no sistema tutorado (Peixoto et al., 1993; 2002), fato que também ocorre no Estado do Rio de Janeiro, onde as variedades de hábito de crescimento indeterminado são mais utilizadas por possibilitarem

maior rendimento econômico, além de permitirem rotação de culturas quando adequadamente conduzidas em áreas já tradicionais no cultivo do tomate de mesa. Dessa forma gerando empregos no meio rural e se tornando uma fonte de renda a mais para os produtores (Abreu *et al.*, 2004; Francelino *et al.*, 2011).

Santos e Braga (1998) afirmam que o cultivo do feijão tem deixado de ser de subsistência, e tem se tornado mais tecnificado. Porém estas modificações não ocorreram de forma homogênea, variando tanto em relação aos diferentes tipos de feijão quanto às regiões de produção. Entre as principais modificações tecnológicas, destacam-se as pesquisas em melhoramento genético, as quais afetam substancialmente a produtividade e a qualidade do produto.

A relevante importância da cultura do feijão-vagem no contexto da agricultura fluminense tem impulsionado a busca por materiais genéticos com características desejáveis à produção, a fim de que sejam recomendados aos produtores do estado. A alta produtividade pode ser obtida pelo aprimoramento das técnicas de cultivo ou pela utilização de cultivares geneticamente superior. Deste modo, os programas de melhoramento da cultura têm se tornado cada vez mais importante na busca de cultivares que possam impulsionar o mercado fluminense desta olerícola.

3.3 Melhoramento genético do feijão-vagem

Ainda são escassos os trabalhos de melhoramento de feijão-vagem. No Brasil, as cultivares hoje disponíveis além de raras são utilizadas em diversas regiões. Pesquisas visando o melhoramento do feijão-de-vagem são de extrema importância e algumas estão sendo desenvolvidas no Brasil. Isso tem refletido em melhorias no manejo, na produtividade e na tolerância da cultura a estresses bióticos e abióticos. Entretanto, as empresas privadas de produção de sementes são as principais fontes de produção e liberação de novas cultivares, sendo que muitas destas são importadas (Rodrigues, 1997; Francelino *et al.*, 2011).

Tradicionalmente, pouca atenção tem sido dedicada ao melhoramento do feijão-vagem no Brasil. Muitas vezes, os agricultores têm sido os principais responsáveis pela seleção e manutenção de cultivares, caracterizando

basicamente um melhoramento realizado de forma empírica, onde essas populações locais são frequentemente mantidas pelos próprios produtores ou produzidas comercialmente por companhias de sementes (Maluf, 1994).

A cultura do feijão-vagem necessita de implementação de pesquisas, sobretudo no sentido de incrementar suas características para obter maior produtividade. Além de uma maior produção por área, outras características agrônômicas desejáveis como o tipo de planta ereto, a alta inserção das vagens inferiores e menor teor de fibras são interessantes para a otimização do manejo e melhoria da qualidade nutricional das vagens.

Embora seja desejável a obtenção de cultivares com hábito de crescimento determinado, as principais cultivares de feijão-vagem recomendadas atualmente no Brasil, são as de crescimento indeterminado, porquanto as mesmas atingem maiores produções. Todavia, as cultivares de crescimento indeterminado necessitam de cuidados mais intensos em relação à condução da cultura durante todo o ciclo, pois devido à necessidade de tutoramento, possuem uma grande exigência em mão de obra; e, por terem ciclo maior, são mais suscetíveis a ataques de pragas e doenças, aumentando assim, os custos de produção (Filgueira, 2003; Francelino *et al.*, 2011).

Em um programa de melhoramento, para a escolha de um novo genótipo a ser recomendado para um determinado local, é sempre desejável que existam ensaios visando a seleção dos mais adaptados. Neste caso, recomenda-se inicialmente plantios em escala experimental e, somente após obtidos resultados animadores, deverão ser feitos plantios em escala comercial, com o novo genótipo. Este método é um requisito importante para a indicação de novas cultivares de qualquer hortaliça, pois a resposta de cada genótipo depende do ambiente como um todo, principalmente do clima e do solo (Filgueira, 1982).

No Estado do Rio de Janeiro, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem desempenhado função importante para a seleção e desenvolvimento de materiais genéticos mais adaptados às condições ambientais do estado; e mais precisamente das regiões Norte e Noroeste Fluminense. Ao longo dos anos, diversas pesquisas vêm contribuindo para o

melhoramento de características importantes na cultura, desenvolvendo linhagens mais adaptadas para serem recomendadas no estado.

Com o objetivo de realizar seleções em feijão-vagem cultivados em duas localidades para avaliação das linhagens, Francelino et al. (2011), dentro do programa de melhoramento do feijão-de-vagem da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), realizaram seleções nas populações F₂, em campo; avançando até F₅ pelo método SSD, em casa de vegetação; posteriormente selecionando 30 linhas promissoras em F₆. Ao continuar o programa, a geração F₇ foi cultivada e avaliada em campo, nos municípios de Campos dos Goytacazes e em Bom Jesus do Itabapoana.

As características avaliadas foram: altura de inserção da primeira vagem; altura da planta; o número médio de vagens por planta; comprimento médio das vagens; peso médio de grãos por vagem; teor de fibras nas vagens; produtividade de vagens e a produtividade de grãos. Houve efeito significativo de genótipos para todas as características avaliadas, exceto para o número médio de vagens por planta. Foram apontados os acessos UENF 7-20-1, UENF 7-5-1, UENF 14-22-3, UENF 15-8-4, UENF 1445, Top seed blue line, Feltrin, UENF 14-16-3, UENF 7-10-1, UENF 14-6-3 e UENF 15-23-4 respectivamente, como os mais produtivos, com rendimentos de 20,052 a 15,873 Mg.ha⁻¹ de vagens e na produção de grãos variaram de 2,693 a 2,014 Mg.ha⁻¹.

Ao trabalhar com a mesma população avançada em F₉, Almeida (2011) objetivou realizar caracterização morfológica e agrônômica de 27 linhagens selecionadas, comparando-as com as duas testemunhas e um progenitor do programa de melhoramento do feijão de vagem da UENF. Nesta pesquisa, foi observada variabilidade fenotípica entre as características avaliadas nas linhagens, demonstrando haver variabilidade genética entre elas. Também foram selecionadas as quatorze linhagens mais produtivas, sendo consideradas promissoras para o programa de melhoramento. O maior valor de produtividade de vagens foi alcançado com a linhagem UENF 1445, apresentando nesse experimento uma produtividade maior do que as duas variedades comerciais utilizadas como testemunhas (Feltrin e TOP SEED Blue Line). Isto demonstrou a existência de linhagens promissoras para serem utilizadas no mercado.

3.4 REML/BLUP

Uma das alternativas para aumentar a produção de feijão-vagem seria a intensificação das pesquisas pelos programas de melhoramento genético da espécie, na busca de genótipos mais produtivos e ajustados às condições de ambiente da região. Sendo assim, a existência de variabilidade genética na população torna-se condição essencial para que o melhorista possa exercer uma pressão de seleção artificial e alcançar progresso através da obtenção de genótipos superiores (Coimbra; Guidolin; Carvalho, 1999).

O uso de parâmetros que auxiliam a discernir a variabilidade objetivando uma posterior seleção de genótipos superiores tem muitas vezes sido enfatizado. Entretanto, como a detecção de variabilidade numa população, por si só, não quantifica a variação dentro dessa população, torna-se necessário 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.

Sendo assim, é fundamental que se conheça o grau de relação genética entre a planta-mãe e suas progênies, estimado através da herdabilidade, o que permite ao melhorista estabelecer uma relação adequada com os objetivos a serem alcançados no programa de melhoramento genético. Ou seja, o estudo de um determinado caráter começa a partir do conhecimento da herdabilidade, o que possibilitará a previsão do ganho a ser obtido na próxima geração (Carvalho, 1981; 2001).

