

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINADAS DE  
FEIJÃO COMUM (*Phaseolus vulgaris* L.) OBTIDAS PELO MÉTODO  
SSD (SINGLE SEED DESCENT)

**ELBA HONORATO RIBEIRO**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
AGOSTO – 2007

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINADAS DE  
FEIJÃO COMUM (*Phaseolus vulgaris* L.) OBTIDAS PELO MÉTODO  
SSD (SINGLE SEED DESCENT)

**ELBA HONORATO RIBEIRO**

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. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
AGOSTO – 2007

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINADAS DE  
FEIJÃO COMUM (*Phaseolus vulgaris* L.) OBTIDAS PELO MÉTODO  
SSD (SINGLE SEED DESCENT)

**ELBA HONORATO RIBEIRO**

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 22 de agosto de 2007

Comissão Examinadora:

---

Prof<sup>a</sup>. Telma Nair Santana Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) – UENF

---

Prof. Alexandre Pio Viana (Doutor, Produção Vegetal) – UENF

---

Maria Luiza de Araújo (Doutora, Agronomia - Fitotecnia) – PESAGRO/RIO

---

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) – UENF  
(Orientador)

A  
Deus,  
pela dádiva da vida

## **AGRADEÇO**

Aos meus pais  
Luiz Justino Ribeiro (*in memoriam*)  
Clotildes Honorato de Lima Ribeiro

Aos meus avós  
João Honorato de Lima  
Maria Helena de Lima (*in memoriam*)

## **MINHA HOMENAGEM**

Aos meus irmãos e cunhado  
Edson, Luiz Carlos, Carlos Eduardo, Eliane e Erivonaldo

Aos meus sobrinhos  
Isabela, Lucas, José Henrique e Maria Eduarda

## **DEDICO**

## AGRADECIMENTO

A Deus, pois sem Ele nada seria possível.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), pela oportunidade e bolsa de estudos concedidas.

Ao professor Messias Gonzaga Pereira, pela exímia orientação, pelo exemplo de dedicação à pesquisa científica e valiosos ensinamentos transmitidos.

Aos professores Telma Nair Santana Pereira e Alexandre Pio Viana, pelos ensinamentos e colaboração neste trabalho.

A todos os professores das disciplinas cursadas durante o curso de pós-graduação.

À pesquisadora Doutora Maria Luiza de Araújo, pela participação na banca examinadora e sugestões.

Ao José Manoel, pela dedicação na condução do experimento e amizade.

Aos meus pais, pelo amor, educação e incentivo.

Aos meus irmãos, Edson, Luiz Carlos, Eliane e Carlos Eduardo, pelo carinho e amizade.

Aos funcionários do CCTA, pela atenção dedicada.

A todos que colaboraram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

A todos os amigos da pós-graduação, pelo convívio e amizade.

## SUMÁRIO

RESUMO .....	vi
ABSTRACT .....	viii
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	4
2.1. Importância econômica da cultura .....	4
2.2. Aspectos botânicos da cultura .....	6
2.3. Origem, domesticação e diversidade .....	8
2.4. Considerações sobre genética e melhoramento do feijão comum .....	10
2.4.1. Métodos de melhoramento .....	13
2.5. Parâmetros genéticos no melhoramento do feijoeiro.....	16
2.5.1. Variâncias.....	16
2.5.2. Herdabilidade.....	17
2.6. Ganho genético.....	19
2.7. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais.....	20
2.8. Ensaio de competição.....	22
2.9. Programa de melhoramento do feijoeiro comum na UENF.....	24
2.9.1. Seleção de progenitores .....	24
2.9.2. Avanço de gerações.....	26
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	28
3.1. Material genético .....	28
3.2. Delineamento experimental.....	29

3.3. Características avaliadas.....	29
3.4. Análise estatística.....	31
3.4.1. Análise de variância.....	31
3.4.2. Teste de comparação de médias.....	32
3.4.3. Estimação de parâmetros genéticos.....	33
3.4.3.1. Variâncias fenotípica e ambiental, e variabilidade genotípica.....	33
3.4.3.2. Coeficientes de determinação genotípicos.....	33
3.4.3.3. Coeficientes de variação experimental e genético.....	33
3.4.3.4. Índice de variação genético.....	33
3.5. Estimação das correlações entre pares de características .....	33
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	35
4.1. Caracteres qualitativos.....	35
4.2. Análises estatísticas.....	40
4.2.1. Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos.....	40
4.2.2. Avaliação do potencial agrônomo das LER.....	44
4.3. Coeficientes de correlação.....	50
4.4. Seleção de linhagens.....	52
5. RESUMO E CONCLUSÕES.....	56
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	58

## RESUMO

RIBEIRO, Elba Honorato; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; agosto de 2007. Avaliação de linhagens endogâmicas recombinadas de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) obtidas pelo método SSD (Single Seed Descent). Professor Orientador: Messias Gonzaga Pereira. Professores Conselheiros: Telma Nair Santana Pereira e Alexandre Pio Viana.

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos em populações em estágio avançado de endogamia é essencial no direcionamento de programas de melhoramento, principalmente no que se refere ao processo seletivo das linhagens mais promissoras. Neste trabalho, 185 linhagens endogâmicas recombinadas (LER) de feijoeiro comum foram avaliadas juntamente com quatro testemunhas, no município de Campos dos Goytacazes - RJ. Para isso, utilizou-se delineamento em blocos casualizados com arranjo em "sets", com três repetições dentro de "sets". Os seguintes caracteres foram avaliados: número de dias para florescimento (NDF), altura de inserção da primeira vagem (AIPV), peso de mil grãos (PMG), produtividade (REND) e coloração do tegumento dos grãos "L" (L). Além destes, os descritores qualitativos: brilho da semente, presença de halo, cor de flor, hábito de crescimento e porte da planta. Todos os caracteres quantitativos foram analisados estatisticamente. As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas com base nos componentes das análises de variância. As LER apresentaram variabilidade para todas as características avaliadas. Correlações positivas significativas foram encontradas entre NDF e AIPV, indicando que as LER que demoram mais a florescer apresentam

maior altura de inserção da primeira vagem. Correlações negativas significativas foram detectadas entre NDF e PMG. Entre REND e PMG, foram obtidas correlações ambientais positivas significativas, apontando que estas características são favorecidas ou prejudicadas pelas mesmas causas de variação ambiental. As estimativas dos coeficientes de variação experimental variaram de 2,36% a 15,79%. Tais valores indicam uma boa precisão experimental. Os coeficientes de determinação genotípicos ( $H^2$ ) foram altos e superiores a 77% para todos os caracteres avaliados. Os índices de variação ( $IV_g$ ) obtidos superaram a unidade em todos os casos avaliados. O caráter produtividade de grãos apresentou  $IV_g$  de 1,23 e  $H^2$  de 82,06%, denotando elevada possibilidade de identificação de genótipos superiores. Os valores médios obtidos para este caráter variaram de 846,39 Kg/ha a 2.708,74 Kg/ha. Quarenta e nove LER (26,48%) apresentaram produtividade média superior à média das testemunhas (2.161,32 Kg/ha); dentre essas, doze LER (6,48%) superaram a cultivar mais produtiva. Com base neste caráter, foram selecionadas 30 linhagens promissoras, que serão avaliadas no próximo ciclo em Ensaio Preliminar de Linhagens. O conjunto das 185 LER avaliadas foi obtido a partir de 11 populações segregantes, sendo que 67,57% das LER são oriundas de apenas quatro populações. Analisando-se apenas produtividade de grãos, de um modo geral, as populações representadas por um maior número de LER foram também as que geraram as LER mais produtivas. As três melhores populações ('BR – 1 Xodó' x 'Rico Pardo 896', 'Moruna' x 'Rico 23' e 'Xamego' x 'Rico Pardo 896') contribuíram com 83,3% das LER selecionadas. Os genitores que apresentaram melhor desempenho foram 'Rico Pardo 896', 'BR - 1 Xodó' e 'Rico 23'; que participaram em 56,67%, 33,33% e 33,33% das LER selecionadas, respectivamente.

## ABSTRACT

RIBEIRO, Elba Honorato; M.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; August 2007. Evaluation of recombinant inbred lines of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) obtained by the SSD (Single Seed Descent) method. Advisor: Messias Gonzaga Pereira. Committee members: Telma Nair Santana Pereira and Alexandre Pio Viana.

The estimation of genetic parameters in populations at an advanced stage of inbreeding is essential to direct breeding programs, mainly in terms of the selection process of the most promising lines. In this study, 185 recombinant inbred lines (LER) of common bean were evaluated together with four controls, in Campos dos Goytacazes, state of Rio de Janeiro. For this purpose, a randomized block design arranged in sets was used, with three replications within the sets. The following traits were evaluated: number of days until flowering (NDF), insertion height of the first pod (AIPV), weight of a thousand grains (PMG), yield (REND) and color of the grain tegument "L" (L), aside from the qualitative descriptors: seed gloss, presence of halo, flower color, growth habit and plant architecture. All quantitative traits were statistically analyzed. The genetic parameters were estimated based on components of the analysis of variance. Variability was found in the LER for all studied traits. Significant positive correlations were observed between NDF and AIPV, indicating that the insertion height of the first pod in LER of later flowering is greater. Significant negative correlations between NDF and PMG were detected. Significant positive environmental correlations were obtained between REND and PMG, which suggests that these traits are favored or

hampered by the same causes of environmental variation. The estimates of the coefficients of experimental variation indicate good experimental precision (values from 2.36% to 15.79%). The coefficients of genotypic determination ( $H^2$ ) were higher than 77% for all traits evaluated. The indices of variation ( $IV_g$ ) surpassed the unit in all cases. The  $IV_g$  was 1.23 and  $H^2$  of 82.06% for grain yield, indicating a high possibility of identification of superior genotypes. The mean grain yield varied from 846.39 Kg/ha to 2,708.74 Kg/ha. The mean yield of 49 LER (26.48%) was higher than of the controls (2,161.32 Kg/ha), and of these, 12 LER (6.48%) exceeded the most productive cultivar. Based on the average yield, 30 promising lines were selected that will be evaluated in the next cycle of preliminary line trials. A set of 185 LER was obtained from 11 segregating populations; 67.57% of the LER were derived from only four populations. Considering only grain yield, the populations represented by a larger number of LER were generally the same that generated the most productive LER. The three best populations ('BR – 1 Xodó' x 'Rico Pardo 896', 'Moruna' x 'Rico 23' and 'Xamego' x 'Rico Pardo 896') contributed with 83.3% of the selected LER. The parents with the best performance were 'Rico Pardo 896', 'BR - 1 Xodó' and 'Rico 23', which accounted for 56.67%, 33.33% and 33.33% of the selected LER, respectively.

## 1. INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do mundo. Esse fato deve-se à importância dessa cultura na dieta alimentar da grande maioria da população brasileira. O feijão comum é uma das principais culturas direcionadas ao mercado interno, juntamente com o arroz e o milho, sendo que grande parte da produção nacional é realizada por pequenos agricultores (EMBRAPA/CNPAF, 2007). Apesar da sua importância, a cultura apresenta baixos índices de produtividade média. Atualmente este valor é da ordem de 839 kg/ha (CONAB, 2007).

Em função da baixa produtividade média, características como arquitetura de planta, precocidade, resistência a pragas e tolerância a diversos fatores abióticos, fazem parte dos programas de melhoramento da cultura, buscando-se incrementar o seu rendimento. O melhoramento genético de plantas é uma das alternativas para melhoria do desempenho produtivo do feijoeiro, por meio da obtenção de cultivares com características agronômicas desejáveis. Cultivares mais produtivas propiciam um maior retorno econômico para o produtor (Zimmermann et al., 1996; Ribeiro et al., 2003; EMBRAPA/CNPAF, 2007).

Com o desenvolvimento de cultivares adaptadas a diferentes ambientes, pelas instituições de pesquisa, tornou-se possível produzir feijão durante o ano todo e com ganhos de produtividade (Abreu et al., 1994). Estudos indicam que houve grande progresso no rendimento do feijoeiro no país, o que pode ser atribuído ao melhoramento genético (Ramalho, 2001).

O feijoeiro é cultivado em praticamente todo o território brasileiro, em três safras distintas, estando, desta forma, sujeito às mais variadas condições ambientais. Dentre os fatores climáticos que mais influenciam essa cultura, estão a temperatura, a precipitação pluvial e a radiação solar. Temperaturas muito baixas ou muito altas, durante as fases vegetativa e reprodutiva, assim como chuvas por ocasião da colheita, são fatores determinantes na escolha das regiões e períodos de semeadura mais adequados, bem como na escolha das cultivares a serem utilizadas.

Além disso, o feijoeiro é cultivado em diferentes sistemas de produção, desde a agricultura de subsistência até o grande empresário agrícola, em sistemas que utilizam as mais modernas tecnologias de produção. Essa ampla diversidade de condições ambientais em que o feijoeiro comum é produzido requer cultivares adaptadas às diferentes condições de cultivo (EMBRAPA/CNPAF, 2007).

Os métodos empregados no melhoramento do feijoeiro, visando à obtenção de cultivares superiores, podem utilizar a variabilidade natural, como é o caso da introdução de linhagens e/ou cultivares e a seleção de linhas puras. Outra possibilidade é a obtenção de variabilidade pela hibridação entre genótipos distintos. O objetivo da hibridação é reunir alelos favoráveis presentes em indivíduos diferentes, em um único indivíduo. Desta forma, a variabilidade genética gerada pode ser explorada a partir da geração  $F_2$ , no caso de características de alta herdabilidade. Para características de menor herdabilidade, devem-se conduzir as populações segregantes até a geração  $F_5$  ou  $F_6$ , quando se atinge o nível de homozigose almejado. Neste caso, para que se tenha maior êxito na seleção, as linhagens devem ser avaliadas em parcelas com maiores números de plantas e repetições (Ramalho et al., 2001).

Deste modo, a disponibilidade de variabilidade genética é essencial nos programas de melhoramento de plantas, pois possibilita a seleção e o alcance de progresso a partir da obtenção de genótipos superiores. Além da variabilidade genética, são necessários, a estimação de parâmetros genéticos e o estudo de correlações entre diferentes caracteres de interesse, particularmente quando a seleção de um caráter gera alterações em outros caracteres associados a ele (Falconer, 1987).

Um dos métodos de melhoramento utilizados na condução das populações segregantes do feijoeiro é o SSD (descendente de uma semente única). Entre as suas vantagens estão a redução de perdas por amostragem e a possibilidade de avançar as populações segregantes com menor trabalho e espaço reduzido (Vieira et al., 1999).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivos: a avaliação do potencial agronômico de 185 linhagens endogâmicas recombinadas de feijoeiro comum, por meio de teste de comparação de médias; a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, como variâncias genotípicas, fenotípicas e ambientais, coeficientes de determinação genotípicos e índices de variação genética, para características úteis ao melhoramento genético; a obtenção de estimativas de correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais entre caracteres de interesse agronômico; e a seleção de linhagens promissoras, que serão avaliadas em Ensaio Preliminar de Linhagens, visando ao futuro lançamento de novas variedades com adaptação para as regiões Norte e Noroeste Fluminenses.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Importância econômica da cultura

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) destaca-se mundialmente como um dos produtos agrícolas de alta expressão econômica e nutricional, sendo um alimento básico tanto em países subdesenvolvidos quanto em desenvolvimento, das regiões tropicais e subtropicais, particularmente nas Américas e no Leste e Sul da África. É uma das leguminosas mais plantadas e consumidas na América Latina, sobressaindo-se pelo seu alto teor protéico, que varia de 20 a 28%, além de possuir em seus grãos elevado conteúdo de carboidratos, fibras e considerável teor de ferro (Yokoyama et al., 1996).

O feijão é cultivado em mais de 100 países, porém, conforme estatísticas da FAO, considerando todos os gêneros e espécies de feijão, das 18.335 mil toneladas produzidas em 2004, 62,6% da produção mundial foi obtida em apenas seis países. O Brasil foi o maior produtor respondendo por 16,17% da produção, seguido pela Índia (15,81%), China (10,13%), Myanmar (8,45%), México (7,63%) e Estados Unidos (4,4%) (FAO, 2004).

Para a safra 2006/2007, a produção brasileira de feijão foi estimada em 3.587,7 mil toneladas, alcançando um rendimento médio de 839 Kg/ha, numa área total cultivada de 4.276,4 mil hectares. O consumo total de feijão no país foi estimado em 3.300,0 mil toneladas (CONAB, 2007).

O feijão é cultivado em quase todo o território brasileiro, em três safras distintas. Na primeira safra, a colheita ocorre entre os meses de dezembro e março. A colheita da segunda safra está concentrada nos meses de abril e agosto. A terceira safra, em que predomina o cultivo irrigado, é colhida entre os meses de agosto e outubro (Yokoyama, 2002).

Os Estados do Paraná, Minas Gerais, Bahia, São Paulo, Goiás, Ceará, Santa Catarina, Pernambuco, Paraíba e Rio Grande do Sul concentram aproximadamente 85% da produção nacional. O Paraná foi o maior produtor da safra 2006/2007 com 813,3 mil toneladas produzidas, o que corresponde a 22,7% do total produzido no país e 13,5% da área cultivada (576,3 mil ha). O Estado de Minas Gerais ocupou o segundo lugar com 521,0 mil toneladas produzidas (14,52%) e 429,3 mil ha de área (10,04%). Apesar de ter a maior área plantada de feijão do país (763,1 mil ha / 17,84%), o Estado da Bahia aparece na terceira posição com 335,4 mil toneladas produzidas (9,35%), com rendimento médio de 440 kg/ha, ou seja, 52,4% da produtividade nacional. Os Estados do Centro-Oeste, principalmente Goiás, e o Distrito Federal detêm as maiores produtividades, que em média é de 2.033 Kg/ha. O Estado do Rio de Janeiro foi o quarto menor produtor de feijão do país, com 5,9 mil toneladas produzidas (0,16%), alcançando produtividade similar à média nacional (CONAB, 2007).

Embora a área de cultivo do feijão tenha praticamente estagnado nos últimos anos, a produção tem aumentado, em decorrência da introdução de cultivares mais produtivas e resistentes e também pela inserção de um contingente maior de produtores usando tecnologia (Ferreira et al., 2002).

Grande parte da atividade ainda é realizada por pequenos produtores, que utilizam um baixo nível tecnológico na condução da cultura, principalmente na Região Nordeste (Ferreira et al., 2002), que foi responsável por 28,6% da produção nacional na safra 2006/2007 (CONAB, 2007).

Apesar do grande volume de feijão produzido pelo Brasil, por vezes, esse não é suficiente para abastecer o mercado interno, sendo necessárias importações. Em 2006 foram importadas 70 mil toneladas (CONAB, 2007). O feijão preto responde por aproximadamente 80% do volume total importado, seguido pelo feijão de cores e, menos de 1%, por outros tipos de feijão (Ferreira et al., 2002). O país importa principalmente da Argentina e Chile e, eventualmente, dos Estados Unidos, Bolívia e México (Yokoyama, 2002).

Os dois gêneros de feijões cultivados no Brasil são *Phaseolus* e *Vigna*. *Phaseolus* é mais cultivado na região Centro Sul (carioca e preto), e *Vigna* nas Regiões Norte/Nordeste (feijão de corda, caupi). Aproximadamente 80% da produção nacional de feijão é de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Segundo estimativas, em torno de 60% do total produzido de feijão comum é constituído por cultivares do grupo comercial carioca, preferido pelos consumidores da região Centro Sul e aceito em praticamente todo o Brasil. O feijão preto representa aproximadamente 22% da produção. Este tipo de grão é mais popular no Rio de Janeiro, sul do Espírito Santo, sudeste de Minas Gerais, sul e leste do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. No restante do país, o valor comercial ou aceitação deste tipo de grão é quase nula. Em pequenas quantidades, são produzidos outros grupos, como os feijões vermelho, canário, jalo, rajado, roxo, manteigão, mulatinho e rosinha, atendendo alguns nichos no mercado interno e externo. O feijão mulatinho é mais aceito na Região Nordeste, e os tipos roxo e rosinha são mais populares nos Estados de Minas Gerais e Goiás (EMBRAPA/CNPAF, 2007).

## 2.2. Aspectos botânicos da cultura

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) pertence à classe Dicotiledônea, subclasse Rosidae, ordem Fabales e família Fabaceae (Silva e Costa, 2003). É uma espécie diplóide, com  $2n = 2x = 22$  cromossomos (Singh et al., 1991a).

O gênero *Phaseolus* é originário do Continente Americano (Singh, 2001) e compreende 50 espécies (Debouck, 1991; Zizumbo-Villarreal et al., 2005). Destas, apenas cinco foram domesticadas: feijão comum (*P. vulgaris* L.), feijão-de-lima (*P. lunatus* L.), feijão-ayocote (*P. coccineus* L.), feijão tepari (*P. acutifolius* A. Gray) (Gepts e Debouck, 1991; Singh, 2001), e *P. dumosus* (antigo *P. polyanthus* Greeman) (Gepts, 2005).

As espécies de *Phaseolus* estão distribuídas em todo o mundo e, além de cultivadas nos trópicos, também se desenvolvem em zonas temperadas dos hemisférios Norte e Sul (Silva e Costa, 2003). Entre elas, *P. vulgaris* L. é a mais cultivada, ocupando mais de 85% da área de produção semeada com todas as espécies de *Phaseolus* no mundo (Singh, 2001).

O feijoeiro pode ser plantado em locais variando de 52° de latitude norte a 32° de latitude sul e mesmo a altitudes superiores a 3.000 m. Porém, adapta-se melhor às zonas altas dos trópicos e às zonas temperadas, podendo ser cultivado nos trópicos úmidos, semi-áridos e até mesmo em regiões de clima frio, com período vegetativo que pode variar de menos de 70 a mais de 200 dias (Schoonhoven e Voysesst, 1991).

O feijoeiro comum apresenta folhas trifolioladas alternas; a inflorescência é um racimo que pode ser axilar ou terminal. As plantas são classificadas, basicamente, de acordo com o hábito de crescimento, em determinadas e indeterminadas. O hábito de crescimento é definido pelo crescimento do caule e hábito de florescimento da planta, entre outras características. As plantas de hábito de crescimento determinado desenvolvem inflorescência no ápice do caule e dos ramos laterais, apresentam número limitado de nós, e o florescimento ocorre do ápice para a base da planta. Nas plantas de hábito de crescimento indeterminado, os meristemas apicais do caule e dos ramos laterais continuam vegetativos durante o florescimento, que ocorre da base para o ápice da planta, e as inflorescências se desenvolvem nas axilas das folhas (Silva, 2005). Os hábitos de crescimento podem ser classificados em quatro tipos principais: tipo I, plantas de crescimento determinado e arbustivo; tipo II, plantas de crescimento indeterminado e guia curta; tipo III, plantas de crescimento indeterminado e guia longa; e tipo IV, semelhante ao tipo III, porém, com plantas mais volúveis e com internódios mais longos (Santos e Gavilanes, 1998).

Com relação ao porte da planta, este pode ser ereto, quando o caule possui posição vertical e o ângulo formado com os ramos é inferior a 90°; semi-ereto, o caule mantém a posição vertical, porém o ângulo ultrapassa os 90°; e prostrado, o caule apresenta-se inclinado, tendendo a prostrar-se sobre o solo, e o ângulo formado pelo caule e os ramos atinge aproximadamente 120° (Silva, 2005).

A flor é do tipo papilionácea, apresenta cálice gamossépalo e campanulado, e corola composta por cinco pétalas: uma mais externa e maior denominada estandarte; duas laterais menores, chamadas asas; e duas inferiores, fusionadas, denominadas quilha. A disposição de seus órgãos reprodutores favorece a autofecundação; as anteras são deiscentes e estão situadas no mesmo nível do estigma e envolvidas completamente pela quilha; a

polinização ocorre no momento ou pouco antes da antese, o que caracteriza a cleistogamia na espécie (Santos e Gavilanes, 1998). Apesar de ser uma espécie autógama, pode apresentar taxa de fecundação cruzada aproximadamente de 3%, e dependendo de fatores, como umidade ambiental, temperatura, distância de semeadura entre as cultivares, coincidência e duração do período de florescimento, atividade de insetos polinizadores e tamanho de flor, pode atingir valores mais elevados (Marques Júnior e Ramalho, 1995). Em relação à cor, a flor pode ser branca, rosa ou violeta, uniforme para toda a corola ou desuniforme, apresentando estandarte e asas com diferente coloração ou intensidade de cor (Silva, 2005).

O fruto é um legume, denominado vagem, constituído de duas valvas unidas por duas suturas. A semente do feijoeiro é exalbuminosa, ou seja, sem albume. O tegumento das sementes apresenta ampla diversidade de cores, variando do preto ao branco, bege, amarelo, marrom, vermelho, róseo, podendo ter coloração uniforme ou apresentar estrias, manchas ou pontuações; e ser opaco, brilhoso ou de brilho intermediário; com presença ou ausência de halo (Debouck, 1991; Santos e Gavilanes, 1998; Silva, 2005).

### 2.3. Origem, domesticação e diversidade

Formas silvestres de *P. vulgaris* L. são consideradas como ancestrais das atuais formas cultivadas. Ocorrem em regiões montanhosas do norte do México (Chihuahua) ao norte da Argentina (San Luis), em altitudes de 500 a 2.000 m. As formas silvestres de feijão comum foram descritas inicialmente, nos Andes, por Burkart em 1941, 1943 e 1952 e, na Guatemala, por MacBryde em 1947 (Gepts e Debouck, 1991). As formas silvestres produzem híbridos viáveis com as formas cultivadas e, portanto, são consideradas como pertencentes à mesma espécie biológica.

Informações baseadas em dados de isoenzimas, faseolina (Singh et al., 1991b) e marcadores RAPD (Freyre et al., 1996) indicam que o conjunto gênico de *P. vulgaris* L. consiste de dois grupos principais, o Mesoamericano, que inclui populações no México, América Central e Colômbia, e o Andino, que inclui populações no sul do Peru, Bolívia e norte da Argentina (Debouck et al. 1993). Um terceiro grupo de feijões silvestres, encontrado no Equador e norte do Peru,

parece ser intermediário entre os grupos Mesoamericano e Andino, tanto em termo geográfico quanto molecular. Este grupo apresenta uma combinação de isoenzimas dos outros dois grupos e um tipo de faseolina (I) não encontrado em outros materiais de feijão silvestre ou cultivado (Debouck et al., 1993).

Kami et al. (1995) relatam que a variabilidade em informação de seqüência de DNA para o locus faseolina sugere também que as populações mesoamericanas e andinas são derivadas das populações intermediárias. E que, seguindo a dispersão dos feijões silvestres da área central no Equador e no norte do Peru para as direções norte e sul, dois grupos distintos geograficamente foram estabelecidos, nos quais a diversificação ocorreu em nível molecular e fenotípico. Embora a separação geográfica não tenha ainda sido datada, as populações andinas e mesoamericanas estão separadas por tempo suficiente para o isolamento reprodutivo parcial baseado na complementação de pares de genes (Singh e Molina, 1996).

Estudos indicam que a divergência entre os feijões andinos e mesoamericanos ocorreu anteriormente à domesticação. A espécie possui múltiplos locais de domesticação por toda sua extensão de distribuição na América do Sul Andina e América Central (Singh et al., 1991a), sendo a Bolívia possivelmente um centro de domesticação primária do grupo Andino (Beebe et al., 2001).

Dentre as principais características que distinguem os feijões cultivados mesoamericanos e andinos, estão o tamanho da semente e o tipo de proteína faseolina presente na semente. O grupo Andino é caracterizado por apresentar sementes de tamanho médio (peso de 100 sementes entre 25 e 40 g) e grande (peso de 100 sementes > 40 g) e faseolinas do tipo T, C, H, e A. O Mesoamericano caracteriza-se por apresentar sementes pequenas (peso de 100 sementes  $\leq$  25 g) e sementes de tamanho médio, e faseolinas do tipo S, Sb, Sd e B (Singh et al., 1991a).

O germoplasma de *P. vulgaris* foi classificado por Singh et al. (1991a), com base em critérios morfológicos e ecológicos, em seis raças ecogeográficas: raças Chile, Nueva Granada e Peru, de origem andina; e raças Durango, Jalisco e Mesoamérica, de origem mesoamericana. Entretanto, Beebe et al. (2000) relataram que um grupo de acessos de plantas trepadeiras da Guatemala não foi

agrupado com nenhuma raça definida anteriormente, indicando a existência de diversidade adicional dentro das raças mesoamericanas.

Algumas dessas raças têm sido dispersas para outros continentes ou regiões, incluindo o Brasil, tal que a produção de feijão é agora muito mais importante fora dos centros de domesticação que dentro destes (Gepts, 2005).

#### 2.4. Considerações sobre genética e melhoramento do feijão comum

O melhoramento genético de plantas desempenha um importante papel para o bem-estar da sociedade, principalmente no que se refere à quantidade e a qualidade de alimentos e fibras requeridos para atender sua crescente demanda. Dentre os fatores que podem contribuir para o incremento da produção de uma cultura, está o melhoramento genético, por meio do qual obtêm-se cultivares superiores (Zimmermann et al., 1996). Estima-se que aproximadamente 50% do aumento do rendimento das principais espécies cultivadas seja devido ao melhoramento genético. Essa contribuição tende a aumentar em decorrência do crescimento populacional e, sobretudo, pela necessidade de redução dos efeitos ambientais atribuídos aos insumos utilizados na produção agrícola (Fehr, 1987).

Em função do baixo rendimento médio, a melhoria do desempenho produtivo da cultura do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) associada a características agrônomicas desejáveis tem recebido maior atenção dos programas de melhoramento genético dessa cultura (Singh, 2001).

Federizzi (1998) comenta que muitos dos caracteres de importância agrônômica, como rendimento e peso de grãos, são controlados por vários genes, cada um com pequeno efeito no fenótipo, sendo de difícil identificação e seleção. Segundo Fehr (1987), rendimento de grãos resulta dos efeitos multiplicativos de seus componentes primários, podendo sofrer influência direta ou indireta de diversos processos fisiológicos. Desta forma, são grandes as dificuldades encontradas para a obtenção de progresso genético sobre o caráter rendimento de grãos, principalmente por ser este um caráter quantitativo de difícil seleção nas primeiras gerações segregantes, já que o número de locos em heterozigose é significativo. Assim, as seleções são praticadas em gerações segregantes avançadas visando à obtenção de um maior progresso genético, tendo em vista a ocorrência, nessas gerações, de diversas linhas puras na população, com efeitos aditivos dos genes (Ramalho et al., 1993).

No Brasil, são cultivados feijões dos tipos preto, carioca, roxo, mulatinho, rosinha, vermelho, manteigão, entre outros. Dentre eles, o mais consumido atualmente é o carioca, seguido pelo tipo preto. A qualidade das sementes pode ser considerada sob diferentes aspectos: quanto a sua aceitação comercial, quanto as suas propriedades nutritivas e quanto às características culinárias (Baldoni et al., 2002).

Para que uma cultivar seja aceita por produtores e consumidores, é necessário, primeiramente, que apresente o tipo de semente exigido. Dentre as principais características a serem observadas na semente do feijão, as relacionadas à sua coloração merecem destaque (Ramalho e Abreu, 1998; Vieira et al., 1999). O feijão comum exhibe uma ampla variedade de cores e padrões de manchas e listras na semente. Estudos indicam que pelo menos nove genes (*P*, *C*, *R*, *J*, *D*, *G*, *B*, *V* e *Rk*) estão envolvidos com a cor do tegumento da semente, e outros seis genes (*T*, *Z*, *L*, *J*, *Bip* e *Ana*) com o padrão de listras e manchas. Muitos desses genes exibem interações epistáticas com outros genes, as quais determinam as cores e padrões observados no tegumento da semente dentro dessa espécie (McClean et al., 2002). Além disto, alguns desses genes possuem alelos múltiplos (Brady et al., 1998).