Na atual fase dos programas de melhoramento são grandes as dificuldades encontradas para a obtenção de progresso genético sobre o caráter produtividade, principalmente por ser este um caráter quantitativo de difícil seleção nas primeiras gerações segregantes, já que o número de locos heteróticos em F_2 é bastante significativo (Coimbra; Guidolin; Carvalho, 1999). Dessa forma, o estudo e a identificação de parâmetros genéticos como o coeficiente de variação genético, herdabilidade e a correlação entre caracteres exercem papel de suma importância 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 por meio da seleção direta ou indireta (Rocha *et al.*, 2003).

Resende e Duarte (2007) indicam que os ensaios de avaliação de cultivares devem ser abordados do ponto de vista genético e estatístico, e não apenas sob a perspectiva estatística. Ainda segundo os autores, um dos parâmetros mais relevantes para a avaliação da qualidade de um experimento, embora ainda pouco utilizado, é a acurácia seletiva, isto porque 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. Esta tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das cultivares para fins de seleção e também, sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico das cultivares (Resende, 2002).

Tanto o desenvolvimento de novas cultivares quanto a recomendação de novas variedades para os produtores requerem que uma seleção seja feita entre um grande número de genótipos candidatos à seleção, portanto 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 candidatos à seleção é de suma importância para o melhoramento genético, no entanto esta predição necessita de componentes de variância já conhecidos, e como isto não é possível, têm-se utilizado estimativas destes componentes, ambos associados a um modelo linear misto. Ou seja, modelo que 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; Resende, 2007b).

O método considerado ótimo para a 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. Desse modo, o REML tem substituído com vantagens o método ANOVA criado pelo cientista inglês Ronald Fisher em 1925. Deve-se salientar que, para situações simples, os dois procedimentos se equivalem em nível de informação, porém para situações mais complexas encontradas na prática, a ANOVA seria um procedimento apenas aproximado (Resende, 2004; Resende, 2007b).

Os estimadores REML apresentam algumas características específicas como: (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 altamente 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 feitas para toda a população, não apenas sobre os genótipos avaliados (Resende, 2004).

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, isto porque 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; Resende, 2007a).

O efeito Shrinkage é muitas vezes uma propriedade estatística desejável em um estimador devido ao grande aumento na precisão. Com isso, todo o viés proveniente do efeito shrinkage é mais do que compensado pela redução na variância, assim levando a um menor quadrado médio do resíduo (Piepho *et al.*, 2008).

A utilização dos BLUP's também é considerada como uma alternativa viável para diminuir os custos e também o tempo necessário para a obtenção e avaliação dos híbridos, pois a utilização do mesmo permite realizar apenas os cruzamentos onde os genitores se apresentem promissores para as características de interesse com base nos BLUP's. Com a predição dos valores genéticos associados às observações fenotípicas, é possível 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).

Embora não tenham sido encontrados trabalhos com feijão-vagem que se utilizem da metodologia REML/BLUP para fins de seleção, a metodologia tem sido cada vez mais utilizada como ferramenta associada à seleção de progênies em diversas culturas como milho-pipoca (Freitas *et al.*, 2013), café (Pereira *et al.*, 2013; Resende *et al.*, 2001), cana-de-açúcar (Resende e Barbosa, 2006), mamão (Oliveira *et al.*, 2012), feijão-comum (Chiorato *et al.*, 2008) entre outras.

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) fornecem as mesmas informações, indicando a utilização deste primeiro preferencialmente na análise de experimentos desbalanceados.

Em pesquisa realizada por Freitas *et al.* (2013) na cultura do milho pipoca, foram avaliadas 200 progênies de irmãos completos, em uma safra e em dois

ambientes (regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro) com o objetivo de comparar quatro índices de seleção e o método REML/BLUP na avaliação de ganhos genéticos preditos de características de interesse ao programa de melhoramento de milho-pipoca da UENF. Foram avaliadas as características altura média de plantas, altura média de inserção da primeira espiga, estande final, tombamento, diâmetro de colmo, prolificidade, rendimento e capacidade de expansão dos grãos. Em seus resultados, o método REML/BLUP mostrou-se muito eficiente na seleção das progênies, tendo selecionado progênies com desempenhos relativamente elevados e com ganhos genéticos preditos melhores que os dos índices de seleção testados. As progênies selecionadas com uso do método REML/BLUP para maior rendimento de grãos, não foram às mesmas selecionadas para maior capacidade de expansão. O método REML/BLUP e o índice de Mulamba & Mock proporcionaram os melhores ganhos preditos para a população UENF 14.

Na cultura do feijão-comum, Chiorato *et al.* (2008) avaliaram 18 genótipos da espécie em um total de 25 ambientes dentro do estado de São Paulo durante os anos de 2001 e 2002. Por meio do software Selegen-REML/BLUP, foram estimados os parâmetros genéticos pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e, com estas estimativas foram preditos os valores genotípicos através do BLUP. A estimativa da herdabilidade no sentido amplo para o rendimento de grãos foi de baixa magnitude ao utilizar dados de parcelas individuais, contudo, a herdabilidade com base na média das progênies, por levar em consideração os vários ambientes e repetições, alcançou valores superiores (0,75), permitindo uma alta precisão (0,87) na seleção de linhagens. Entre os 18 genótipos, os valores genotípicos preditos de nove se mostraram superiores à média geral da população e foram preditos ganhos genéticos de 16,25% com a seleção da melhor linhagem, neste caso, a linhagem Gen 96A31 do IAC.

A metodologia REML/BLUP também se mostrou eficiente na cultura do café, em experimento realizado por Resende *et al.* (2001) que objetivou a aplicação do método em programas de melhoramentos genético do cafeeiro (*Coffea arabica*). Neste experimento, 12 cultivares selecionadas pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) foram avaliadas em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições e dez plantas por parcela. Seus resultados

revelaram baixa variabilidade genética entre os genótipos para os caracteres altura da planta, diâmetro do caule e número de ramos plagiotrópicos, além de uma acurácia seletiva estimada em 0,76 na avaliação dos valores genotípicos das cultivares para o diâmetro do caule. Segundo o autor, o método de modelos mistos (REML/BLUP) mostrou-se adequado à estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro, podendo ser empregado rotineiramente; e acrescentou que a adoção de uma experimentação com duas plantas por parcela e 20 repetições poderá elevar a 90% a acurácia seletiva para o caráter diâmetro do caule.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Material genético

Essa pesquisa é continuidade do trabalho realizado por Silva (2013). Assim, será comentado de maneira breve sobre o que foi realizado no referido trabalho que objetivou avaliar, por meio de um dialelo parcial 6 x 6, doze genótipos de feijão-de-vagem (tabela 1), escolhidos a partir de trinta e sete caracteres morfológicos e agrônômicos, segundo o Formulário de Descritores Morfológicos Mínimos de Feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), recomendado pelo SNPC (Serviço Nacional de Proteção de Cultivares).

A fim de selecionar os melhores genitores capazes de gerar populações produtivas e avançar gerações através do método SSD (Single Seed Descent), os cruzamentos foram realizados e a geração F₁ avaliada em Delineamento Inteiramente Casualizado, com duas repetições e totalizando 48 tratamentos, ou seja, 12 parentais e 36 combinações híbridas.

O trabalho de Silva (2013) apontou os genótipos parentais Top Seed Blue Line, UENF 1445, UENF 7-20-1 e UENF 7-10-1 como os mais indicados para melhorar as características relacionadas à produção. As combinações híbridas L3 (Top Seed Blue Line) x L18 (UENF 9-24-2) e L12 (UENF 7-14-1) x L1 (UENF 1445) apresentaram as melhores estimativas de CEC para os caracteres avaliados, indicando grande probabilidade de obter genótipos superiores.

Tabela 1. Genótipos utilizados nos cruzamentos e suas principais características morfológicas (Silva, 2013). Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

Linhagem	Florescimento	Genitor	Cor da flor	Cor da vagem na maturação
L1- UENF1445	38 dias	Masculino	Branca	Amarela
L2 – Feltrin	37 dias	Feminino	Branca	Amarela
L3 - Top Seed Blue Line	40 dias	Feminino	Branca	Amarela
L4 - UENF 7-3-1	37 dias	Masculino	Rosa	Roxa
L6 - UENF 7-5-1	40 dias	Feminino	Rosa	Amarela
L7 - UENF 7-6-1	41 dias	Feminino	Branca	Amarela
L10 - UENF 7-10-1	40 dias	Feminino	Rosa	Roxa
L11 - UENF 7-12-1	40 dias	Masculino	Branca	Roxa
L12 - UENF 7-14-1	38 dias	Feminino	Rosa	Roxa
L13 - UENF 7-20-1	40 dias	Masculino	Branca	Amarela
L18 - UENF 9-24-2	39 dias	Masculino	Roxa	Amarela
L20 - UENF 14-3-3	35 dias	Masculino	Roxa	Roxa
L31 – UENF 15-23-4	44 dias	Feminino	Branca	Roxa

O material genético desta pesquisa foi constituído por 55 genótipos de feijão-vagem, entre eles 42 progênies F₂ obtidas dos cruzamentos dialélicos de Silva (2013) e 13 dos parentais utilizados para os mesmos (Tabela 2). Entre os parentais, estão 3 variedades comerciais e 10 linhagens oriundas do Programa de Melhoramento de feijão-de-vagem da Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

Tabela 2. Descrição das progênies F₂ a serem selecionadas e de seus respectivos genitores. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014.

Nº	Genitores
1	(UENF 7-14-1) L12 x L1 (UENF-1445)
2	(Feltrin) L2 x L1 (UENF-1445)
3	(UENF 7-14-1) L12 X L4 (UENF 7-3-1)
4	(Feltrin) L2 x L4 (UENF 7-3-1)
5	(UENF 7-14-1) L12 X L11 (UENF 7-12-1)
6	(Feltrin) L2 x L11 (UENF 7-12-1)
7	(UENF 7-14-1) L12 x L13 (UENF 7-20-1)
8	(Feltrin) L2 x L13 (UENF 7-20-1)
9	(UENF 7-14-1) L12 x L18 (UENF 9-24-2)
10	(Feltrin) L2 x L18 (UENF 9-24-2)
11	(UENF 7-14-1) L12 x L20 (UENF 14-3-3)
12	(Feltrin) L2 x L20 (UENF 14-3-3)
13	(UENF 7-14-1) L12 x L31 (UENF 15-23-4)
14	(Feltrin) L2 x L31 (UENF 15-23-4)

Cont. Tabela 2.

Nº	Progênes
15	(UENF 7-6-1) L7 x L1 (UENF-1445)
16	(UENF 7-5-1) L6 x L1 (UENF-1445)
17	(UENF 7-6-1) L7 x L4 (UENF 7-3-1)
18	(UENF 7-5-1) L6 x L4 (UENF 7-3-1)
19	(UENF 7-6-1) L7 x L11 (UENF 7-12-1)
20	(UENF 7-5-1) L6 x L11 (UENF 7-12-1)
21	(UENF 7-6-1) L7 x L13 (UENF 7-20-1)
22	(UENF 7-5-1) L6 x L13 (UENF 7-20-1)
23	(UENF 7-6-1) L7 x L18 (UENF 9-24-2)
24	(UENF 7-5-1) L6 x L18 (UENF 9-24-2)
25	(UENF 7-6-1) L7 x L20 (UENF 14-3-3)
26	(UENF 7-5-1) L6 x L20 (UENF 14-3-3)
27	(UENF 7-6-1) L7 x L31 (UENF 15-23-4)
28	(UENF 7-5-1) L6 x L31 (UENF 15-23-4)
29	Top Seed Blue Line L3 x L1 (UENF-1445)
30	(UENF 7-10-1) L10 x L1 (UENF-1445)
31	Top Seed Blue Line L3 x L4 (UENF 7-3-1)
32	(UENF 7-10-1) L10 x L4 (UENF 7-3-1)
33	Top Seed Blue Line L3 x L11 (UENF 7-12-1)
34	(UENF 7-10-1) L10 x L11 (UENF 7-12-1)
35	Top Seed Blue Line L3 x L13 (UENF 7-20-1)
36	(UENF 7-10-1) L10 x L13 (UENF 7-20-1)
37	Top Seed Blue Line L3 x L18 (UENF 9-24-2)
38	(UENF 7-10-1) L10 x L18 (UENF 9-24-2)
39	Top Seed Blue Line L3 x L20 (UENF 14-3-3)
40	(UENF 7-10-1) L10 x L20 (UENF 14-3-3)
41	Top Seed Blue Line L3 x L31 (UENF 15-23-4)
42	(UENF 7-10-1) L10 x L31 (UENF 15-23-4)

4.2 Local e condução do experimento

O presente experimento foi 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 a 25°C e precipitação média anual de 1200 a 1300 mm.

As plantas F_2 foram dispostas no campo experimental sem a constituição de parcelas experimentais, sendo devidamente dispostas e espaçadas 24 plantas individuais de cada uma das progênes F_2 , juntamente com seus genitores. Cada planta foi disposta no espaçamento de 1,0 x 0,5m.

A semeadura foi realizada colocando-se duas sementes por cova, a uma profundidade de 2,5 cm. A emergência das plântulas começou a ocorrer em média sete dias após o plantio. Posteriormente foi feito o desbaste deixando-se apenas uma planta por cova. Aproximadamente quinze dias após a emergência, as plantas foram tutoradas com 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 progênes foram avaliadas com relação aos seguintes caracteres:

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

Peso de grãos por planta (PGP) – Quantificação do peso total em gramas (g) dos grãos de cada planta após a debulha de vagens, através de balança de precisão.

4.3 Análises estatísticas

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 (2007b).

As variáveis foram analisadas de acordo com o seguinte modelo misto (Resende, 2007b):

$$y = X_f + Z_a + e$$

Onde \mathbf{y} , \mathbf{f} , \mathbf{a} , e \mathbf{e} são vetores de valores fenotípicos, de efeitos de informação dentro de famílias, dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), e de erros ou resíduos (aleatórios), respectivamente; \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência para os efeitos de repetição e para os efeitos genéticos aditivos individuais, respectivamente.

Os efeitos aleatórios foram assumidos como não correlacionados e como tendo distribuição normal.

4.4 Estimadores dos componentes de variância

Equações de modelos mistos

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} f \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \end{bmatrix}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_e^2} = \frac{1-h^2}{h^2}$$

Onde:

$$1) \quad h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} \Leftrightarrow h_{mp}^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

2) Variância Genética

$$\sigma_G^2 = [\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \sigma_e^2 \text{tr}(A^{-1}C^{22})] q$$

$q = n^\circ$ total de indivíduos

3) Variância Fenotípica

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_e^2$$

$$\sigma_e^2 = \frac{[Y'Y - \hat{r}'X'Y - \hat{a}'Z'Y]}{[N - r(x)]}$$

$N = n^\circ$ total de observações

$r(x) =$ posto da matriz (x)

4) Acurácia seletiva das progênies

$$R_{\hat{a}a}^2 = \left[1 - \frac{PEV}{\sigma_a^2} \right]^{\frac{1}{2}}$$

$$PEV = Var(a - \hat{a}')$$

5) Coeficiente de variação genética (CV_g)

$$CV_g \% = \frac{100\sqrt{\sigma_a^2}}{\hat{m}}$$

6) Coeficiente de variação experimental (CV_e)

$$CV_e \% = \frac{100\sqrt{\sigma_e^2}}{\hat{m}}$$

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 estão representados na Tabela 3. Para a realização das análises, foram utilizados os valores individuais das plantas de cada progênie.