Baldoni et al. (2002), buscando obter informações sobre o número de genes envolvidos no controle de caracteres relacionados à cor da semente do feijão comum, a partir do cruzamento 'Rosinha' X 'Esal 693', avaliaram famílias  $F_{2:3}$  quanto à presença ou ausência de listra no tegumento e constataram um controle monogênico, sendo o alelo dominante responsável pela presença de listra, e o recessivo pela ausência, ou seja, sementes de cor uniforme. Quanto à cor de fundo em sementes do tipo carioca, foi sugerido um controle monogênico, sendo o alelo recessivo responsável pelo fundo claro, e o dominante pelo fundo escuro, além da possibilidade do envolvimento de genes modificadores que alteram a intensidade da cor de fundo da semente. Para o caráter presença ou ausência de halo obtiveram uma segregação em  $F_2$  de nove sementes com halo para sete sem halo, indicando a herança digênica com epistasia dupla recessiva. Seus resultados indicam que a presença do halo deve-se à ocorrência de pelo menos um alelo dominante, simultaneamente, nos dois locos; já a ausência de halo inclui os genótipos com alelo dominante em apenas um dos locos e também aquele que possui apenas alelos recessivos.

Alguns descritores qualitativos, que dependem de um ou de poucos genes e são de fácil diferenciação fenotípica, são utilizados para comparação entre cultivares (Silva, 2005). Neste grupo restrito, estão incluídos a pigmentação do hipocótilo, a cor da flor, a cor do tegumento, a cor do halo e o brilho da semente, entre outros. Conforme Ramalho et al. (1993), caracteres com herança qualitativa são bons marcadores genéticos, porque são pouco influenciados pelo ambiente e, possivelmente, controlados por poucos genes de grande efeito sobre o fenótipo.

Os caracteres cor do hipocótilo, da flor, do cotilédone e da listra da semente denotam ser controlados pelos mesmos genes, os quais apresentam interações epistáticas (Leakey, 1988; citado por Faleiro et al., 2003). Faleiro et al. (2003), analisando características quantitativas, morfológicas e moleculares em feijão comum, relataram que a cor do tegumento da semente apresentou um inter-relacionamento com as características morfológicas de pigmentação do hipocótilo, da flor e do cotilédone. As linhagens com grãos de cor preta e grãos de cor creme com listras pretas apresentaram pigmentação arroxeadada no hipocótilo, na flor e no cotilédone, o que não ocorreu com as plantas com grãos do tipo carioca (cor creme com listras marrons) e bege.

A precocidade é uma característica importante na cultura do feijoeiro, principalmente nas regiões onde a época de colheita coincide com o período de chuvas mais intensas, que pode reduzir a produtividade e provocar danos no produto colhido, tal como o cultivo de inverno no sul de Minas Gerais (Nunes et al., 1999). O número de dias do plantio ao florescimento, pela facilidade de avaliação, tem sido utilizado na análise da precocidade, uma vez que essas duas características estão associadas (Teixeira et al., 1995).

Teixeira et al. (1995), utilizando populações segregantes de três cruzamentos: 'Carioca-MG' X 'Esal 686', 'Emgopa-201-Ouro' X 'Esal 686' e 'Esal 647' X 'Esal 686', estudaram o controle genético do número de dias para o início do florescimento do feijoeiro. Estimativas de um a dois genes controlando esse caráter foram obtidas com base na percentagem de plantas heterozigotas para cada cruzamento. Os autores relatam que em outros estudos foram encontradas herança monogênica em condições de temperaturas mais baixas, e herança digênica ou poligênica em locais quentes. Quanto à herdabilidade no sentido amplo, as estimativas variaram de 61,9% a 83,5%.

#### 2.4.1. Métodos de melhoramento

O feijoeiro comum é considerado uma espécie autógama, pois apresenta estimativas da taxa de fecundação cruzada inferiores a 5%, ou seja, há predomínio da autopolinização (Marques Júnior e Ramalho, 1995). Deste modo, nos programas de melhoramento dessa cultura, busca-se a obtenção de linhas homozigotas com características superiores às existentes em cultivo. Considerando que se deseja reunir alelos favoráveis presentes em vários genótipos, o melhoramento do feijoeiro baseia-se principalmente na hibridação de cultivares e/ou linhagens com a finalidade de gerar populações segregantes, nas quais se procede à seleção das melhores linhagens (Zimmermann et al., 1996).

Os métodos da população, genealógico, SSD (descendente de uma semente única), seleção massal e suas modificações são usados freqüentemente no melhoramento do feijoeiro comum. Entretanto, segundo Singh (2001), há poucos estudos comparando a eficiência dos diferentes métodos.

Raposo et al. (2000), comparando a eficiência de vários métodos de condução de populações segregantes, nas condições em que são conduzidos os programas de melhoramento do feijoeiro no Brasil, concluíram que os métodos genealógico (*pedigree*), da população (*bulk*), SSD, *bulk* dentro de  $F_2$  e *bulk* dentro de  $F_3$ , se conduzidos de maneira adequada, permitem a obtenção de famílias superiores, e, levando-se em consideração as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, juntamente com a facilidade e flexibilidade de condução, os métodos *bulk* e SSD são os mais vantajosos.

Costa et al. (2002) compararam a eficiência dos métodos: seleção massal modificada, genealógico, método de população modificado (massal dentro de famílias derivadas de populações nas gerações  $F_3$  e  $F_4$ ), na obtenção de linhagens de feijoeiro comum, resistentes à antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) e com alta produtividade. Seus resultados mostraram que as linhagens obtidas pelo método massal, dentro de famílias derivadas de população na geração  $F_4$ , apresentaram a maior variabilidade genética, e o método de seleção massal modificado permitiu a obtenção de maior número de linhagens resistentes ao patógeno.

A seleção massal consiste na seleção de grande número de indivíduos com caracteres semelhantes, que são colhidos em conjunto para formarem a

próxima geração. O princípio da seleção massal é a melhoria da população por meio do agrupamento dos seus fenótipos superiores, ou seja, pela seleção dos melhores fenótipos. A eficiência desse método, em plantas autógamas, está condicionada à heterogeneidade das populações, formadas pela mistura de linhas puras, uma vez que a disponibilidade de variabilidade é essencial nos programas de melhoramento (Borém, 2001).

Baldoni et al. (2006) realizaram seleção massal nas gerações segregantes de famílias provenientes do cruzamento entre a cultivar Rosinha e a linhagem ESAL 693. As 120 plantas  $F_2$  geradas pela  $F_1$  foram colhidas separadamente e constituíram uma família  $F_{2:3}$ . As 79 famílias mais promissoras foram selecionadas com base, principalmente, nos tipos de grão semelhantes ao 'Carioca' e 'Rosinha'. Estas famílias foram avaliadas e novamente procedeu-se à seleção baseada na produção e tipos de grão, sendo selecionadas as 47 ( $F_{2:5}$ ) melhores. Dessas 47 famílias, avaliadas foram selecionadas 23 famílias superiores ( $F_{2:6}$ ). Essas 23 famílias superiores, além da avaliação de produção e tipos de grão, também foram avaliadas quanto à reação à raça 73 de *Colletotrichum lindemuthianum*, agente causal da antracnose.

O método da população (massal ou método *bulk*) foi primeiramente proposto por Nilsson-Ehle em 1908 (citado por Allard, 1971). Baseia-se na associação entre a capacidade de competição e a produtividade de uma população heterogênea. Nele todas as sementes  $F_2$ , colhidas nas plantas  $F_1$ , são usadas para se obter a geração  $F_2$ . Na época da maturação, todas as plantas  $F_2$  são colhidas em mistura, e uma amostra das sementes  $F_3$  é usada para obtenção da geração  $F_3$ , que é conduzida de forma semelhante à  $F_2$ . Repete-se este procedimento até que o nível de homozigose almejado seja conseguido. Na geração posterior à última colhida em conjunto, inicia-se a seleção baseada no fenótipo das plantas. Cada planta selecionada é colhida individualmente e, na próxima geração, é plantada em uma linha para teste de progênie. As gerações devem ser conduzidas em condições representativas aquelas para a qual a nova cultivar se destina (Allard, 1971). Este método tem como limitações a ausência de controle genealógico das linhagens e a pressuposição da ação da seleção natural, que pode não favorecer todas as características de interesse (Costa et al., 2002).

O método genealógico, também conhecido como método *pedigree*, foi proposto por Louis de Vilmorin (1943), citado por Borém (2001). Baseia-se na seleção individual de plantas com teste de progênie, sendo que de cada linha é feito o registro da genealogia, o que possibilita estabelecer o grau de parentesco entre as linhas selecionadas, maximizando a eficiência de seleção. De modo semelhante ao método da população, as gerações devem ser conduzidas em condições representativas daquelas a que se destina a nova cultivar. Nesse método, na geração  $F_2$ , as plantas superiores são selecionadas e colhidas separadamente, cada uma é conduzida em uma linha na geração  $F_3$ . Na época da maturação, são selecionadas as melhores linhas e, dentro destas, as plantas com características desejadas, que serão colhidas separadamente e semeadas em linhas independentes na geração seguinte ( $F_4$ ). De forma semelhante ao procedimento adotado na geração anterior, são selecionadas as melhores linhas da geração  $F_4$  e, dentro destas, as plantas superiores. Nas gerações posteriores, repete-se esse procedimento de seleção das melhores linhas e, dentro destas, as melhores plantas até que se obtenha o nível de homozigose desejado (Pinto, 1995). Este método é limitado pelo grande volume de anotações em cada geração e pelas seleções em gerações precoces, que reduzem sua eficiência com relação às características quantitativas (Costa et al., 2002).

O método SSD (*single seed descent*) ou descendente de uma semente única, proposto por Goulden (1941) e modificado por Brim (1966), consiste em avançar as gerações segregantes até um nível desejado de homozigose. Para isso, uma semente  $F_3$  de cada indivíduo  $F_2$  da população é colhida ao acaso e agrupada para formar a geração  $F_3$ . Este procedimento é repetido até a geração  $F_5$  ou  $F_6$ , quando são selecionadas plantas individuais que serão avaliadas no teste de progênie. Uma vantagem importante deste método é a não-exigência de condução das populações segregantes em condições representativas de cultivo da futura cultivar (Pinto, 1995).

Com a utilização do método SSD, é possível obter uma população de linhas endogâmicas recombinadas (LER) a partir de uma população  $F_2$ , por meio de autofecundações sucessivas que possibilitam a fixação gênica (Falconer, 1987). Uma das vantagens da estrutura da população de linhagens é que cada linhagem endogâmica é multiplicada por várias sementes (gerando plantas com genótipos idênticos), o que permite o estudo da base genética de muitos

caracteres quantitativos, assim como avaliações da reação a diferentes raças fisiológicas de patógenos distintos, além da realização de experimentos de campo, com repetições (Faleiro et al., 2003).

## 2.5. Parâmetros genéticos no melhoramento do feijoeiro

### 2.5.1. Variâncias

O estudo da variação se fundamenta no seu desmembramento em componentes atribuídos a diferentes causas. A variância total é denominada de variância fenotípica e engloba a variância genotípica e a variância causada pelo ambiente, admitindo-se que a covariância entre o genótipo e o ambiente seja nula (Falconer, 1987).

A variância ocasionada pelos desvios atribuídos ao ambiente não pode ser removida, pois contém, por definição, toda a variância não genética, e grande parte desta está fora de controle experimental. Entretanto, com a utilização de linhagens altamente endogâmicas ou a  $F_1$  do cruzamento entre duas linhagens dessa natureza, é possível obter genótipos idênticos, eliminando-se, deste modo, a variância genotípica dentro de linhas e maximizando-a entre linhas. Se um grupo de tais indivíduos é cultivado sob uma amplitude normal de ambiente, a sua variância fenotípica fornece uma estimativa da variância ambiental. Ao se subtrair a variância fenotípica de uma população geneticamente heterogênea, por exemplo uma  $F_2$ , da variância ambiental proveniente de uma população  $F_1$ , obtém-se uma estimativa da variância genotípica da população (Falconer, 1987).

A variância genotípica expressa a diversidade entre indivíduos de uma população. Se os genes expressam efeitos aditivos, o valor genotípico do caráter em questão pode ser aumentado ou reduzido pela substituição de um alelo. Alguns genes expressam o efeito dominante de forma que a presença de um alelo resulta no incremento do valor genotípico. Poder-se-á ocorrer também interação entre diferentes genes, por exemplo, epistasia. Deste modo, a variância genotípica pode ser subdividida em três componentes: variância aditiva, variância atribuída aos desvios de dominância ou proporcionada pelas interações entre alelos, e variância atribuída aos efeitos epistáticos resultantes de interações não-alelicas (Borém, 2001; Cruz e Carneiro, 2003).

A variância aditiva, que é a fração herdável da variância genotípica, ou seja, a variância referente aos valores genéticos dos genes, é o componente de maior importância, pois é a causa fundamental de semelhança entre parentes, sendo, desta forma, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta desta à seleção (Falconer, 1987; Pinto, 1995; Cruz e Carneiro, 2003).

### 2.5.2. Herdabilidade

A herdabilidade pode ser definida como a proporção herdável da variabilidade total, ou seja, a razão entre variância genotípica e variância fenotípica. Seu papel preditivo do valor genético por meio do valor fenotípico é muito relevante, pois somente o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado, mas é o valor genético que influenciará a próxima geração. Assim, a herdabilidade quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético (Falconer, 1987).

A estimativa da herdabilidade é de grande utilidade para um programa de melhoramento de plantas, seja na escolha dos métodos de melhoramento apropriados, dos locais para a condução dos testes de rendimento e do número de repetições, seja na predição do ganho antes de se realizar a seleção, servindo inclusive de apoio para a definição da estratégia de seleção. Assim, muitos dos procedimentos a serem adotados no melhoramento estão condicionados à magnitude da herdabilidade (Borém, 2001).

De um modo geral, características muito influenciadas pelo ambiente apresentam baixas herdabilidades, ao contrário de características pouco influenciadas pelo ambiente, que apresentam estimativas mais elevadas (Ramalho et al., 2000). Quando são obtidos valores elevados de herdabilidade, a seleção pode ser realizada com sucesso nas gerações iniciais de autofecundação. Porém, para baixos valores, a seleção deverá ser realizada em gerações avançadas, para que ocorra um aumento da homozigose com conseqüente incremento da herdabilidade no sentido restrito (Fehr, 1987).

Geralmente, a herdabilidade é estimada por meio de uma análise de variância, sendo possível estimar os seus tipos: a herdabilidade no sentido amplo, que pode ser definida como a razão da variância genotípica pela variância

fenotípica; e no sentido restrito, que é a razão da variância aditiva pela variância fenotípica. A herdabilidade no sentido amplo considera toda a variância genotípica; é importante no caso de espécies de plantas que são propagadas assexuadamente, já que o genótipo é herdado integralmente. A herdabilidade no sentido restrito considera apenas o componente de variância aditiva que, na maioria dos casos, tem maior utilidade para o melhoramento, pois quantifica a importância da proporção genética que pode ser transmitida para a próxima geração (Ramalho et al., 2000).

Quando as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são devidas apenas a diferenças genéticas entre os mesmos, a herdabilidade é máxima. Vale ressaltar que a variância fenotípica de um mesmo caráter em uma mesma população pode variar de um local para outro, assim, uma alta herdabilidade não significa que determinado caráter não seja afetado pelo ambiente.

Se a variabilidade da característica não tem origem genética, a herdabilidade é nula, não existindo correlação entre o valor genético e fenotípico da característica (Falconer, 1987). Porém, uma herdabilidade nula pode não significar ausência de variabilidade genética no controle de um dado caráter. Se o ambiente não propiciar a expressão da variabilidade genética existente nos genes que controlam o caráter, haverá uma falsa impressão de que a população é geneticamente uniforme para esse caráter.