Tabela 3. Parâmetros genéticos estimados para produção de grãos por planta (PGP) e produção de vagens por planta (PVP) e a média geral das progênies.

Estimativas	PGP	PVP
σ_g^2	465,692198	792,08263
σ_e^2	1.303,4137	2.358,1849
σ_f^2	1.769,1059	3.150,2675
h_a^2	0.263236 ± 0.0408	0,251433 ± 0,0399
Ac_{prog}	0,51307	0,50143
CV_g (%)	20,4910	19,4345
CV_e (%)	34,2811	33,5334
CV_r	0,5977	0,5795
Média geral	105,314	144,8142

σ_g^2 : variância genotípica; σ_e^2 : variância ambiental; σ_f^2 : variância fenotípica; h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo; Ac_{prog} : acurácia seletiva das progênies; CV_g (%) : coeficiente de variação genética; CV_e (%) : coeficiente de variação ambiental; CV_r : coeficiente de variação relativa ($CV_r = CV_g/CV_e$).

A estimativa da variância genética (σ_g^2) entre progênies, quando apresenta valores positivos e diferentes de zero, indica a existência de variabilidade entre as progênies devido ao genótipo e, conseqüentemente, a possibilidade de seleção das progênies superiores para cada característica avaliada. As características produção de grãos por planta (PGP) e produção de vagens por planta (PVP) apresentaram variância genética de 465,69 e 792,08, respectivamente. Estes valores refletem uma considerável variabilidade genética ou diferença entre os genótipos a ser aproveitada para fins de seleção, sobretudo para a produção de vagens, tendo este caráter a maior importância econômica para a cultura.

O sucesso com a seleção também depende da variação ambiental, pois a variação presente no fenótipo é devido às condições ambientais. Neste trabalho, foram obtidos altos valores para a variância ambiental considerando as duas características avaliadas, onde PGP obteve 1303,41 e PVP apresentou 2358,18. A alta influência ambiental sobre as características avaliadas pode ser justificada tanto pela natureza poligênica e complexa dos caracteres avaliados quanto pela ausência de controle ambiental no experimento, isto devido à não utilização de delineamento experimental.

É de suma importância que a variação fenotípica seja composta em maior parte por variações provenientes do genótipo dos candidatos à seleção, pois contribui para uma maior herdabilidade do caráter em questão. A partir da análise da herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) para as características PGP e PVP, observou-se valores em torno de 0,2632 para a produção de grãos e de 0,2514 para a produção de vagens, estes valores indicam que 26,32% e 25,14% da variação presente nas características PGP e PVP, respectivamente, são devido às causas genéticas. Os valores de herdabilidade para os caracteres se mostraram seriamente influenciados pela alta variância ambiental obtida, fato que dificulta o sucesso com a seleção a partir destes caracteres. Embora considerado de baixa magnitude, estes valores são de interesse para o melhoramento das características, pois se trata de características poligênicas. Qualquer ganho para tais características deve ser considerado.

Os valores de herdabilidade para PGP e PVP se apresentam superiores aos estimados por Coelho et al. (2002), que obtiveram valores de herdabilidade no sentido amplo de 0,19 para produção de grãos e 0,25 para produção de

vagens ao avaliar progênies F_2 de feijão comum derivadas do cruzamento Ouro 1919 X Milionário 1732 na época do verão-outono.

Também avaliando componentes de produção em genótipos de feijão comum através da metodologia REML/BLUP, Chiorato et al. (2008) obteve valores de herdabilidade para a produção de grãos similares aos obtidos neste estudo, onde a herdabilidade no sentido amplo foi estimada em 0,34, e a herdabilidade com base na média das linhagens estimada em 0,75. Segundo o autor, este fato possibilitou uma maior acurácia seletiva (0,87) devido à utilização no modelo experimental de um maior número de repetições e avaliação de menor número de plantas na linha.

Valores de herdabilidade no sentido amplo podem apresentar grandes variações, onde fatores como as diferentes origens das progênies avaliadas e diferentes níveis de influência do ambiente sobre as características podem ser bastante decisivos para que se obtenha melhores estimativas deste parâmetro (Pereira et al., 2012). Portanto, vale ressaltar que a herdabilidade não é uma característica imutável, sendo uma propriedade não só da característica, mas também da população e da condição ambiental a que a população foi submetida.

A herdabilidade com base na média das progênies é determinada com base no número de repetições e de plantas avaliadas por parcela no experimento (Chiorato et al., 2008). Neste trabalho, devido à utilização somente de dados a nível de plantas dentro das progênies e, conseqüentemente, sem repetições e médias das progênies, a herdabilidade com base na média das progênies para PGP e PVP foi igual à herdabilidade no sentido amplo, tornando este parâmetro nulo para as condições apresentadas para esta pesquisa.

A acurácia seletiva estimada para PGP foi em média 0,513, enquanto para a característica PVP, esta foi estimada em 0,501, valores estes que refletem dificuldades para a seleção nestes caracteres. Segundo Resende e Duarte (2007), a acurácia seletiva pode variar de 0 a 1, sendo classificada como muito alta ($Ac_{prog} \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq Ac_{prog} \leq 0,90$), moderada ($0,50 \leq Ac_{prog} \leq 0,70$), e baixa ($Ac_{prog} < 0,50$). No presente trabalho, os níveis de acurácia para as duas características são classificados como moderados, no entanto, é possível aumentar a mesma através de medidas experimentais que busquem a minimização da influência ambiental sobre os genótipos e o conseqüente aumento da herdabilidade resultante, mantendo-se o tamanho do experimento.

A acurácia seletiva está associada à precisão e representa a correlação entre os valores genéticos preditos e o valores genéticos verdadeiros dos indivíduos candidatos à seleção. Este fator de confiabilidade é função do coeficiente de determinação genotípica associado ao caráter em avaliação, o que corresponde ao coeficiente de herdabilidade, num processo de seleção intrapopulacional (Resende e Duarte, 2007).

O coeficiente de variação genético CV_g (%) é um indicador da grandeza relativa das mudanças de um caráter devido à ação dos genes; e é diretamente proporcional à variância genética, permitindo ao melhorista uma melhor noção da variabilidade genética e, conseqüentemente, dos avanços que podem ser obtidos através da seleção de uma determinada característica (Ferreira, 2013).

As características PGP e PVP apresentaram valores bem próximos de CV_g (20,491 e 19,434, respectivamente), onde tal proximidade é explicada principalmente pela possível correlação positiva entre estas características. Estes valores referentes ao CV_g revelam que a seleção das melhores progênies possibilitará um expressivo aumento no valor genético da população para as características em estudo.

Outro parâmetro importante na definição da melhor estratégia de melhoramento para cada característica é o coeficiente de variação relativa (CV_r) ou índice de variação (I_v), pois este representa a razão entre o CV_g e CV_e . Logo, ele não é influenciado pela média do caráter. Segundo Vencovsky (1987), quando esse índice é próximo ou superior a 1, fica então caracterizada uma situação favorável a seleção de uma determinada característica. Com base neste parâmetro, as características PGP e PVP podem proporcionar ganhos genéticos aceitáveis, onde a magnitude de seus CV_r foi de 0,597 e 0,579, respectivamente. Estes valores evidenciam uma maior proporção de variação genética em relação à influência ambiental, favorecendo o processo de seleção.

Resende et al. (2001) ressalta a importância de se relatar as principais vantagens do uso do método de modelos mistos (REML/BLUP) na simultânea estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos em um programa de melhoramento: (a) pode ser aplicado a dados desbalanceados; (b) não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; (c) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de vários experimentos, gerando estimativas mais precisas; (d) 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 função disso, permite a utilização de conjuntos de dados que foram tomados, normalmente dentro dos programas de melhoramento, mas que nunca foram utilizados na estimação de parâmetros genéticos, por questão de deficiência de metodologia apropriada que contemplasse, sobretudo, o desbalanceamento.

5.2 Seleção entre progênies

A relação das progênies selecionadas em função dos efeitos genéticos, ganhos genéticos e novas médias obtidos, para PGP e PVP é apresentada nas Tabelas 4 e 5, respectivamente.

As progênies F_2 obtiveram valor médio de 105,31 g por planta para a produção de sementes e 144,81 g para a produção de vagens por planta. Embora estes caracteres direcionados a seleção de plantas individuais tenham sido pouco utilizados em estudos anteriores no programa de melhoramento do feijão-vagem, estes valores estão relativamente abaixo dos obtidos por Francelino et al. (2011) e Almeida (2011), ao trabalharem com as linhagens parentais presentes neste estudo sob as mesmas condições ambientais de Bom Jesus do Itabapoana, indicando que houve interferência direta de alguma anormalidade ambiental sobre todo o experimento.

Do total das progênies F_2 (42 avaliadas entre os 55 genótipos), 27 destas apresentaram para suas novas médias, valores superiores a melhor testemunha para a produção de grãos neste estudo, a linhagem parental UENF 7-5-1. É importante destacar que esta linhagem tem obtido desempenho produtivo satisfatório e constante nas pesquisas realizadas por Araújo (2011), Almeida (2011) e Francelino et al. (2011), onde a mesma se manteve entre as mais produtivas nos três trabalhos citados. Estes dados reforçam não só o potencial da linhagem, mas também contribuem para indicar a possibilidade de seleção de progênies com superior desempenho para esta característica.

Já considerando a característica PVP, 24 progênies F_2 se mostraram com desempenho produtivo superior à melhor testemunha, que para este caráter foi a linhagem parental UENF 7-10-1. O alto desempenho desta linhagem na produção de vagens verdes em relação às demais testemunhas também estão de acordo com os resultados obtidos por Araújo (2011), Almeida (2011) e Francelino et al.

(2011). Nestas pesquisas, a linhagem UENF 7-10-1 se apresentou entre as mais produtivas para a característica nas condições ambientais do Norte Fluminense.

As progênies de número 14, 12, 24, 26, 27, 16, 25, 19, 21 e 36 apresentaram destaque entre as demais (Tabela 4), pois obtiveram os maiores ganhos genéticos para PGP e certamente contribuirão com maiores avanços para a característica.

Destas progênies, deve-se destacar que quatro delas são derivadas da linhagem UENF 7-6-1 e três são derivadas da já mencionada UENF 7-5-1.

Tabela 4. Predição dos efeitos genéticos, ganhos genéticos preditos e nova média da população melhorada para o caráter produção de grãos por planta (PGP) em progênies F_2 de feijão-vagem avaliadas em Bom Jesus do Itabapoana – Rio de Janeiro.

Ordem	Progênie	Valor genético	Ganho (g)	Nova Média (g)
1	14	52,455	52,455	157,769
2	12	46,135	49,295	154,609
3	24	42,295	46,962	152,276
4	26	38,811	44,924	150,238
5	27	30,112	41,961	147,275
6	16	24,372	39,030	144,344
7	25	21,716	36,557	141,871
8	19	19,017	34,364	139,678
9	21	16,900	32,424	137,738
10	36	16,044	30,786	136,100
11	18	14,158	29,274	134,588
12	15	13,151	27,930	133,244
13	32	13,109	26,790	132,104
14	22	12,266	25,753	131,067
15	13	11,585	24,808	130,122
16	31	11,465	23,974	129,288
17	34	8,693	23,075	128,389
18	41	6,827	22,173	127,487
19	30	5,786	21,310	126,624
20	23	5,044	20,497	125,811
21	20	4,327	19,727	125,041
22	33	3,376	18,984	124,298
23	11	3,301	18,302	123,616
24	3	2,685	17,651	122,965
25	28	2,093	17,029	122,343
26	6	1,808	16,443	121,757
27	9	1,464	15,889	121,203
28	51	0,801	15,350	120,664

Cont. Tabela 4.

Ordem	Progênie	Valor genético	Ganho (g)	Nova Média (g)
29	35	0,260	14,830	120,144
30	17	-2,054	14,267	119,581
31	55	-2,252	13,734	119,048
32	47	-2,819	13,217	118,531
33	29	-3,845	12,700	118,014
34	39	-4,290	12,200	117,514
35	4	-5,435	11,696	117,010
36	2	-8,424	11,137	116,451
37	52	-10,978	10,539	115,853
38	8	-11,364	9,963	115,277
39	37	-11,848	9,404	114,718
40	53	-13,323	8,836	114,150
41	42	-15,571	8,240	113,554
42	38	-15,956	7,664	112,978
43	48	-17,412	7,081	112,395
44	43	-18,155	6,508	111,822
45	10	-18,267	5,957	111,271
46	5	-19,144	5,411	110,725
47	50	-19,447	4,882	110,196
48	44	-19,816	4,368	109,682
49	45	-21,327	3,843	109,157
50	1	-21,590	3,335	108,649
51	7	-26,521	2,749	108,063
52	46	-29,695	2,125	107,439
53	40	-30,223	1,515	106,829
54	49	-30,301	0,926	106,240
55	54	-49,998	0,000	105,314

As dez progênies com maiores ganhos para PGP apresentaram ganho genético médio na próxima geração de 40,876 g/planta, podendo este valor variar de acordo com a pressão de seleção a ser exercida na seleção das linhagens.

Na Tabela 4, os genótipos presentes no topo da tabela apresentaram os maiores ganhos e maiores novas médias. A progênie 14, derivada do cruzamento Feltrin x UENF 15-23-4, apresentou-se como superior às demais com ganho de 52,455 g/planta em relação à média populacional caso seja selecionada, fornecendo assim uma nova média de 157,769 g/planta para PSP.

Os genótipos que obtiveram menores PGP neste estudo, com ganhos variando entre 2,215 a 0 g/planta, foram os de número 46,40,49 e 54. Estes genótipos, caso selecionados, forneceriam novas médias para a população entre

107,439 a 105,314 g/planta. Entre estes, estão apenas uma progênie, derivada do cruzamento entre UENF 7-10-1 x UENF 14-3-3, e três linhagens parentais utilizadas como testemunhas, sendo estas UENF 7-14-1, UENF 7-3-1 e UENF 15-23-4.

Tabela 5. Predição dos efeitos genéticos, ganhos genéticos preditos e nova média da população melhorada para o caráter produção de vagens por planta em progênies F_2 de feijão-vagem avaliadas em Bom Jesus do Itabapoana – Rio de Janeiro.

Ordem	Progênie	Valor genético	Ganho (g)	Nova Média (g)
1	14	65,664	65,664	210,478
2	24	57,324	61,494	206,308
3	12	49,929	57,639	202,453
4	26	47,918	55,209	200,023
5	27	36,121	51,391	196,206
6	36	31,247	48,034	192,848
7	25	26,817	45,003	189,817
8	22	26,584	42,701	187,515
9	19	24,306	40,657	185,471
10	16	20,355	38,627	183,441
11	21	19,902	36,924	181,738
12	32	18,721	35,407	180,222
13	23	16,979	33,990	178,804
14	20	16,216	32,720	177,534
15	11	16,179	31,617	176,432
16	34	13,946	30,513	175,327
17	18	13,015	29,484	174,298
18	41	12,565	28,544	173,358
19	28	12,217	27,684	172,499
20	31	11,463	26,873	171,688
21	15	11,136	26,124	170,938
22	13	9,358	25,362	170,176
23	30	8,787	24,641	169,455
24	17	5,392	23,839	168,653
25	55	1,768	22,956	167,771
26	51	-1,169	22,028	166,843
27	47	-1,991	21,139	165,953
28	9	-2,472	20,296	165,110
29	3	-3,090	19,489	164,303
30	6	-4,042	18,705	163,519
31	39	-4,133	17,968	162,782
32	33	-4,153	17,277	162,091