Sucessivas autofecundações permitem que ocorra a duplicação da variância aditiva e a eliminação da variância de dominância (Falconer, 1987). Deste modo, espera-se que a herdabilidade no sentido amplo seja praticamente igual à herdabilidade no sentido restrito. Assim, a herdabilidade no sentido restrito torna-se de grande utilidade ao melhoramento, pois a fração aditiva da variância genotípica é incrementada, permitindo maiores ganhos com a seleção (Borém, 2001).

A herdabilidade não é uma propriedade imutável de uma característica; depende da população na qual é estimada e do ambiente onde a população se desenvolve. Assim, sempre que um valor para a estimativa da herdabilidade de um dado caráter é mencionado, ele se refere a uma população particular, sob condições particulares (Falconer, 1987). Deste modo, experimentos com a finalidade de obter estimativas de herdabilidade devem ser conduzidos em uma amostra de ambiente, no qual as estimativas serão aplicadas.

Coelho et al. (2002) estimaram as herdabilidades dos caracteres produção de grãos por planta, número de vagens por planta, número de grãos por vagem e peso médio de 100 grãos; para isso, avaliaram populações  $F_2$  de feijão comum, oriundas do cruzamento 'Ouro 1919' x 'Milionário 1732', cultivadas nas épocas da primavera-verão e do verão-outono. As estimativas de herdabilidade obtidas, no sentido amplo, foram de - 0,01 e 0,19 para o caráter produção de grãos/planta; 0,34 e 0,25 para o número de vagens/planta; 0,17 e 0,33 para número de grãos por vagem; para peso médio de 100 grãos, as estimativas foram de 0,19 e 0,33, nas épocas de cultivo primavera-verão e verão-outono, respectivamente. Estes autores relatam que é possível obter estimativas de herdabilidade negativa em função do estimador utilizado e que os valores negativos obtidos indicam que a variância genotípica do caráter em questão é nula ou de pequena magnitude.

Coimbra et al. (1999), com o objetivo de estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e identificar genótipos superiores, avaliaram 29 linhagens e três cultivares de feijão comum. As estimativas de herdabilidade obtidas, no sentido amplo, foram de 52,88% para número de legumes/planta; 55,42% para número de grãos/planta; 91,26% para peso de mil grãos; e 63,79% para rendimento de grãos.

## 2.6. Ganho genético

Ganho por seleção ou progresso por seleção (Gs) pode ser definido como a diferença entre a média fenotípica de um caráter em uma população melhorada e a média fenotípica do mesmo caráter na população de origem, antes da seleção. O valor do Gs depende da pressão de seleção, ou seja, do percentual de genótipos selecionados segundo um determinado grau de exigência do melhorista e da população. Populações mais heterogêneas propiciam maior chance de sucesso na seleção. Naturalmente, fortes pressões de seleção tendem a produzir ganhos por seleção mais elevados, porém com progresso efêmero. Analogamente, a seleção suave é mais duradoura, havendo menor progresso, porém, por maior número de gerações (Pinto, 1995).

O estudo de uma determinada característica tem início a partir da herdabilidade, que torna possível a previsão do ganho que será obtido na próxima

geração. Considerando-se que o ganho por seleção é função da herdabilidade (Ramalho et al., 1993), altas estimativas de herdabilidade conduzem a maiores ganhos. Com a estimativa do ganho, pode-se avaliar a eficiência dos métodos de melhoramento, assim como o sucesso do material melhorado (Cruz et al., 2004).

Santos et al. (2002), objetivando quantificar a variabilidade existente em uma amostra de feijão 'Carioca', avaliaram 289 linhas puras provenientes dessa amostra na safra de "inverno" de 1998, em Lavras. Na etapa seguinte, avaliaram as 98 melhores linhas na safra da "seca" de 1999, em Lavras e Lambari. As 23 melhores linhas selecionadas foram avaliadas na safra de "inverno" de 1999, também em Lavras e Lambari. Nesses estudos, foram obtidas estimativas de herdabilidade de 2,57% a 46,96% e do ganho esperado com a seleção de 0,63% a 16,09%.

Londero et al. (2006) estimaram o ganho por seleção para rendimento de grãos e teor de fibra em populações  $F_2$  provenientes de cinco diferentes cruzamentos entre genótipos de feijão. Para teor de fibra alimentar total, relataram estimativas que variaram de - 65,83% a 25,07%. As estimativas para rendimento de grãos variaram de - 46,49% a 6,5%.

Nunes et al. (1999), visando selecionar famílias de feijão adaptadas às condições de inverno do sul de Minas Gerais, avaliaram populações segregantes oriundas dos cruzamentos L3272 x (Carioca x TU) e L3272 x ESAL 601. Nos experimentos realizados, foram avaliados os caracteres produtividade de grãos, número de dias para o florescimento e reação ao patógeno *Erysiphe polygoni*, sendo obtidas estimativas dos ganhos esperados com a seleção, em famílias  $F_6$  de ciclo normal, de 1,8%, 6,5% e 8%, respectivamente. Em famílias de ciclo precoce, essas estimativas foram de 2,6%, 7,5% e 7,6%.

## 2.7. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais

A correlação mede a intensidade associativa entre duas variáveis, ou seja, o grau de variação conjunta de duas variáveis. Pode ser positiva, quando ocorre acréscimo simultâneo nas duas variáveis, ou negativa, quando ocorre aumento de uma variável e redução da outra (Steel e Torrie, 1980).

Conhecer a associação entre características é fundamental nos trabalhos de melhoramento de plantas, particularmente se a seleção em uma das

características avaliadas apresentar baixa herdabilidade e, ou, dificuldades de mensuração e identificação. Assim, a seleção correlacionada com uma característica que apresente alta herdabilidade e facilidade de avaliação pode ser mais conveniente, por permitir progressos mais rápidos no melhoramento (Cruz et al., 2004).

A determinação dos coeficientes de correlação entre várias características da planta e a produção de grãos é muito importante, já que a produção de grãos é um caráter quantitativo, que apresenta baixa herdabilidade e é muito influenciado pelo ambiente (Falconer, 1987).

Nunes et al. (1999), avaliando 230 famílias de feijão comum provenientes dos cruzamentos L3272 x (Carioca x TU) e L3272 x ESAL 601, encontraram estimativas de correlação genética negativa de 0,22 entre o número de dias para o florescimento e a reação ao patógeno *Erysiphe polygoni*, indicando a associação entre a suscetibilidade ao patógeno e a precocidade.

Morais et al. (2001) avaliaram o comportamento de quatro cultivares de feijão comum em diferentes espaçamentos; para isso, utilizaram um delineamento de blocos casualizados em parcelas subdivididas com quatro repetições. Correlações fenotípicas significativas foram encontradas entre número de dias para o florescimento e número de dias para a maturação (0,99), indicando que cultivares que demoram a florescer, conseqüentemente, terão ciclos mais tardios; entre número de dias para o florescimento e fechamento entre linhas (0,95) e entre número de dias para a maturação e fechamento entre linhas (0,99). Com estes resultados, pode-se inferir que plantas que apresentam maior número de dias para florescer e maior número de dias para maturação levarão um maior número de dias para o fechamento das entrelinhas; para número de dias para maturação e altura da planta na maturação (0,95), as correlações positivas apontam que plantas com ciclos mais tardios apresentar-se-ão com maior altura na maturação; a correlação entre altura da planta na maturação e produtividade de grãos foi negativa (-0,98); deste modo, as cultivares de ciclos tardios e, conseqüentemente, com maior altura produzirão menos grãos e exigirão um período maior para o fechamento do dossel, resultando numa menor produtividade de grãos. Desta maneira, Moraes et al. (2001) concluíram que a redução dos espaçamentos entre linhas propicia um aumento no rendimento de grãos, porém, cultivares que apresentam maior ciclo e altura tendem a um

fechamento de entrelinhas mais demorado, resultando em menor rendimento de grãos.

## 2.8. Ensaio de competição

A finalidade de um programa de melhoramento de plantas é obter linhagens superiores às existentes em cultivo. Sendo assim, para atingir tal objetivo, é fundamental uma rigorosa avaliação das linhagens obtidas.

Uma vez identificados e selecionados os tipos desejáveis nas populações segregantes, baseando-se apenas no fenótipo das plantas, esses indivíduos são colhidos separadamente, dando origem às linhas que serão, inicialmente, avaliadas no ensaio de Teste de Progênes. Identificadas as linhas mais promissoras e uniformes para as principais características agronômicas, estas serão avaliadas em Ensaio Preliminar de Linhagens (EPL). As linhagens selecionadas no EPL são promovidas ao ensaio intermediário de linhagens (EIL) (Borém, 2001). No EIL são selecionadas as linhagens mais promissoras que serão, então, avaliadas nos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

As características dos ensaios de competição variam de acordo com cada programa de melhoramento. Caracteres importantes, como rendimento, tipo e tamanho de grãos, ciclo, hábito de crescimento e resistência às doenças, geralmente são avaliados nesses testes de comparação.

Melo et al. (2005) relataram que, a partir de famílias  $F_6$  originadas de diferentes populações segregantes, conduzidas pelo método da população ou pelo método genealógico, obtiveram várias linhagens que foram avaliadas em ensaios de competição. No ensaio de teste de progênie, do tipo carioca, foram avaliadas 99 linhagens, em Santo Antônio de Goiás no ano de 2003, quanto à produtividade de grãos. Os EPL do tipo carioca foram conduzidos em Santo Antônio de Goiás (plantio “inverno” 2003), Lavras (plantio “seca” 2003) e Ponta Grossa (“seca” 2003 e 2004). Foram avaliadas 120 linhagens com base na produtividade de grãos, resistência a doenças, arquitetura da planta e acamamento. Trinta e três linhagens superiores foram selecionadas para compor os ensaios intermediários de linhagens do tipo carioca no ano de 2005. Nos EIL do tipo carioca realizados em Simão Dias (plantio “inverno” 2003), Santo Antônio de Goiás (plantio “inverno” 2003), Sete Lagoas (plantio “seca” 2003), Lavras

(plantio “seca” 2003), Seropédica (plantio “inverno” 2003) e Ponta Grossa (plantio “seca” 2003 e plantio “águas” 2004), as linhagens foram avaliadas quanto à produtividade de grãos, resistência a doenças, arquitetura da planta e acamamento. Dez linhagens superiores foram selecionadas para compor os ensaios VCU no biênio de 2005/2006.

Após a implantação da Lei de Proteção de Cultivares (Lei Nº 9.456/97), o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), visando orientar os obtentores de cultivares, estabeleceu as normas dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso, obrigatórias para registro das novas cultivares de feijão junto ao Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC). Para tanto, a linhagem deverá fazer parte de ensaios de VCU durante um período mínimo de dois anos agrícolas e em três locais de cultivo por região edafoclimática, para cada época de cultivo (BRASIL, 2001).

Entre os demais requisitos mínimos dos ensaios de VCU, estão o delineamento experimental que deve ser em blocos casualizados com no mínimo três repetições, ou outro delineamento com igual ou maior precisão experimental; as parcelas devem ser constituídas de pelo menos quatro fileiras de quatro metros de comprimento, aproveitando-se somente as duas centrais. Deverão ser utilizadas como padrão pelo menos duas cultivares inscritas no Registro Nacional de Cultivares (RCN). Além disso, o coeficiente de variação experimental (CV%) deve ser inferior ou igual a 20% (BRASIL, 2001).

Krause (2005), objetivando avaliar alternativas na condução de ensaios de VCU, com a cultura do feijoeiro, estudou a necessidade de bordadura, o número de repetições e o emprego de variáveis ambientais como covariável. Entre outras conclusões, constatou que o uso de bordaduras não contribui para a melhoria da precisão experimental; parcelas com maior número de linhas são mais vantajosas; e o quadrado médio do erro não sofreu alteração pelo aumento do número de repetições, que por sua vez reduziu o erro padrão da média, aumentando a possibilidade de detecção de diferenças significativas entre as linhagens.

## 2.9. Programa de melhoramento do feijoeiro comum na UENF

### 2.9.1. Seleção de progenitores

De acordo com Messias G. Pereira (comunicação pessoal), em pesquisas anteriores realizadas na UENF (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro), foram efetuados estudos para a detecção da variabilidade genética de 41 genótipos de feijão comum e feijão-de-vagem (Tabela 1), incluindo cultivares adaptadas às condições regionais de ambiente do Rio de Janeiro. Para isso, por meio de análises de marcadores RAPD (DNA polimórfico amplificado ao acaso), os 41 genótipos de feijão foram caracterizados e avaliados quanto às distâncias genéticas relativas. Desses estudos, foram gerados cinco grupos distintos de genótipos. Os genótipos Rico 23, Rico Pardo 896 e Dark Red Kidney formaram três grupos isoladamente. O quarto grupo foi formado pelos genótipos Precoce 60 Dias, Manteigão Fosco 11 e os feijões-de-vagem Alessa, Mimoso Rasteiro AG-461, HAB 52 e HAB 198. O quinto grupo foi formado pelos 33 genótipos restantes.

Considerando que a distância genética baseada em marcadores moleculares está se tornando extremamente importante como um método independente para ajudar na seleção de parentais geneticamente divergentes (Kelly et al., 1998), foram selecionados genitores para cruzamentos com base nas análises de diversidade genética, via marcadores RAPD, realizadas na UENF. Para isso, foi considerado que, em cada cruzamento, os dois genitores estivessem em grupos distintos e possuíssem características contrastantes de interesse (Tabela 2). O uso de genitores próximos diminui a probabilidade de obtenção de progressos na seleção, há perda de tempo em hibridações e condução de populações segregantes com poucas chances de originar uma nova cultivar com características competitivas exigidas pelo mercado. Desta forma, é importante avaliar a dissimilaridade genética, pois a probabilidade de obtenção de populações segregantes com elevada variabilidade será superior quanto mais diferentes geneticamente forem os genitores (Machado et al., 2000).

Tabela 1 – Genótipos de *Phaseolus vulgaris* L. utilizados nas análises de diversidade genética, por meio de marcadores RAPD, realizadas na UENF em 1997

Genótipo	Procedência	Genótipo	Procedência
A -794	Embrapa/CNPAF	Moruna	Embrapa/CNPAF
Alessa	Embrapa/CNPAF	NA 910375	Embrapa/CNPAF
BAC-6	Embrapa/CNPAF	NA 911120	Embrapa/CNPAF
Brilhante	Embrapa/CNPAF	Ouro Negro	PESAGRO-RIO
Capixaba Precoce	Embrapa/CNPAF	PI 207262	IAPAR
Caraota 260	Embrapa/CNPAF	Porto Real	PESAGRO-RIO
Carioca	PESAGRO-RIO	Precoce 60 Dias	Embrapa/CNPAF
CB 734681	Embrapa/CNPAF	Rico 23	Embrapa/CNPAF
Dark Red Kidney	Embrapa/CNPAF	Rico Pardo 896	Embrapa/CNPAF
EMGOPA	Embrapa/CNPAF	Rio doce	Embrapa/CNPAF
EMGOPA Ouro	Embrapa/CNPAF	Rio Tibagi	Embrapa/CNPAF
FE 821681	Embrapa/CNPAF	Serrano	Embrapa/CNPAF
Goytacazes	Embrapa/CNPAF	TO	Embrapa/CNPAF
Grande Rio	Embrapa/CNPAF	TU	Embrapa/CNPAF
HAB 52	Embrapa/CNPAF	Varre-Sai	PESAGRO-RIO
HAB 198	Embrapa/CNPAF	Venezuela	PESAGRO-RIO
Ipanema	PESAGRO-RIO	Vitória	Embrapa/CNPAF
Manteigão Fosco 11	UFV	Xamego	PESAGRO-RIO
Michellite	Embrapa/CNPAF	BR -1 Xodó	PESAGRO-RIO
Milionário	Embrapa/CNPAF	Xodó-Seleção	Embrapa/CNPAF
Mimoso Rasteiro AG-461	Embrapa/CNPAF		

Tabela 2 – Hábito de crescimento (HC), porte da planta, cor da semente (CS), tamanho do grão (T) e região de recomendação de cultivo (RC) dos genótipos de *Phaseolus vulgaris* L. utilizados nos cruzamentos efetuados pela UENF, no município de Campos dos Goytacazes/RJ, em 1999

Genótipo	Origem	HC <sup>1/</sup>	Porte <sup>2/</sup>	CS	T <sup>3/</sup>	RC
BR - 1 Xodó	CIAT	II	E	Preta	P	RJ
Caraota 260	Venezuela	-	-	-	P	-
Manteigão Fosco 11	UFV	I	E	Bege	M	ES, MG
Moruna	IAC	II	E	Preta	P	SP
Ouro Negro	Honduras	III	P	Preta	P/M	RJ, ES, MG
PI 207262	México	III	-	Marrom	P	-
Precoce 60 Dias	-	I	E	Preta	-	-
Rico 23	UFV	II	E	Preta	P	RJ, ES, GO, MT, MG PA, PR, RS, SC
Rico Pardo 896	UFV	III	P	Café	M	ES, MG
Xamego	CIAT	II	E	Preta	P	RJ, ES, GO, DF

<sup>1/</sup> I: determinado; II: indeterminado com guias curtas; III: indeterminado com guias longas.

<sup>2/</sup> E: ereto; P: prostrado.

<sup>3/</sup> P: peso de 100 sementes ≤ 25 gramas; M: peso de 100 sementes > 25 e ≤ 40 gramas.

### 2.9.2. Avanço de gerações

No período de 01/06/99 a 20/07/99, foram realizados vários cruzamentos, conforme demonstrados na Tabela 3. Esses cruzamentos foram realizados na estação experimental da PESAGRO-RIO (Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro), em Campos dos Goytacazes, assim como o avanço de gerações, sendo efetuado o plantio de uma geração por ano, obtendo-se no ano de 2005 a geração F<sub>6</sub>. Na geração F<sub>6</sub>, havia um total de 324 plantas das quais foram selecionadas 185 por apresentarem atributos desejáveis, principalmente rendimento de grãos.

Uma amostra de sementes F<sub>2</sub> foi avançada até a geração F<sub>6</sub> utilizando-se o método SSD. Esse método é realizado tomando-se uma única semente de cada indivíduo de uma geração, para estabelecer a geração subsequente (Brim, 1966).

Conforme sugerido por Brim (1966), foram semeadas três sementes de cada planta F<sub>2</sub> para garantir a representatividade da população base. Após a emergência, uma única planta foi preservada. Tal procedimento foi repetido nas gerações seguintes até a geração F<sub>6</sub>. Cada planta F<sub>6</sub> obtida a partir de uma planta F<sub>2</sub> foi considerada uma LER (linhagem endogâmica recombinada).

Tabela 3 – Cruzamentos entre genótipos de *Phaseolus vulgaris* L. realizados na UENF, no período de 01/06/99 a 20/07/99, com respectiva identificação das linhagens endogâmicas recombinadas (LER) geradas em cada cruzamento e utilizadas no presente estudo

Cruzamento	LER	Total de LER
Precoce 60 Dias x Moruna	120 a 134	15
Caraota 260 x Ouro Negro	104 a 116	13
Manteigão Fosco 11 x Rico Pardo 896	150 a 154	5
Manteigão Fosco 11 x Xamego	117 a 119	3
Moruna x Rico 23	135 a 145; 155 a 164; 178 a 185	29
PI 207262 x Manteigão Fosco 11	169	1
PI 207262 x Rico 23	146 a 149; 170 a 177	12
Xamego x Caraota 260	29 a 63	35
Xamego x Rico Pardo 896	1 a 3; 5 a 28	27
BR -1 Xodó x Precoce 60 Dias	98 a 103; 165 a 168; 186	11
BR -1 Xodó x Rico Pardo 896	64 a 97	34

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

No presente trabalho, o ensaio foi realizado no período de maio a agosto de 2006, na estação experimental da PESAGRO-RIO, localizada no município de Campos dos Goytacazes, região norte do Estado do Rio de Janeiro, situado a 21° 45' Latitude Sul e 41° 20' Longitude Oeste, com uma altitude média de 11 m. O clima da região é classificado, segundo Köppen, como Aw, do tipo quente úmido, com temperatura média anual de 24,2 °C. Entre os meses de novembro e março, ocorre o período das mais altas temperaturas do ano, com médias mensais entre 25,1 e 27,7 °C, enquanto nos meses que compreendem o inverno, ou seja, entre junho e setembro, a temperatura média mensal varia entre 21,4 e 22,9 °C. A precipitação anual média está em torno de 1.023 mm, concentrando-se principalmente nos meses de outubro a janeiro (Oliveira, 1996).

#### 3.1. Material genético

Foram utilizadas 185 linhagens endogâmicas recombinadas (LER) de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.), obtidas a partir de vários cruzamentos, conforme descrito anteriormente (Tabela 3).

### 3.2. Delineamento experimental

As 185 LER foram cultivadas seguindo um delineamento estatístico em blocos casualizados com testemunhas adicionais, com três repetições. Dado o número elevado de tratamentos (LER), os mesmos foram agrupados em seis 'sets', sendo distribuídos 31 tratamentos por 'set'. Cada unidade experimental foi constituída de duas linhas de 5 m de comprimento, utilizando-se 0,5 m de espaçamento entre linhas. Foram distribuídas 14 sementes por metro linear, semeando-se, desta forma, 140 sementes por parcela. A parcela útil foi de 4 m<sup>2</sup>, sendo desconsiderados 0,5 m de cada extremidade. A cultivar Porto Real foi utilizada como bordadura. As cultivares 'Xamego', 'Porto Real', 'BR - 1 Xodó' e a Linhagem 47 foram utilizadas como testemunhas em todos os 'sets'. A adubação e os demais tratos culturais utilizados foram os normalmente recomendados para a cultura do feijoeiro. As irrigações foram efetuadas sempre que necessárias.

### 3.3. Características avaliadas

As LER foram avaliadas quanto a características morfológicas e agronômicas, nos estádios de floração, maturação e por ocasião da colheita.

A maioria das características foi avaliada conforme procedimentos descritos por Fonseca (1993) e Silva (2005). Os descritores considerados são mencionados a seguir:

a) Número de dias para florescimento (NDF) – determinado pelo número de dias compreendidos entre o plantio até a presença de pelo menos uma flor aberta em 50% das plantas, em cada parcela experimental.

b) Altura de inserção da primeira vagem (AIPV) – corresponde à distância do colo da planta até a inserção da primeira vagem, expressa em cm. Foi avaliada na maturação, em uma amostra de cinco plantas tomadas ao acaso na área útil da parcela.

c) Peso de mil grãos (PMG) – determinado por meio da contagem de mil sementes, amostradas em cada parcela experimental, seguida de pesagem em balança de precisão, expressa em gramas. Com base nesse caráter, as sementes foram classificadas quanto ao tamanho, sendo: pequenas (peso de 100 sementes

$\leq 25$  g), médias (peso de 100 sementes  $> 25$  e  $\leq 40$  g) e grandes (peso de 100 sementes  $> 40$  g) (Singh et al., 1991b).

d) Produtividade de grãos (REND) – estimada em função do rendimento da área útil de cada parcela experimental e convertida em kg/ha, corrigida para 13% de umidade.

e) Cor do tegumento dos grãos 'L' (L) – a cor do tegumento dos grãos foi medida através do sistema L – a – b, determinada com o colorímetro, marca Minolta, modelo CR – 310, após a colheita dos grãos. O eixo vertical 'L' avalia a claridade da cor da amostra, variando do preto ao branco; o eixo 'a' da cor verde à vermelha; e o 'b', da cor azul à amarela. Foram apresentados somente os valores de 'L', pois para o feijoeiro é importante a claridade dos grãos.

f) Cor do tegumento dos grãos (CS) – observação realizada em sementes provenientes da colheita de vagens secas, considerando-se a seguinte classificação: preta (1), marrom (2), castanha (3), esverdeada (4), amarela (5), creme (6), roxa (12) e outras (13).

g) Halo (H) – observação realizada em sementes provenientes da colheita de vagens secas, considerando-se: ausência de halo (1) ou presença (2).

h) Brilho da semente (BS) – determinado em sementes secas, considerando-se a seguinte variação: opaco (1), intermediário (2) ou brilhoso (3).

i) Cor da flor (CF) – observada em flores recém-abertas, segundo a classificação: branca (1), rosa (2) ou violeta (3).

j) Hábito de crescimento (HC) – avaliado na maturação fisiológica, conforme classificação: tipo I, plantas de crescimento determinado e arbustivo (1); tipo II, plantas com crescimento indeterminado e guia curta (2); tipo III, plantas de crescimento indeterminado e guia longa (3); e tipo IV, semelhante ao tipo III, porém, com plantas mais volúveis e com internódios mais longos (4).

l) Porte da planta (PP) – avaliado na maturação fisiológica atribuindo-se a seguinte graduação: ereto (1), semi-ereto (2) e prostrado (3).

Apesar de terem sido avaliados inicialmente estes 11 descritores, apenas cinco relacionados a características quantitativas, ou seja, que apresentam distribuição normal, foram submetidos às análises de variância.

### 3.4. Análise estatística

Para eliminar o efeito do 'set' na classificação de todo o conjunto de genótipos, os valores de produtividade de cada LER foram multiplicados por um fator de correção (Tabela 4). Para isso, obtiveram-se a média das testemunhas para cada 'set' (MTS) e a média geral das testemunhas (MGT). Pela relação MGT/MTS foram obtidos os fatores de correção para cada 'set'.

Tabela 4 – Fatores de correção dos valores obtidos para a característica produtividade de grãos de linhagens de feijão comum, avaliadas em Campos dos Goytacazes, no ano de 2006

Set	1	2	3	4	5	6
MTS	2.208,910	1.899,000	2.082,630	2.391,640	2.336,970	2.048,430
MGT/MTS	0,978	1,138	1,038	0,904	0,925	1,055
MGT	2.161,260					

A análise de variância foi realizada com o auxílio do programa computacional Genes (Cruz, 2001). Com base nas análises, foram estimadas as variâncias genotípicas, fenotípicas e ambientais, as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais entre as características avaliadas, os coeficientes de determinação genotípicos, os coeficientes de variação genético e experimental, e os índices de variação genética.

#### 3.4.1. Análise de variância

A análise de variância foi realizada para os seguintes caracteres quantitativos: número de dias para florescimento, altura de inserção da primeira vagem, peso de mil grãos, produtividade e cor do tegumento dos grãos 'L'.

O modelo estatístico adotado foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + \varepsilon_{ij},$$

em que:

$Y_{ij}$  = valor observado no i-ésimo tratamento no j-ésimo bloco;

$\mu$  = média geral;

$T_i$  = efeito do  $i$ -ésimo tratamento. ( $i = 1, 2, \dots, g + te$ ), sendo  $g$  o número de LER (185) e  $te$  o número de testemunhas (4);

$B_j$  = efeito do  $j$ -ésimo bloco ( $j = 1, 2, \dots, r$ );

$\varepsilon_{ij}$  = erro aleatório.

A soma de quadrados de tratamentos foi decomposta em soma de quadrados de linhagens endogâmicas recombinadas (LER), soma de quadrados de testemunhas e LER versus testemunhas. Adotaram-se os efeitos de tratamentos como fixos, uma vez que as 185 LER foram selecionadas de um conjunto de populações na geração  $F_6$ . O esquema da análise de variância e as esperanças dos quadrados médios são apresentados na Tabela 5.

Tabela 5 – Esquema da análise de variância e esperanças de quadrados médios para o modelo em blocos casualizados com testemunhas adicionais

FV	GL	QM	E (QM)	F
Blocos (B)	$r - 1$	QMb	$\Sigma^2 + \sigma_b^2$	
Tratamentos (T)	$t - 1$	QMt	$\Sigma^2 + r\Phi_t$	QMt/QMe
Linhagens (G)	$g - 1$	QMg	$\Sigma^2 + r\Phi_g$	QMg/QMe
Testemunhas (Te)	$te - 1$	QMte	$\Sigma^2 + r\Phi_{te}$	QMte/QMe
G vs Te	1	QMgte	$\sigma^2 + r\Phi_{gte}$	QMgte/QMe
Erro	$(r - 1)(t - 1)$	QMe	$\sigma^2$	

$\Phi_t, \Phi_g, \Phi_{te}$  = componentes quadráticos associados aos efeitos de tratamento, linhagens e testemunhas, respectivamente.

### 3.4.2. Teste de comparação de médias

O teste de comparação de médias do programa Genes (Cruz, 2001) foi utilizado para avaliar o potencial agrônomo das linhagens. As médias dos tratamentos para todos os caracteres foram agrupadas pelo método de Scott & Knott a 1% de probabilidade.

### 3.4.3. Estimação de parâmetros genéticos

A partir das análises de variância foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos que se seguem:

#### 3.4.3.1. Variâncias fenotípica e ambiental, e variabilidade genotípica

$\hat{\sigma}^2 = QMe/r$ : variância do erro experimental entre parcelas;

$\Phi_g = (QMg - QMe) / r$ : variabilidade genotípica entre linhagens;

$\hat{\sigma}_f^2 = QMg/r$ : variância fenotípica entre médias de tratamentos.

#### 3.4.3.2. Coeficientes de determinação genotípicos

O parâmetro genético coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ), com base na média de genótipos, foi estimado pela seguinte expressão:

$$H^2 (\%) = [\Phi_g / (QMg/r)] \times 100$$

#### 3.4.3.3. Coeficiente de variação experimental e genético

Coeficiente de variação experimental ( $CV_e$ )

$$CV_e (\%) = (100 \cdot \sqrt{QMe} / \bar{x})$$

Coeficiente de variação genético ( $CV_g$ )

$$CV_g (\%) = ((100 \cdot \sqrt{\Phi_g}) / \bar{x})$$

#### 3.4.3.4. Índice de variação genético

$$IV_g (\%) = 100(CV_g / CV_e)$$

### 3.5. Estimação das correlações entre pares de características

Os coeficientes de correlação fenotípica ( $r_f$ ), genotípica ( $r_g$ ) e de ambiente ( $r_a$ ) entre os caracteres foram estimados de acordo com o procedimento relatado por Cruz et al. (2004), ou seja:

$$r_f = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x \cdot QMG_y}}$$

$$r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gy}^2}}$$

$$r_a = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{QMR_x \cdot QMR_y}}$$

em que:

$PMG_{xy}$  e  $PMR_{xy}$  = produto médio de genótipos e de resíduo em relação às características x e y, respectivamente;

$\hat{\sigma}_{gxy}$  = estimador da covariância genética entre x e y;

$\hat{\sigma}_{gx}^2$  e  $\hat{\sigma}_{gy}^2$  = estimadores das variâncias genotípicas das características x e y, respectivamente.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Caracteres qualitativos

Os caracteres que apresentam distribuição descontínua e que, portanto, não foram submetidos à análise de variância estão relacionados na Tabela 6. São apresentadas as classificações dos descritores cor de flor, hábito de crescimento, porte da planta, cor do tegumento dos grãos, brilho da semente e halo. Em função da ocorrência de diferentes valores para os caracteres avaliados, pode-se verificar que os descritores estudados revelam a existência de variabilidade genética entre as linhagens endogâmicas recombinadas (LER) (Tabela 6).

A maioria das LER (90,27%) apresentou plantas com flores violeta; 4,32%, róseas; 2,7%, brancas e, em 2,7% das LER, houve segregação da cor de flor na mesma linhagem. O caráter hábito de crescimento, em 1,62% das LER, foi classificado como tipo I, 42,7% como tipo II, 54,05% como tipo III e 1,62% como tipo IV. Quanto ao porte, 43,24% foram classificadas como eretas, 49,73% como semi-eretas e 7,03% como prostradas.

As LER exibiram grande variabilidade quanto à cor do tegumento dos grãos, sendo que, em 20,54% das LER, houve segregação da cor da semente na mesma linhagem; 63,78% apresentaram coloração preta; 11,89%, marrom; 1,08%, roxa; 1,62%, creme; apenas uma com tegumento amarelo e outra, esverdeado. Considerando-se apenas as LER que não apresentaram segregação

para cor da semente, em 3,4% foi observada a presença de halo. Este fenótipo, que geralmente é comum em algumas linhagens com sementes do tipo carioca, é indesejável, por isso, procura-se selecionar linhagens sem halo (Baldoni et al., 2002). Houve predominância de sementes opacas (88,44%), seguidas pelas intermediárias (6,8%) e brilhosas (2,7%). Em 2,04% das LER que não segregaram para cor da semente, foi observada segregação para brilho.