Cont. Tabela 5

Ordem	Progênie	Valor genético	Ganho (g)	Nova Média (g)
33	35	-4,320	16,622	161,437
34	4	-5,090	15,984	160,798
35	53	-9,960	15,242	160,057
36	37	-11,611	14,497	159,311
37	42	-13,405	13,742	158,557
38	29	-13,476	13,026	157,840
39	38	-13,613	12,343	157,157
40	52	-14,387	11,675	156,489
41	2	-17,713	10,958	155,772
42	50	-19,391	10,236	155,050
43	8	-19,444	9,545	154,360
44	10	-19,592	8,883	153,697
45	44	-22,836	8,178	152,992
46	45	-24,170	7,475	152,289
47	48	-27,437	6,732	151,546
48	5	-29,526	5,977	150,791
49	43	-31,954	5,203	150,017
50	46	-32,846	4,442	149,256
51	40	-34,982	3,669	148,483
52	1	-37,030	2,886	147,700
53	7	-37,407	2,126	146,940
54	49	-43,186	1,287	146,101
55	54	-69,480	0,000	144,814

Considerando o caráter PVP (Tabela 5), é correto afirmar que houve um alto grau de correspondência entre as progênies de melhor desempenho neste caráter para com as progênies melhor ranqueadas para PGP, isto pela interdependência entre ambos os caracteres avaliados. As progênies 14, 24, 12, 26, 27, 36, 25, 22, 19 e 16 obtiveram destaque para a produção de vagens verdes neste estudo, onde estas, ao serem selecionadas, proporcionarão um ganho genético predito médio para a próxima geração da população de 50,642 g/planta nesta característica.

A progênie 14, derivada do cruzamento da variedade comercial Feltrin x UENF 15-23-4, mais uma vez obteve destaque ao alcançar o melhor desempenho produtivo para PVP e; conseqüentemente maior ganho genético predito de 65,664 g/planta, obtendo uma nova média predita de 210,478 g/planta. Francelino et al. (2011) realizaram seleções entre linhagens promissoras de feijão-de-vagem visando o lançamento de material melhorado para os produtores do Norte e

Noroeste Fluminense e apontaram a linhagem UENF 15-23-4 entre as mais produtivas tanto para a produção de grãos como para a produção de vagens verdes na região.

As menores PVP foram obtidas pelos genótipos 1, 7, 49 e 54, apresentando ganho médio predito de apenas 1,574 g/planta. Entre estes genótipos, estão presentes duas progênies e duas linhagens parentais, sendo estas UENF 7-3-1 e UENF 15-23-4, onde esta última, embora seja um dos parentais dos quais derivou a linhagem de maior PVP, o desempenho da linhagem em si não foi satisfatório nas condições deste estudo.

Para uma seleção eficiente de genótipos superiores, Chiorato et al. (2008) afirma que a mesma deve estar baseada tanto nos componentes da variância quanto nos componentes da média e que para um considerável ganho genético, os genótipos com maior média e maior variabilidade genética devem ser selecionados. Baseado em critérios como a maior importância para a cultura de um bom desempenho produtivo de vagens verdes por planta, bem como a uma maior variabilidade genética estimada para o caráter PVP, torna-se mais viável a utilização prioritária do ranking e predição de valores para esta característica, objetivando a potencialização dos ganhos genéticos através da seleção das melhores plantas dentro destas progênies selecionadas.

5.3 Seleção dentro de progênies

Com a avaliação das características por plantas, foi possível verificar estimativas para cada planta ou indivíduo, e com isso realizar não apenas a seleção entre as progênies, mas também aumentar os ganhos obtidos na população para a próxima geração através da seleção das dez melhores plantas de cada uma das progênies selecionadas.

A análise dos parâmetros genéticos estimados e apresentados na Tabela 3, permitiu verificar que, embora em menores proporções em relação à variância ambiental, houve variabilidade genética na população para as duas características, com valores significativos para serem aproveitados através da seleção entre e dentro de progênies.

A seleção das plantas mais produtivas foi realizada com base nos valores genéticos preditos de cada indivíduo, como pode ser observado na Tabela 6.

Tabela 6. Valor genético predito ($\mu+g$), ganho genético e nova média predita estimados para plantas selecionadas para as características produção de vagens por planta (PVP) e produção de grãos por planta (PGP).

Progênie	Planta	PVP (g)			PGP (g)		
		$\mu+g$	Ganho	Nova Média	$\mu+g$	Ganho	Nova Média
14	1	242,643	97,829	242,643	184,875	79,561	184,875
14	18	227,192	90,103	234,918	173,531	73,889	179,203
14	10	223,833	86,409	231,223	169,601	70,688	176,002
14	22	221,986	84,099	228,914	167,635	66,563	171,877
14	23	221,650	82,647	227,461	167,814	68,641	173,955
14	24	218,459	79,699	224,513	164,063	65,446	170,760
14	15	216,444	77,071	221,885	163,884	64,587	169,901
14	8	215,100	76,102	220,917	161,562	62,978	168,292
14	16	214,932	75,703	220,518	161,472	62,358	167,672
14	20	213,757	74,915	219,729	160,668	61,322	166,636
24	22	220,925	81,557	226,372	160,005	60,449	165,763
24	1	219,414	80,563	225,378	162,149	63,725	169,039
24	24	216,894	78,852	223,666	155,718	56,227	161,541
24	7	216,726	78,158	222,972	156,611	57,000	162,314
24	3	213,871	75,288	220,102	157,326	57,444	162,758
24	13	213,703	74,580	219,394	156,611	56,797	162,111
24	19	211,016	72,947	217,761	155,539	55,704	161,018
24	2	210,009	72,115	216,929	154,110	54,458	159,772
24	18	205,978	70,596	215,410	150,180	52,652	157,966
24	21	205,810	70,296	215,110	150,359	52,950	158,264
12	2	216,451	77,565	222,379	167,804	67,411	172,725
12	24	205,031	69,450	214,264	158,336	58,718	164,032
12	3	204,695	69,184	213,998	159,586	60,063	165,377
12	22	202,680	67,081	211,895	158,872	59,341	164,655
12	14	202,512	66,877	211,691	158,157	58,438	163,752
12	21	202,512	66,682	211,496	157,800	58,168	163,482
12	4	201,672	66,283	211,097	158,514	59,018	164,332
12	16	200,496	65,506	210,320	155,656	55,870	161,184
12	1	199,992	65,315	210,129	154,584	55,371	160,685
12	15	198,649	65,106	209,920	154,406	55,042	160,356

Cont. Tabela 6.