Tabela 6 – Resultados obtidos para seis caracteres qualitativos, avaliados em 185 LER e quatro genótipos de feijão comum, cultivados em Campos dos Goytacazes no ano de 2006

Genótipos <sup>3/</sup>	Caracteres <sup>1/ 2/</sup>					
	CF	HC	PP	CS	BS	H
1	3	2	1	2	1	1
2	3	3	1	0/1	0	0
3	3	3	2	1	1	1
5	3	2	2	1	1	1
6	3	3	2	0/1	0	0
7	3	3	2	0/1	0	0
8	3	3	1	1	1	1
9	3	3	1	0/1	0	0
10	3	3	2	1	1	1
11	3	2	2	1	1	1
12	3	3	2	0/1	0	0
13	3	2	1	1	1	1
14	3	2	2	2	1	1
15	3	3	2	1	1	1
16	3	3	2	0/1	0	0
17	3	2	2	1	1	1
18	3	3	2	0/1	0	0
19	3	3	2	1	1	1
20	3	3	1	0/2	0	0
21	3	2	2	0/1	0	0
22	3	3	2	0/1	0	0
23	3	2	1	1	1	1
24	3	2	1	1	1	1
25	3	3	2	2	1	1
26	3	4	3	2	1	1
27	3	3	2	0/1	0	0
28	3	2	2	0/1	0	0
29	3	3	1	1	1	1
30	3	2	1	1	1	1
31	3	2	1	1	1	1

Tabela 6, Cont.

Genótipos <sup>3/</sup>	Caracteres <sup>1/2/</sup>					
	CF	HC	PP	CS	BS	H
32	3	2	1	1	1	1
33	3	2	1	1	1	1
34	3	2	1	1	1	1
35	3	2	1	1	1	1
36	3	3	1	1	1	1
37	3	2	1	1	1	1
38	3	2	1	1	1	1
39	3	2	1	0/1	0	0
40	3	2	1	1	1	1
41	3	2	2	1	1	1
42	3	2	2	1	1	1
43	3	2	1	1	1	1
44	3	3	1	1	1	1
45	3	3	2	1	1	1
46	3	3	1	1	1	1
47	3	2	1	1	1	1
48	3	2	2	1	1	1
49	3	2	1	1	1	1
50	3	2	1	0/1	0	0
51	3	2	1	1	1	1
52	3	2	2	1	1	1
53	3	2	1	1	1	1
54	3	3	1	1	1	1
55	3	2	1	1	1	1
56	3	2	1	1	1	1
57	3	3	2	1	1	1
58	3	3	2	0/1	0	0
59	3	3	1	1	1	1
60	3	2	1	1	1	1
61	3	2	1	1	1	1
62	3	3	2	1	1	1
63	3	2	2	1	1	1
64	3	3	3	0/2	0	0
65	3	3	2	2	1	1
66	3	2	2	1	1	1
67	3	2	3	2	1	1
68	3	3	1	2	1	1
69	3	3	1	2	1	1
70	3	2	2	2	1	1
71	3	3	2	2	1	1
72	3	2	2	2	1	1
73	3	2	2	2	1	1
74	3	2	2	1	1	1
75	3	2	2	1	1	1
76	3	3	2	0/1	0	0
77	3	3	2	2	1	1

Tabela 6, Cont.

Genótipos <sup>3/</sup>	Caracteres <sup>1/2/</sup>					
	CF	HC	PP	CS	BS	H
78	3	3	2	2	1	1
79	3	3	2	2	1	1
80	3	3	2	0/1	0	0
81	3	3	1	1	1	1
82	3	3	2	1	1	1
83	3	2	3	0/1	0	0
84	3	3	1	1	1	1
85	3	3	1	0/1	0	0
86	3	3	2	1	1	1
87	3	2	2	1	1	1
88	3	3	2	0/1	0	0
89	3	3	2	2	1	1
90	3	2	3	2	1	1
91	3	3	2	2	1	1
92	3	2	2	2	1	1
93	3	3	2	2	1	1
94	3	3	3	0/2	0	0
95	3	3	2	2	1	1
96	3	3	1	2	1	1
97	3	3	2	1	1	1
98	2	2	2	1	1	1
99	3	3	2	1	1	1
100	3	2	2	0/1	0	0
101	3	2	1	1	2	1
102	2	3	2	1	0	1
103	3	3	1	1	0	1
104	3	2	1	1	1	1
105	3	3	3	1	1	1
106	3	3	2	0/1	0	0
107	3	3	2	1	1	1
108	3	3	1	1	1	1
109	3	2	1	1	1	1
110	3	3	2	1	1	1
111	3	3	3	1	1	1
112	3	3	2	0/1	0	0
113	3	3	2	1	1	1
114	2	3	3	1	1	1
115	3	3	3	1	1	1
116	3	3	2	1	1	1
117	3	3	1	1	1	1
118	3	3	3	2	1	1
119	0	3	2	0/1	0	0
120	3	3	2	1	2	1
121	3	3	2	1	1	1
122	3	3	2	1	3	1
123	3	3	2	1	2	1

Tabela 6, Cont.

Genótipos <sup>3/</sup>	Caracteres <sup>1/2/</sup>					
	CF	HC	PP	CS	BS	H
124	2	3	1	1	1	1
125	3	2	2	1	1	1
126	3	2	1	1	1	1
127	3	2	2	1	1	1
128	3	3	2	1	1	1
129	3	1	1	1	1	1
130	3	3	1	1	2	1
131	3	3	2	0/2	0	0
132	3	3	2	1	1	1
133	3	4	3	1	1	1
134	3	1	1	0/1	0	0
135	3	2	2	1	1	1
136	3	2	1	1	1	1
137	3	3	2	1	1	1
138	3	2	1	1	1	1
139	3	3	1	1	1	1
140	3	3	1	1	1	1
141	3	3	2	1	1	1
142	3	2	1	1	1	1
143	3	2	2	1	1	1
144	3	2	1	1	1	1
145	3	2	1	1	1	1
146	3	3	2	1	1	1
147	3	3	2	0/1	0	0
148	1	3	2	5	2	2
149	2	2	2	12	3	1
150	3	2	1	0/1	0	0
151	3	3	2	0/2	0	0
152	0	4	3	0/1	0	0
153	0	3	2	0/5	0	0
154	3	2	2	0/1	0	0
155	3	2	1	1	1	1
156	3	2	1	1	1	1
157	3	2	1	1	1	1
158	3	2	2	1	1	1
159	3	2	1	1	1	1
160	3	3	2	1	1	1
161	3	3	2	1	1	1
162	3	3	1	1	1	1
163	3	3	1	1	1	1
164	3	2	1	1	1	1
165	3	3	1	1	0	1
166	3	3	2	1	3	1
167	3	3	2	1	1	1
168	0	2	1	0/1	0	0
169	2	1	1	4	2	2

Tabela 6, Cont.

Genótipos <sup>3/</sup>	Caracteres <sup>1/2/</sup>					
	CF	HC	PP	CS	BS	H
170	1	2	1	6	2	2
171	2	3	2	0/12	0	0
172	1	3	2	6	2	2
173	3	3	2	1	3	1
174	0	2	1	0/12	0	0
175	1	2	1	6	2	2
176	2	3	2	12	2	1
177	1	3	2	0/2	0	0
178	3	3	2	1	1	1
179	3	2	1	1	1	1
180	3	3	1	1	1	1
181	3	2	1	1	1	1
182	3	3	1	1	1	1
183	3	2	1	1	1	1
184	3	2	1	1	1	1
185	3	2	1	1	1	1
186	3	2	1	1	1	1
T 1	3	2	1	1	1	1
T 2	1	2	2	13	1	1
T 3	3	2	1	1	1	1
T 4	3	2	2	1	1	1

<sup>1/</sup> Aos caracteres que apresentaram segregação na mesma LER, foram atribuídos valores 0.

<sup>2/</sup> CF: cor da flor, branca (1), rosa (2) e violeta (3); HC: hábito de crescimento, tipo I – determinado e arbustivo (1), tipo II – indeterminado e guia curta (2), tipo III - indeterminado e guia longa (3), e tipo IV – indeterminado, guia longa e internódios mais longos, plantas mais volúveis (4); PP: porte da planta, ereto (1), semi-ereto (2) e prostrado (3);

CS: cor do tegumento dos grãos, preta (1), marrom (2), esverdeada (4), amarela (5), creme (6), roxa (12) e outras (13); valor precedido de 0/ refere-se à cor predominante nos casos de segregação; BS: brilho da semente, opaco (1), intermediário (2) e brilhoso (3);

H: halo, ausência (1) e presença (2);

<sup>3/</sup> T1: 'Xamego'; T2: 'Porto Real'; T3: 'BR -1 Xodó' e T4: Linhagem 47.

## 4.2. Análises Estatísticas

### 4.2.1. Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos

Os resumos dos resultados da análise de variância de cada caráter, quanto aos quadrados médios, assim como os coeficientes de variação ambiental estão apresentados na Tabela 7.

Verifica-se pelo teste F a 1% de probabilidade que há diferenças significativas entre as LER para todos os caracteres em estudo. A análise da decomposição da soma de quadrados de tratamentos mostrou que existem diferenças significativas ( $P \leq 0,01$ ) para todas as fontes de variação em todos os caracteres, com exceção para a variável altura de inserção da primeira vagem, que não apresentou diferenças significativas entre testemunhas. Conforme Allard (1971), a variabilidade genética é condição essencial para a realização dos programas de melhoramento de plantas, pois possibilita a seleção e obtenção de genótipos superiores.

Tabela 7 - Quadrados médios e estimativas dos coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ) para cinco características analisadas em 185 LER e quatro testemunhas de feijoeiro comum, avaliadas em Campos dos Goytacazes no ano de 2006

Fontes de Variação	GL <sup>1/</sup>	Quadrados médios <sup>2/</sup>				
		NDF	AIPV	PMG	REND	L
Blocos	2	39,29**	17,27**	709,36**	95787,58**	13,96**
Tratamentos (T)	188	12,78**	6,70**	2127,85**	359704,32**	183,99**
Genótipos (G)	184	12,78**	6,75**	2113,13**	358246,01**	165,35**
Testemunha (Te)	3	7,47**	0,96 <sup>ns</sup>	3306,84**	378148,17**	1238,27**
G vs Te	1	28,26**	13,27**	1293,26**	572702,69**	450,07**
Resíduo	376	1,12**	1,53**	116,69**	64272,53**	9,83**
$CV_e$ (%)		2,36	12,19	4,96	13,03	15,79

<sup>1/</sup> GL: grau de liberdade.

<sup>2/</sup> NDF: número de dias para florescimento; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; PMG: peso de mil grãos; REND: produtividade; L: coloração do tegumento dos grãos.

\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

<sup>ns</sup> Não significativo.

Com relação aos coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ), que permitem avaliar a precisão do experimento, as estimativas variaram de 2,36% a 15,79%. De acordo com classificação sugerida por Pimentel-Gomes e Garcia (2002), as estimativas para os caracteres NDF (2,36%) e PMG (4,96%) foram

baixas, porém, para os caracteres AIPV, REND e L, foram obtidas estimativas de  $CV_e$  consideradas médias. Tais valores indicam uma boa precisão experimental.

As estimativas dos  $CV_e$  obtidas para os caracteres PMG e REND são semelhantes aos valores obtidos por Coimbra et al. (1999), que avaliaram 29 linhagens e três cultivares de feijão preto no ano de 1996, no município de Lages-SC. O valor obtido para a AIPV também está de acordo com o valor apresentado por Santos e Vencovsky (1986). Quanto ao caráter L, a estimativa obtida é discordante de valores apresentados por outros autores, que mencionam baixo  $CV_e$  para a característica em questão (Ribeiro et al., 2004).

Nunes et al. (1999), avaliando 230 famílias obtidas a partir das populações segregantes L3272 x (Carioca x TU) e L3272 x ESAL 601, também encontraram baixo valor de coeficiente de variação para a característica NDF, porém obtiveram coeficiente elevado para REND.

A alta precisão experimental observada para a maioria dos caracteres contribuiu para a obtenção de altos coeficientes de determinação genotípicos, equivalentes às herdabilidades no sentido amplo (Vencovsky e Barriga, 1992).

Na Tabela 8, estão apresentadas as estimativas de diferentes parâmetros genéticos. As estimativas dos coeficientes de determinação genotípicos em nível de média foram altas e superiores a 77%, inclusive para o caráter produtividade de grãos, que apresentou uma estimativa de 82,06%. O elevado coeficiente de determinação genotípico obtido para a característica L está de acordo com o valor obtido por Ribeiro et al. (2004), que avaliaram 16 cultivares de feijão quanto à coloração do tegumento dos grãos e ciclo. Santos e Vencovsky (1986), avaliando 28 populações  $F_2$  obtidas de um esquema dialélico, também encontraram um alto coeficiente para o caráter AIPV. Valores semelhantes foram obtidos por Coimbra et al. (1999) para PMG.

Tabela 8 – Estimativas das variâncias fenotípica ( $\sigma_f^2$ ) e ambiental ( $\sigma^2$ ), da variabilidade genotípica ( $\Phi_g$ ) e dos coeficientes de determinação genotípicos ( $H^2$ ) com base na média, dos coeficientes de variação genética ( $CV_g$ ), dos índices de variação ( $IV_g$ ) e das médias de cada característica.

Parâmetros	Características <sup>1/</sup>				
	Genéticos	NDF	AIPV	PMG	REND
$\Phi_g$	3,89	1,74	665,48	97991,16	51,84
$\sigma_f^2$	4,26	2,25	704,38	119415,34	55,12
$\sigma^2$	0,38	0,51	38,90	21424,18	3,28
$H^2$	91,18	77,34	94,48	82,06	94,05
$CV_g$	4,37	12,98	11,86	16,13	36,48
$IV_g$	1,86	1,07	2,39	1,23	2,30
Média	45,03	10,15	217,77	1945,19	19,87

<sup>1/</sup> NDF: número de dias para florescimento; AIPV: altura de inserção de primeira vagem; PMG: peso de mil grãos; REND: produtividade e L: coloração do tegumento dos grãos.

Deve-se ressaltar que o coeficiente de determinação genotípico, no sentido amplo, obtido a partir da avaliação de LER em estádios avançados de endogamia, pode ser considerado equivalente ao coeficiente de determinação genotípico no sentido restrito, pois a variância genotípica total existente entre as LER é praticamente toda aditiva, uma vez que sucessivas autofecundações possibilitam que ocorram a duplicação da variância aditiva, ou seja, a variância que é explorada pela seleção, e a eliminação da variância de dominância (Falconer, 1987; Ramalho et al., 1993). Na geração  $F_6$ , a variância aditiva equivale a aproximadamente 31/16 da variância genotípica total, enquanto que a variância de dominância corresponde a apenas 31/256 (Raposo, 1999). Como o ganho de seleção é função da variância aditiva, pode-se inferir que existe grande possibilidade de sucesso com a seleção na população estudada, para todas as características avaliadas.

O uso do coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) torna possível a comparação da variabilidade genética das diferentes características analisadas.

Observa-se, na Tabela 8, que os valores obtidos variaram de 4,37 a 36,48. A relação  $CV_g/CV_e$ , denominada de índice de variação genético ( $IV_g$ ), permite que se façam inferências sobre as possibilidades de sucesso do melhoramento na população avaliada. Quanto maior o  $IV_g$ , maiores as chances de seleção de genótipos com desempenho superior. Todas as características avaliadas apresentaram  $IV_g$  superior à unidade, inclusive a REND, com  $IV_g$  de 1,23. Os caracteres PMG e L apresentaram elevado  $IV_g$ , devido possivelmente à elevada homozigose, resultado das sucessivas autofecundações.

Em relação ao caráter produtividade, considerado o principal entre os caracteres avaliados, verificou-se que existe elevada possibilidade de identificação de genótipos superiores, pois foram observados diferenças significativas pela análise de variância, alto coeficiente de determinação genotípico e índice de variação superior à unidade.

#### 4.2.2. Avaliação do potencial agrônômico das LER

Todos os caracteres avaliados nas análises de variâncias foram testados pelo método Scott & Knott a 1% de probabilidade (Tabela 9). O caráter NDF apresentou cinco grupos de distribuição; AIPV, quatro; PMG, oito; REND, quatro; e L, quatro.

O caráter número de dias para florescimento apresentou variação de 39 a 50 dias. As LER 169 e 171 foram as mais precoces e a LER 111, a mais tardia. A média apresentada pelos genótipos utilizados como padrão foi de 43,51 dias.

Para o caráter altura de inserção da primeira vagem, obteve-se uma média geral de 10,15 cm. A média das LER foi semelhante à média das testemunhas. Verifica-se na Tabela 9 que a linhagem 151 apresentou a maior altura de inserção de primeira vagem (16,03 cm), situando-se próximo a esses valores as linhagens 128 (15,57 cm) e 8 (15,53 cm). A linhagem 154 apresentou a menor média para esse caráter, que foi de 6,2 cm.

Segundo Santos e Vencovsky (1986), as maiores alturas de inserção da primeira vagem, aliadas à utilização de plantas de porte ereto, são fundamentais para evitar o contato das vagens com o solo; reduzir a ocorrência de doenças e de perdas na colheita, principalmente quando a colheita coincide com o período

chuvoso; manter a qualidade da semente; facilitar os tratos culturais e viabilizar a colheita mecânica.

Com relação ao peso de mil grãos (PMG), a LER 151 apresentou o maior valor para esse caráter (358 g), seguida pela LER 117 (301 g). Dentre os genótipos utilizados como testemunhas, a cultivar Porto Real e a linhagem 47 apresentaram as maiores médias (256,66 g). A LER 62 apresentou a menor média para esse caráter (163,33 g). Considerando que os materiais com peso de 100 sementes  $\leq 25$  g são classificados como de sementes pequenas, verificou-se que a maioria das LER (90,81%) apresentou esta categoria de semente, enquanto que 9,19% apresentaram tamanho médio (peso de 100 sementes  $> 25 \leq 40$  g). No caso de feijões do tipo carioca, a preferência do mercado consumidor é para grãos pesando entre 23 e 25 gramas por 100 grãos (Parrella, 2006).

Para o caráter coloração do tegumento dos grãos, foram obtidos valores de L que variaram de 12,58 (LER 173) a 56,4, média obtida para a testemunha 'Porto Real'. Em 20,54% das LER, foi observada segregação para esse caráter na mesma linhagem; nesses casos, para obtenção do valor de L foi considerada a cor de tegumento de grãos predominante. Deste modo, 76,22% das LER apresentaram coloração do tegumento preta, com valores médios de L que variaram de 12,58 a 25,73. Em 17,83% das LER, foi observada coloração marrom, com valores de L entre 26,24 e 43,33. Os demais 5,95% apresentaram outras cores: creme, amarela, esverdeada, rosa e roxa.

Para a maioria das LER do grupo preto, foram obtidos valores de L inferiores a 22, exceto para as LER 3 e 122, limite superior considerado aceitável para esse tipo de grão (Ribeiro et al., 2003). Segundo Ribeiro et al. (2004), quanto menor o valor de L, mais escuro será o grão, portanto, valores de L elevados (maior claridade) implicará percentagem superior de grãos arroxeados, o que deprecia o valor comercial dos feijões do grupo preto.

Em relação à produtividade de grãos, por ser uma característica altamente influenciada pelas condições ambientais e pelos seus diversos componentes, os genótipos mostraram-se bastante variáveis no seu comportamento. Sobressaíram-se 49 LER (26,48%), com produtividade média de grãos superior à média das testemunhas (2.161,32 Kg/ha). As LER 140, 157, 81, 87, 183 e 16 apresentaram produtividade de grãos superior a 2.500 Kg/ha.

Dentre os genótipos utilizados como padrão, a linhagem 47 obteve maior produtividade média (2.481,66 Kg/ha), seguida pela cultivar Porto Real (2.433,38 Kg/ha). A LER com menor produtividade média foi a 169, com 846,39 Kg/ha. Apesar da média de produtividade de grãos dos genótipos utilizados como padrão ter superado a média geral de produtividade das LER (1.940,51 Kg/ha), percebe-se que as LER, de uma forma geral, apresentaram produtividades satisfatórias, considerando-se a produtividade média nacional.

Tabela 9 – Valores médios de cinco caracteres<sup>1/</sup> avaliados em 185 LER e quatro testemunhas<sup>2/</sup> de feijoeiro comum, cultivadas em Campos dos Goytacazes no ano de 2006

Genótipos	REND (Kg/ha)	PMG (g)	NDF	AIPV (cm)	L
140	2708,74 a	226,66 e	43,00 d	10,46 d	16,94 d
157	2670,04 a	226,66 d	43,33 d	9,20 d	18,47 d
81	2606,51 a	216,66 f	45,33 c	10,10 d	16,61 d
87	2592,92 a	215,00 f	45,00 c	11,60 c	14,93 d
183	2510,45 a	195,00 g	45,33 c	10,26 d	15,13 d
16	2501,73 a	230,00 e	43,33 d	12,50 d	15,43 d
T4	2481,66 a	256,66 d	42,66 d	9,72 d	15,85 d
174	2474,88 a	218,33 f	43,33 d	9,46 d	12,58 d
132	2463,46 a	286,66 d	40,33 e	8,40 d	13,63 d
9	2457,39 a	221,66 f	45,00 c	11,50 c	13,81 d
5	2453,99 a	220,00 f	45,00 c	13,26 b	15,12 d
161	2451,20 a	241,66 d	43,33 d	9,56 d	15,92 d
158	2442,23 a	203,33 d	44,33 d	9,20 d	16,64 d
T2	2433,38 a	256,66 d	41,71 e	9,02 d	56,40 a
71	2418,25 a	240,00 d	45,33 c	10,66 c	30,07 c
77	2410,76 a	228,33 d	44,66 c	9,13 d	27,62 c
74	2405,65 a	253,33 d	47,66 b	10,30 d	18,24 d
91	2404,18 a	235,00 e	45,33 c	10,80 c	31,24 c
159	2399,99 a	220,00 d	45,33 c	8,73 d	13,15 d
42	2399,63 a	236,66 e	46,33 c	11,53 c	13,74 d
80	2391,14 a	223,33 d	45,66 c	9,73 d	31,46 c
107	2389,94 a	228,33 d	48,00 b	9,40 d	17,59 d
88	2368,90 a	230,00 e	44,66 c	10,30 d	31,78 c
17	2367,03 a	221,66 d	42,66 d	9,40 d	15,74 d
172	2353,62 a	201,66 f	45,00 c	8,60 d	44,45 b
15	2344,21 a	226,66 e	44,33 d	12,66 b	15,94 d
137	2334,12 a	210,00 f	46,00 c	11,23 c	17,72 d

Tabela 9, Cont.

Genótipos	REND (Kg/ha)	PMG (g)	NDF	AIPV (cm)	L
<b>182</b>	<b>2331,83 a</b>	<b>213,33 f</b>	<b>45,33 c</b>	<b>10,90 c</b>	<b>13,72 d</b>
<b>3</b>	<b>2328,72 a</b>	<b>265,00 c</b>	<b>44,66 c</b>	<b>12,13 c</b>	<b>17,42 d</b>
<b>85</b>	<b>2320,04 a</b>	<b>228,33 f</b>	<b>43,33 d</b>	<b>9,80 c</b>	<b>27,56 c</b>
<b>10</b>	<b>2313,14 a</b>	<b>211,66 f</b>	<b>44,33 d</b>	<b>11,43 c</b>	<b>14,17 d</b>
<b>90</b>	<b>2299,12 a</b>	<b>205,00 d</b>	<b>44,33 d</b>	<b>8,86 d</b>	<b>31,20 c</b>
170	2291,12 a	201,66 f	44,33 d	8,93 d	44,78 b
166	2290,92 a	218,33 f	45,00 c	10,53 d	17,73 d
160	2288,04 a	193,33 g	45,33 c	10,16 d	16,38 d
64	2272,04 a	233,33 e	44,33 d	10,66 c	43,33 b
178	2262,23 a	223,33 f	42,66 d	9,96 d	17,84 d
162	2260,38 a	205,00 d	45,33 c	9,46 d	13,14 d
164	2258,00 a	223,33 d	43,33 d	9,36 d	14,35 d
110	2223,84 b	203,33 d	47,66 b	9,76 d	20,20 d
56	2222,53 b	225,00 e	46,33 c	10,53 d	16,07 d
33	2207,91 b	196,66 g	45,66 c	9,00 d	13,18 d
130	2207,32 b	280,00 d	43,00 d	9,46 d	14,75 d
181	2204,47 b	205,00 f	45,66 c	9,03 d	18,83 d
184	2201,84 b	213,33 f	44,00 d	10,60 c	17,48 d
102	2200,20 b	270,00 d	41,00 e	8,56 d	14,99 d
89	2196,92 b	230,00 e	46,00 c	11,13 c	29,84 c
28	2195,72 b	218,33 f	44,66 c	10,70 c	14,88 d
11	2192,03 b	216,66 f	45,00 c	11,73 c	15,23 d
6	2171,44 b	228,33 e	42,33 d	11,36 c	15,49 d
55	2170,42 b	185,00 g	46,66 b	9,66 d	13,80 d
141	2159,50 b	221,66 f	44,00 d	10,46 d	18,59 d
173	2148,75 b	193,33 g	43,33 d	8,00 d	14,81 d
92	2143,48 b	225,00 e	47,66 b	12,46 c	32,31 c
145	2138,45 b	241,66 d	44,33 d	9,93 d	15,90 d
112	2137,70 b	236,66 d	46,33 c	9,66 d	19,13 d
118	2128,59 b	215,00 d	47,00 b	8,93 d	29,21 c
156	2119,74 b	200,00 g	44,66 d	9,33 d	16,24 d
59	2114,17 b	218,33 h	46,66 b	9,46 d	18,75 d
83	2113,28 b	213,33 d	47,00 b	9,16 d	15,35 d
96	2109,77 b	236,66 e	46,00 c	9,80 d	29,50 c
57	2103,30 b	211,66 f	45,33 c	10,76 c	15,23 d
29	2091,29 b	203,33 f	47,33 b	11,63 c	15,85 d
99	2090,34 b	228,33 d	41,00 e	9,70 d	18,13 d
175	2082,57 b	195,00 g	43,33 d	8,56 d	51,21 a
68	2077,00 b	228,33 d	45,00 c	9,43	30,68 c
21	2067,15 b	218,33 f	46,33 c	9,80 d	16,67 d
48	2065,03 b	171,66 h	45,00 c	10,70 c	14,54 d
43	2061,90 b	218,33 f	46,00 c	10,46 d	14,69 d
84	2059,93 b	235,00 e	43,66 d	10,86 c	15,46 d

Tabela 9, Cont.

Genótipos	REND (Kg/ha)	PMG (g)	NDF	AIPV (cm)	L
38	2058,55 b	205,00 f	45,66 c	11,10 c	18,98 d
135	2056,03 b	198,33 g	44,33 d	10,33 d	14,67 d
148	2054,05 b	185,00 g	40,66 e	9,16 d	51,19 a
54	2052,34 b	185,00 g	47,33 b	11,20 c	17,87 d
105	2046,82 b	216,66 d	45,00 c	8,60 d	14,79 d
61	2046,03 b	198,33 g	45,33 c	10,13 d	14,74 d
49	2041,49 b	198,33 g	45,66 c	10,26 d	15,33 d
72	2040,92 b	195,00 g	46,66 b	11,23 c	31,34 c
69	2039,34 b	203,33 d	43,33 d	8,33 d	31,33 c
150	2035,46 b	290,00 d	42,66 d	8,83 d	16,72 d
36	2032,23 b	185,00 g	46,00 c	10,10 d	15,51 d
27	2029,14 b	221,66 f	45,00 c	11,20 c	15,32 d
39	2028,16 b	218,33 f	46,33 c	9,73 d	15,53 d
51	2026,61 b	201,66 f	44,66 c	10,26 d	16,77 d
78	2018,00 b	200,00 g	48,00 b	9,86 d	29,62 c
1	2017,02 b	201,66 d	43,66 d	7,90 d	29,16 c
106	2012,01 b	223,33 f	45,66 c	10,10 d	15,66 d
180	2005,92 b	206,66 f	45,00 c	8,83 d	14,69 d
101	2000,53 b	235,00 d	45,00 c	9,03 d	18,85 d
35	2000,43 b	188,33 g	46,66 b	9,46 d	15,39 d
52	1991,15 b	165,00 h	46,66 b	10,30 d	14,71 d
67	1985,54 b	233,33 e	45,66 c	10,06 d	31,90 c
T1	1979,28 b	195,53 g	44,99 d	9,31 d	15,60 d
177	1976,30 b	213,33 f	42,66 d	7,33 d	35,10 c
24	1974,98 b	210,00 f	42,00 e	11,13 c	18,21 d
22	1971,69 b	230,00 e	46,33 c	10,86 c	15,90 d
75	1964,61 b	230,00 e	44,66 c	10,70 c	16,00 d
116	1958,24 b	203,33 d	46,33 c	8,40 d	18,99 d
136	1956,38 b	211,66 f	43,33 d	9,76 d	17,34 d
139	1955,80 b	211,66 f	45,66 c	10,46 d	15,76 d
114	1949,98 b	220,00 d	46,33 c	8,03 d	16,64 d
30	1948,65 b	195,00 g	45,00 c	10,03 d	16,72 d
115	1945,07 b	235,00 d	44,00 d	8,76 d	14,84 d
12	1936,20 b	211,66 f	46,00 c	10,23 d	14,06 d
168	1934,32 b	216,66 f	43,33 d	9,70 d	19,65 d
20	1933,99 b	211,66 f	46,00 c	10,43 d	28,12 c
149	1917,29 b	203,33 d	44,66 b	7,70 d	19,34 d
34	1910,63 b	196,66 g	46,66 b	9,40 d	17,53 d
82	1896,37 c	241,66 d	44,66 c	11,80 c	15,21 d
19	1894,83 c	208,33 f	46,66 b	10,93 c	19,69 d
95	1891,84 c	251,66 d	45,33 c	10,16 d	26,31 c
176	1886,96 c	211,66 f	40,00 e	9,76 d	17,78 d
104	1879,37 c	223,33 d	49,00 a	9,16 d	15,36 d

Tabela 9, Cont.