Progênie	Planta	PVP (g)			PGP (g)		
		$\mu+g$	Ganho	Nova Média	$\mu+g$	Ganho	Nova Média
26	2	215,113	76,550	221,364	160,180	60,860	166,174
26	23	210,747	72,392	217,206	157,411	57,671	162,985
26	10	205,457	70,004	214,818	154,464	55,203	160,517
26	13	204,365	68,924	213,738	153,392	54,168	159,482
26	22	204,197	68,673	213,487	152,677	53,872	159,186
26	19	203,609	68,185	212,999	152,499	53,730	159,044
26	1	203,525	67,954	212,768	152,677	54,017	159,331
26	3	201,006	65,889	210,703	153,392	54,310	159,624
26	15	196,556	63,875	208,690	148,033	51,885	157,199
26	17	196,136	63,477	208,291	145,710	50,281	155,595
27	16	197,741	64,682	209,496	150,266	52,799	158,113
27	6	192,535	61,370	206,185	146,158	50,566	155,880
27	4	191,527	60,632	205,446	142,317	48,785	154,099
27	23	190,519	60,088	204,903	142,585	48,934	154,248
27	22	187,832	58,654	203,469	139,816	46,579	151,893
27	19	186,992	58,123	202,937	141,870	48,206	153,520
27	18	186,489	57,613	202,427	140,441	47,097	152,411
27	17	186,321	57,445	202,259	137,583	45,421	150,735
27	15	185,145	56,471	201,285	139,994	46,836	152,150
27	13	183,969	55,530	200,344	137,404	45,173	150,487
36	24	191,166	60,451	205,265	131,834	41,592	146,906
36	12	187,471	58,477	203,291	129,780	40,204	145,518
36	6	186,128	57,279	202,093	127,904	38,152	143,466
36	13	185,960	56,954	201,768	129,065	39,384	144,698
36	23	184,448	55,995	200,809	126,743	37,350	142,664
36	2	179,410	52,942	197,756	124,152	34,965	140,279
36	19	178,738	52,357	197,171	122,277	33,457	138,771
36	5	178,570	52,074	196,888	124,420	35,120	140,434
36	18	178,402	51,934	196,748	122,187	33,385	138,699
36	10	177,982	51,390	196,204	122,813	33,968	139,282
25	14	189,999	59,907	204,721	138,994	46,324	151,638
25	5	184,457	56,152	200,967	137,833	45,675	150,989
25	12	184,121	55,838	200,652	137,743	45,547	150,861
25	16	184,121	55,683	200,497	137,565	45,297	150,611
25	3	182,442	54,913	199,727	135,599	44,176	149,490
25	2	181,098	54,142	198,956	134,170	43,425	148,739
25	23	181,098	53,990	198,804	133,813	43,067	148,381

Cont. Tabela 6.

Progênie	Planta	PVP (g)			PGP (g)		
		$\mu+g$	Ganho	Nova Média	$\mu+g$	Ganho	Nova Média
25	21	180,427	53,536	198,350	134,349	43,795	149,109
25	19	178,747	52,501	197,315	133,813	43,185	148,499
25	1	175,556	48,491	193,305	128,811	38,899	144,213
22	1	207,775	71,519	216,333	140,878	47,920	153,234
22	19	190,644	60,268	205,082	129,356	39,787	145,101
22	12	188,965	59,190	204,005	130,696	40,623	145,937
22	17	186,950	57,951	202,765	129,266	39,584	144,898
22	24	183,591	55,227	200,041	127,569	37,616	142,930
22	10	178,385	51,796	196,610	122,121	33,102	138,416
22	23	174,690	47,418	192,232	119,262	30,292	135,606
22	22	173,850	46,604	191,418	119,798	30,892	136,206
22	18	172,842	45,553	190,367	117,476	28,254	133,568
22	9	171,835	44,733	189,547	117,923	28,827	134,141
19	22	180,436	53,685	198,499	134,454	43,921	149,235
19	7	179,176	52,795	197,609	131,417	41,154	146,468
19	17	177,749	50,738	195,553	132,132	41,815	147,129
19	4	177,665	50,612	195,427	132,221	41,927	147,241
19	20	176,825	49,636	194,450	131,417	41,048	146,362
19	3	176,741	49,403	194,217	130,881	40,834	146,148
19	16	174,978	47,731	192,546	126,415	36,828	142,142
19	19	174,558	47,314	192,128	128,916	38,994	144,308
19	15	173,802	46,505	191,320	126,415	36,913	142,227
19	11	172,962	45,646	190,460	126,951	37,439	142,753
16	1	193,859	62,310	207,125	155,467	55,546	160,860
16	20	183,783	55,378	200,192	145,374	50,137	155,451
16	14	180,256	53,387	198,201	140,818	47,638	152,952
16	5	177,233	50,239	195,053	138,139	45,804	151,118
16	24	175,553	48,381	193,195	141,890	48,346	153,660
16	4	174,378	47,211	192,025	135,638	44,298	149,612
16	16	172,698	45,277	190,092	136,888	44,924	150,238
16	22	170,851	44,024	188,838	135,727	44,547	149,861
16	12	169,424	42,211	187,025	134,208	43,547	148,861
16	21	167,072	40,127	184,941	130,457	40,414	145,728

Segundo Resende (2007b) a metodologia do REML/BLUP proporciona o ordenamento dos genótipos potenciais para seleção explorando toda a variação genotípica entre e dentro de progênie, porém considerando cada variável

analisada separadamente. Devido à diferente ordenação das progênies pelo BLUP na seleção entre progênies para as características avaliadas, tornou-se necessário priorizar a característica com maior relevância para a cultura do feijão-vagem objetivando a posterior seleção dentro das progênies (entre plantas).

Foram selecionados nesta etapa 10 indivíduos de cada uma das progênies, totalizando 100 plantas para darem origem à geração F₃, propiciando assim, uma intensidade de seleção de cerca de 7,9%.

A média dos valores genotípicos de cada progênie selecionada após a seleção das melhores plantas dentro das mesmas é apresentada na Tabela 7.

Tabela 7. Valor genético predito médio ($\mu + g$) das plantas selecionadas dentro das progênies para as características prod. de grãos por planta (PGP) e prod. de vagens por planta (PVP).

Progênies selecionadas	PGP	PVP
	$\mu + g$	$\mu + g$
(Feltrin) L2 x L31 (UENF 15-23-4)	167,510	221,600
(UENF 7-5-1) L6 x L18 (UENF 9-24-2)	155,861	213,435
(Feltrin) L2 x L20 (UENF 14-3-3)	158,371	203,469
(UENF 7-5-1) L6 x L20 (UENF 14-3-3)	153,044	204,071
(UENF 7-6-1) L7 x L31 (UENF 15-23-4)	141,843	188,907
(UENF 7-10-1) L10 x L13 (UENF 7-20-1)	126,117	182,827
(UENF 7-6-1) L7 x L20 (UENF 14-3-3)	135,269	182,207
(UENF 7-5-1) L6 x L13 (UENF 7-20-1)	125,435	182,953
(UENF 7-6-1) L7 x L11 (UENF 7-12-1)	130,122	176,489
(UENF 7-5-1) L6 x L1 (UENF-1445)	139,460	176,511
Média das progênies	105,325	144,79
Média das progênies selecionadas	136,384	184,385
Média das plantas selecionadas	143,303	193,247
Ganho genético predito	37,978	48,457
Ganho genético predito (%)	36,05%	33,5%
Média da testemunha UENF 1445	86,781	112,194
Média da testemunha Feltrin	83,543	120,141
Média da testemunha Top Seed Blue Line	102,434	142,78

Na Tabela 7 também são apresentados os avanços gerais obtidos através do processo de seleção realizado neste estudo, incluindo ganhos genéticos em relação à média da população original provenientes da seleção entre e dentro das progênes, bem como o seu desempenho em relação às testemunhas comerciais.

Com a seleção das plantas com melhor desempenho produtivo para vagens e grãos, novas médias preditas para as progênes foram obtidas, com destaque para as plantas provenientes do cruzamento entre Feltrin x UENF 15-23-4, que obtiveram novas médias variando entre 242,643 g e 219,729 g para PVP.

Embora as progênes tenham apresentado alta influência por parte do ambiente, que culminou em baixos valores de herdabilidade no sentido amplo estimada para as duas características, a seleção destas 100 plantas (7,9% de intensidade de seleção) baseada nos mais altos valores genéticos preditos tanto para a produção de vagens como de sementes por planta proporcionou ganho genético aditivo predito simultâneo de 36,05% para PGP e de 33,5% para PVP em relação à média da população original.

Deste percentual, 29,48% dos ganhos para PGP são resultantes da seleção entre progênes e 6,57% devido à seleção individual dentro das progênes. Para PVP, a seleção entre progênes proporcionou 27,38% de ganhos e a seleção individual dentro de progênes resultou em 6,12%, indicando que maior parte da variabilidade presente na população está entre as diferentes progênes avaliadas.

Ao analisar experimentos envolvendo 18 genótipos de feijão comum cultivados em 2001 e 2002 sob 25 diferentes locais no estado de São Paulo, Chiorato et al. (2008) utilizaram a metodologia REML/BLUP para a estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos. Entre os 18 genótipos avaliados, 9 apresentaram valores genotípicos preditos acima da média geral para produtividade de grãos e, embora apenas avaliações entre genótipos tenham sido realizadas, seus resultados apontaram ganho genético predito de 16,25% com a seleção da melhor linhagem, sendo esta a Gen 96A31 do Instituto Agrônomo de Campinas. Esta linhagem tem sido amplamente usada em cruzamentos apenas como doadora de alelos de resistência a antracnose e escurecimento do grão no programa de melhoramento do IAC devido ao seu indesejável formato de grão reniforme (Chiorato et al. 2008).

6. CONCLUSÕES

- É possível a obtenção de progênies e plantas superiores a partir desses cruzamentos tanto para a produção de vagens, como de grãos.
- As progênies 14 e 24, derivadas dos cruzamentos Feltrin x UENF 15-23-4 e UENF 7-5-1 x UENF 9-24-2, respectivamente, obtiveram maior destaque pela elevada produção de vagens e grãos por planta.
- A seleção entre e dentro de progênies para PGP e PVP resultou em ganhos aditivos preditos de 36,05% e 33,5%, respectivamente.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F. B.; Leal, N. R.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A. T. D. e Silva, D. J. H. (2004). Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) de hábito de crescimento indeterminado. Horticultura Brasileira, v. 22, n. 03, p. 547-552.
- Almeida, S. N. C.; (2011). Avaliação de características morfológicas e agronômicas de linhagens de feijão-de-vagem em bom Jesus do Itabapoana-RJ, com potencial de recomendação. Campos dos Goytacazes. RJ: UENF. 46 p. (Dissertação Mestrado).
- 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.
- Bitocchi, E.; Nanni, L.; Bellucci, E.; Rossi, M.; Giardini, A.; Zeuli, P. S.; Papa, R. (2012). Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is

revealed by sequence data. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, v. 109, n. 14, p. E788-E796.

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.

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.

Castellane, P. D. (1988). Feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.): Cultivo e produção de sementes. UNESP-FCAV/FUNEP.

CEASA (2010) - Prohort - Programa Brasileiro de Modernização do Mercado de Hortigranjeiro. <http://www.ceasa.gov.br/precos.php>. Página mantida pelo CEASA.

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.

Coelho, A. D. F.; Cardoso, A. A.; Cruz, C. D.; Araújo, G. D. A.; Furtado, M. R.; Amaral, C. L. F. (2002) Herdabilidades e correlações da produção do feijão e dos seus componentes primários nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. Ciência Rural, v. 32, n. 2, p. 211-216.

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.

Cronquist, A. (1988). Devolution and classification of flowering plants. New York: New York Botanical Garden, 555 p.

- Debouck, D.G. (1986) *Phaseolus* germplasm exploration. In: Gepts, P. (Ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans. Dordrecht: Kluwer, p. 3-29.
- Debouck, D.G. (1986) Primary diversification of *Phaseolus* in the Americas: three centers? *Plant Genetic Resources Newsletter*. 67: 2-8.
- Debouck, D. G. (1988). *Phaseolus* germplasm exploration. In: GEPTS, P. (Ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans. Dordrecht: Kluwer, p. 3-29.
- Debouck, D.G. (1991) Systematics and morphology. In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Ed.). Common beans: research for crop improvement. Cali: CIAT. p. 55-118.
- Debouck, D. G. (1999). Diversity in *Phaseolus* species in relation to the common bean. In: SINGH, S. P. (Ed.). Common bean improvement in the twenty-first century. Dordrecht: Kluwer, p. 25-52.
- FAO (2010) http://www.fao.org/index_en.htm. Página mantida pela FAO.
- Filgueira, F. A. R. (1982). Manual de Olericultura: cultura e comercialização. 2 ed. São Paulo. Agronômica Ceres. p. 338.
- Filgueira, F. A. R. (2000) Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção de hortaliças. Viçosa: UFV, 402p.
- Filgueira, F. A. R. (2003) Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção de hortaliças. Viçosa: UFV, 402p.
- Filgueira, F. A. R. (2008) Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção de hortaliças. 3. ed. Viçosa: UFV, 421p.
- 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.

- Freitas, I. L. de.; Amaral Júnior, A. T. do.; Viana, A. P.; Pena, G. F.; Cabral, P. S.; Vittorazzi, C.; Silva, T. R. C. (2013) Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/BLUP em milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 48, n. 11, p. 1464-1471.
- Gepts, P.; Bliss, F.A. (1986) Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. *Economic Botany*, New York, v. 40, n.4, p. 469-478.
- Gepts, P. (1998). Origin and evolution of common bean: Past events and recent trends. *Hortscience*, v. 33, n. 7, p. 1124-1130.
- 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.
- Maluf, W.R. (1994) *Melhoramento do Feijão-vagem: melhoramento de hortaliças*. Lavras: UFLA (Apostila).
- Melchior, H. (1964) *A Engler's syllabus der pflanzenfamilien*. Berlin: Gebrüder Bornträger, v. 12. 666 p.
- Oca, G.M. de. (1987). *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. p. 60-72
- .
- Oliveira, E. J.; Fraife Filho, G. A.; Freitas, J. P. X.; Dantas, J. L. L.; Resende, M. D. V. de. (2012) Plant selection in F₂ segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 12, p. 191-198
- .
- Peixoto, N.; Silva, L.O.; Thung, M.D.T.; Santos, G. (1993) Produção de sementes de linhagens e cultivares arbustivas de feijão-vagem em Anápolis. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v. 11, n. 2, p. 151-152.

- Peixoto, N.; Braz, L.T.; Banzatto, D.A.; Oliveira, A.P. (2002). Adaptabilidade e estabilidade em feijão-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, Brasília. v. 20, n. 4, p. 616-618.
- Pereira, T. B.; Carvalho, J. P. F; Botelho, C. E.; Resende, M. D. V. de.; Rezende, J. C.; Mendes, A. N. G. (2013) Eficiência da seleção de progênies de café F₄ pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). *Bragantia*, v. 72, n. 3, p. 230-236.
- 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.
- Resende, M. D. V. de.; Barbosa, M. H. P. (2006) Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 41, n. 3, p. 421-429.
- 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, 975p.
- 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. (2007a). *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: EMBRAPA Florestas, 561 p.

- Resende, M. D. V. de. (2007b) SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Embrapa Florestas, 360p.
- 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.
- 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.
- 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.
- Rodrigues, R. (1997). Análise genética da resistência ao crestamento bacteriano comum e outras características agrônômicas em *Phaseolus vulgaris* L. Campos dos Goytacazes. RJ: UENF. 103p. (Tese doutorado).
- Silva, A. B. (2013) cruzamentos dialélicos para caracteres agrônômicos na cultura de feijão-de-vagem. Campos dos Goytacazes. RJ: UENF. 55p. (Dissertação: Mestrado).
- Singh, S. P. (2001) Broadening the genetic base of common beans cultivars: A review. Crop Science, Madison, V. 41, p. 1659-1675.
- Vieira, C. (1999) Melhoramento do feijão. In: UFV, E. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa, p.273-349.
- Venkovsky, R. (1987). Herança quantitativa. In: Paterniani, E., Viègas, G. P. (Ed) Melhoramento e produção do milho. Campinas: Fundação Cargill, p. 137-214.

Vilela, F.O., Amaral Júnior, A. T. do, Freitas Júnior, S. de P., Viana, A.P., Pereira, M.G., Silva, M.G. de M. (2009) Selection of snap bean recombined inbred lines by using EGT and SSD. *Euphytica*. v. 165, p. 21-26.