Genótipos	REND (Kg/ha)	PMG (g)	NDF	AIPV (cm)	L
79	1865,23 c	255,00 d	45,00 c	10,03 d	26,56 c
131	1859,16 c	256,66 d	44,00 d	11,43 c	32,78 c
186	1849,12 c	220,00 f	44,00 e	10,33 d	14,75 d
165	1846,00 c	240,00 d	46,66 b	9,96 d	13,91 d
46	1839,81 c	216,66 f	45,00 c	9,70 d	13,88 d
13	1836,22 c	220,00 f	45,00 c	12,76 b	16,34 d
179	1826,54 c	183,33 g	45,33 c	9,50 d	16,96 d
14	1825,14 c	236,66 d	41,33 e	9,40 d	26,24 c
65	1824,31 c	203,33 f	47,66 b	10,80 c	31,84 c
155	1824,27 c	185,00 g	46,33 c	9,80 d	19,43 d
142	1819,27 c	220,00 f	44,33 d	10,86 c	17,09 d
146	1817,58 c	195,00 g	44,33 d	8,00 d	14,80 d
63	1816,39 c	163,33 h	48,00 b	8,96 d	19,18 d
167	1813,76 c	215,00 f	45,66 c	12,13 c	19,10 d
163	1802,43 c	203,33 d	46,00 b	8,60 d	14,14 d
109	1799,94 c	191,66 g	44,66 c	7,60 d	17,73 d
129	1798,84 c	221,66 d	40,00 e	9,63 d	18,14 d
185	1781,98 c	186,66 g	46,00 c	9,96 d	14,91 d
7	1771,33 c	230,00 e	43,33 d	11,53 c	16,99 d
25	1767,22 c	191,66 g	44,66 c	14,56 a	26,76 c
73	1767,01 c	203,33 f	48,66 a	11,20 c	28,66 c
58	1766,45 c	180,00 h	47,33 b	10,96 c	15,42 d
53	1758,61 c	211,66 f	44,33 d	10,26 d	15,99 d
153	1756,27 c	235,00 e	42,66 d	9,76 d	40,75 b
124	1754,89 c	233,33 d	44,00 d	9,66 d	20,50 d
T3	1750,98 c	203,31 f	44,66 c	8,37 d	15,84 d
154	1750,19 c	243,33 d	41,00 e	6,20 d	17,63 d
113	1740,63 c	216,66 f	46,00 c	11,30 c	16,82 d
66	1724,27 c	191,66 g	45,33 c	9,20 d	15,62 d
62	1717,84 c	186,66 g	47,00 b	10,90 c	17,75 d
100	1708,32 c	228,33 e	45,33 c	9,90 d	13,22 d
108	1707,47 c	191,66 g	44,00 d	11,06 c	16,52 d
32	1694,33 c	216,66 f	49,66 a	9,53 d	18,08 d
144	1693,96 c	205,00 d	45,33 d	9,66 d	16,45 d
97	1692,50 c	188,33 g	47,66 b	9,13 d	14,75 d
127	1687,57 c	268,33 d	45,33 c	9,43 d	15,95 d
40	1685,89 c	213,33 f	44,66 c	10,50 d	17,81 d
93	1656,43 c	200,00 g	46,66 b	12,83 b	30,27 c
86	1655,80 c	238,33 d	44,33 d	9,00 d	17,29 d
126	1655,55 c	270,00 c	44,66 c	9,93 d	16,65 d
31	1654,28 c	225,00 e	43,66 d	10,80 c	13,64 d
103	1630,07 c	213,33 f	47,33 b	11,66 c	16,20 d
119	1628,65 c	225,00 d	41,00 e	8,56 d	15,87 d

Tabela 9, Cont.

Genótipos	REND (Kg/ha)	PMG (g)	NDF	AIPV (cm)	L
121	1621,82 c	243,33 d	45,00 c	9,63 d	17,36 d
2	1614,12 c	216,66 f	46,33 d	10,96 c	25,73 c
41	1613,85 c	171,66 h	46,66 b	10,50 d	19,80 d
60	1607,52 c	171,66 d	49,66 a	8,73 d	18,29 d
152	1595,76 c	230,00 d	42,66 d	8,36 d	17,07 d
23	1592,22 c	208,33 f	43,66 d	13,20 b	15,99 d
8	1581,32 c	213,33 f	44,33 d	15,53 a	16,22 d
111	1553,93 c	201,66 f	50,00 a	10,26 d	18,90 d
94	1551,30 c	191,66 g	48,33 a	11,60 c	29,97 c
98	1548,16 c	241,66 d	43,00 d	9,16 d	18,61 d
125	1533,49 c	211,66 d	40,66 e	9,56 d	17,92 d
50	1533,17 c	195,00 g	45,66 c	10,46 d	16,55 d
44	1525,27 c	225,00 e	47,66 b	9,90 d	14,16 d
147	1524,09 c	256,66 d	42,00 e	8,73 d	16,29 d
45	1510,05 c	178,33 h	48,00 b	10,43 d	16,43 d
122	1499,56 c	208,33 d	47,00 b	9,20 d	17,31 d
138	1475,99 d	216,66 f	45,66 c	9,80 d	16,89 d
143	1473,62 d	198,33 g	45,66 c	10,20 d	16,69 d
37	1473,19 d	180,00 h	48,00 b	11,20 c	15,22 d
171	1440,59 d	188,33 g	39,00 e	6,93 d	16,83 d
76	1420,12 d	186,66 g	49,00 a	14,66 a	14,50 d
47	1388,75 d	171,66 h	46,33 c	10,60 c	16,90 d
26	1383,47 d	185,00 g	46,66 b	13,43 b	31,89 c
120	1378,79 d	270,00 d	41,00 e	8,03 d	12,77 d
133	1315,28 d	233,33 e	46,33 c	13,06 b	16,33 d
18	1263,71 d	196,66 g	45,00 c	8,50 d	13,25 d
123	1235,28 d	265,00 c	47,33 b	11,56 c	22,26 d
70	1200,62 d	186,66 g	47,66 b	9,36 d	32,23 c
151	1176,63 d	358,33 a	47,33 b	16,03 a	29,92 c
117	1074,40 d	301,66 b	47,66 b	11,46 c	16,18 d
134	1018,42 d	241,66 d	40,00 e	7,26 d	16,22 d
128	1008,31 d	238,33 e	49,00 a	15,56 a	15,66 d
169	846,39 d	290,00 d	39,00 e	8,80 d	35,57 c

As médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott & Knott a 1% de probabilidade. <sup>1/</sup> NDF: número de dias para florescimento; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; PMG: peso de mil grãos; REND: produtividade; e L: coloração do tegumento dos grãos.

<sup>2/</sup> T1: 'Xamego'; T2: 'Porto Real'; T3: 'Xodó' e T4: Linhagem 47.

#### 4.3. Coeficientes de correlação

As estimativas dos coeficientes e correlação genotípica, fenotípica e de ambiente são apresentadas na Tabela 10. Esses resultados mostram que houve

concordância de sinais nas correlações fenotípicas e genotípicas. Quando tais coeficientes apresentam o mesmo sinal, as variações genéticas e ambientais sofrem influência dos mesmos mecanismos fisiológicos (Falconer, 1987). Com relação às magnitudes, de um modo geral, as correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas. Tal fato não foi observado nas correlações entre as características NDF e REND e entre AIPV e L, indicando que a expressão fenotípica da associação entre estes caracteres é aumentada pelas influências do ambiente.

As correlações ambientais, envolvendo o caráter produtividade com os outros caracteres, em alguns casos, apresentaram diferenças de sinais e magnitudes superiores às genotípicas, principalmente o caráter PMG. Isto indica que a seleção indireta, baseada nos índices de correlação genotípica, seria prejudicada pela ação diferencial do ambiente sobre as variáveis envolvidas.

Todas as estimativas das correlações foram testadas pelo teste t ao nível de 1% e 5% de significância. Correlações positivas e significativas foram obtidas entre NDF e AIPV, isso implica que as LER que demoram a florescer, conseqüentemente, terão altura de inserção de primeira vagem mais elevada. Correlações significativas, porém negativas, também foram detectadas entre NDF e PMG. A estimativa da correlação ambiental entre produtividade e peso de mil grãos foi positiva e significativa, o que indica que estas características são favorecidas ou prejudicadas pelas mesmas causas de variações ambientais (Cruz et al., 2004). Coeficientes de correlação ambiental positivos também foram relatados por Coelho et al. (2002).

As demais estimativas de correlação foram não-significativas. É importante ressaltar que correlações fenotípicas refletem as relações observadas entre caracteres, provenientes dos efeitos combinados do genótipo e do ambiente (Nienhuis e Singh, 1986). Contudo, as correlações genotípicas podem ser decorrentes de ligação genética, pleiotropia ou de relações entre componentes que são apenas, indiretamente, a conseqüência da ação gênica (Adams, 1967). Desta forma, a não-significância das estimativas obtidas pode ser atribuída à ausência de tais fenômenos.

Tabela 10 – Estimativas de coeficientes de correlação genotípica ( $r_g$ ), fenotípica ( $r_f$ ) e ambiental ( $r_a$ ) entre cinco caracteres avaliados, em 185 LER de feijoeiro comum

Caracteres <sup>1/</sup>	Correlações	Caracteres <sup>1/</sup>			
		AIPV	PMG	REND	L
NDF	$r_g$	0,4363**	-0,3070**	-0,1012	-0,0473
	$r_f$	0,3447**	-0,2955**	-0,1035	-0,0439
	$r_a$	-0,1532*	-0,1506*	-0,1270	-0,0016
AIPV	$r_g$		0,1031	-0,1410	-0,0160
	$r_f$		0,0814	-0,1037	-0,0230
	$r_a$		-0,0600	0,0430	-0,0800
PMG	$r_g$			-0,0844	0,0337
	$r_f$			-0,0420	0,0303
	$r_a$			0,3247**	-0,0248
REND	$r_g$				0,0337
	$r_f$				0,0197
	$r_a$				-0,0959

<sup>1/</sup>NDF = número de dias para florescimento; AIPV = altura de inserção da primeira; PMG = peso de mil grãos; REND = produtividade; e L = coloração do tegumento dos grãos.

\*\* e \* Significativos ao nível de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

#### 4.4. Seleção de linhagens

De uma maneira geral, o fato de os genitores serem geneticamente divergentes contribuiu para a obtenção de genótipos superiores. Dos 11 cruzamentos efetuados (Tabela 3), apenas dois ('Caraota 260' x 'Ouro Negro' e 'Xamego' x 'Caraota 260') foram realizados com genitores próximos, ou seja, do mesmo agrupamento obtido pela análise de marcadores RAPD. Dos nove cruzamentos efetuados entre genótipos geneticamente divergentes, pela análise de RAPD, apenas os cruzamentos realizados tendo 'Manteigão Fosco 11' como genitor e o cruzamento entre 'BR – 1 Xodó' x 'Precoce 60 Dias' não geraram genótipos promissores.

Com base nas avaliações de produtividade de grãos foram identificadas 30 LER superiores (Tabela 9 – marcadas em negrito), que serão avaliadas em Ensaio Preliminar de Linhagens (EPL). Essas trinta LER selecionadas apresentam uma média de rendimento de grãos de 490 Kg/ha superior à média geral de LER (1.940,51 Kg/ha). A partir da estimativa do coeficiente de determinação genotípico, obtido para esse caráter (82,06%), é possível estimar que essas linhagens formarão uma população de EPL, com média geral de 2.343 Kg/ha, alcançando, deste modo, um ganho de 402 Kg/ha, o que corresponde a um incremento de 20,74% na média geral da população de LER original.

Como pode ser observado na Tabela 11, o conjunto das 185 LER avaliadas no presente estudo foi obtido a partir de 11 populações segregantes, sendo que 67,57% das LER são oriundas de apenas quatro populações. As populações 'Xamego' x 'Caraota 260' e 'Xodó' x 'Rico Pardo 896' tiveram participações semelhantes com 35 LER (18,92%) e 34 LER (18,38%), respectivamente. Na seqüência, está a população 'Moruna' x 'Rico 23' com 29 (15,67%) LER e a 'Xamego' x 'Rico Pardo 896' com 27 (14,6%) LER. As populações com participações menos expressivas foram as provenientes dos cruzamentos entre a cultivar Manteigão Fosco 11 com as cultivares Rico Pardo 896, Xamego e PI 207262, que contribuiriam com cinco, três e uma LER, respectivamente. As demais populações tiveram participações que variaram de 5,95% a 8,1% das LER testadas.

Observando-se os genitores individualmente (Tabela 12), verifica-se que houve uma maior contribuição das cultivares Rico Pardo 896 (35,68%) e Xamego (35,14%), seguidas pelas cultivares Caraota 260 (25,95%), BR – 1 Xodó (24,32%), Moruna (23,78%) e Rico 23 (22,16%). As demais cultivares participaram com 4,86% a 14,05% das LER testadas.

Analisando-se apenas o caráter produtividade de grãos, de um modo geral, as populações representadas por um maior número de LER foram também as que geraram as LER mais produtivas, com exceção da população 'Xamego' x 'Caraota 260', que teve um maior número de LER testadas, porém apenas uma mostrou-se superior. É importante ressaltar que tais genitores fazem parte do mesmo agrupamento obtido pela análise de marcadores RAPD, ou seja, não são geneticamente divergentes.

Tabela 11 – Cruzamentos efetuados entre genótipos de *Phaseolus vulgaris* L. e participação de cada população no conjunto das 185 linhagens endogâmicas recombinadas (LER) testadas e das 30 selecionadas

Cruzamento	LER testadas		LER selecionadas	
	Nº	%	Nº	%
BR -1 Xodó x Precoce 60 Dias	11	5,95	0	0
BR -1 Xodó x Rico Pardo 896	34	18,38	10	33,33
Caraota 260 x Ouro Negro	13	7,03	1	3,33
Manteigão Fosco 11 x Rico Pardo 896	5	2,70	0	0
Manteigão Fosco 11 x Xamego	3	1,62	0	0
Moruna x Rico 23	29	15,67	8	26,67
PI 207262 x Manteigão Fosco 11	1	0,54	0	0
PI 207262 x Rico 23	12	6,49	2	6,67
Precoce 60 Dias x Moruna	15	8,10	1	3,33
Xamego x Caraota 260	35	18,92	1	3,33
Xamego x Rico Pardo 896	27	14,60	7	23,33

Tabela 12 – Participação de cada genitor no conjunto das 185 linhagens endogâmicas recombinadas (LER) testadas e das 30 selecionadas

Genitor	LER testadas		LER Selecionadas	
	Nº	%	Nº	%
BR -1 Xodó	45	24,32	10	33,33
Caraota 260	48	25,95	2	6,67
Manteigão Fosco 11	9	4,86	0	0
Moruna	44	23,78	9	30
Ouro Negro	13	7,03	1	3,33
PI 207262	13	7,03	2	6,67
Precoce 60 Dias	26	14,05	1	3,33
Rico 23	41	22,16	10	33,33
Rico Pardo 896	66	35,68	17	56,67
Xamego	65	35,14	8	26,67

Como podem ser observados na Tabela 11, os cruzamentos que demonstraram maior capacidade específica de combinação foram 'BR – 1 Xodó' x 'Rico Pardo 896', 'Moruna' x 'Rico 23' e 'Xamego' x 'Rico Pardo 896', que contribuíram com dez (33,3%), oito (26,7%) e sete (23,3%) das LER selecionadas, respectivamente. Os demais cruzamentos mostraram uma menor capacidade específica de combinação. Quatro destes últimos cruzamentos não geraram LER superiores. O genitor Manteigão Fosco 11 está presente em três destes cruzamentos.

Observando-se a contribuição de cada genitor (Tabela 12), constata-se que 'Rico Pardo 896' demonstrou uma maior capacidade geral de combinação, constituindo a genealogia de 56,67% (17) das LER com desempenho superior. As cultivares BR – 1 Xodó e Rico 23 participam da genealogia de 33,33% das LER selecionadas, valores semelhantes os quais foram observados para os genitores 'Moruna' (30%) e 'Xamego' (26,67%). Vale ressaltar que 'BR – 1 Xodó', 'Xamego' e 'Rico 23' são materiais recomendados para cultivo no Estado do Rio de Janeiro, apresentando, portanto, adaptação para essa região. Os demais genitores tiveram participações menos expressivas.

A cultivar Rico Parco 896, além de contribuir com o maior número de LER avaliadas, foi também o genitor que apresentou o maior número de LER com produtividade de grãos superior.

## 5. RESUMO E CONCLUSÕES

Este trabalho teve como objetivos: a avaliação do potencial agronômico de 185 linhagens endogâmicas recombinadas de feijoeiro comum; a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais entre caracteres de interesse agronômico; e a seleção de linhagens superiores. A população estudada foi obtida pelo método SSD a partir de vários cruzamentos. Foi utilizado delineamento em blocos casualizados com arranjo em “sets”, com três repetições dentro de “sets”. Os principais caracteres avaliados foram: número de dias para florescimento (NDF), altura de inserção da primeira vagem (AIPV), peso de mil grãos (PMG), produtividade (REND) e coloração do tegumento dos grãos “L” (L). Diferenças significativas entre as linhagens foram detectadas para todos os caracteres em estudo. Correlações positivas significativas foram encontradas entre NDF e AIPV. Correlações negativas significativas foram detectadas entre NDF e PMG. Entre REND e PMG, foram obtidas correlações ambientais positivas significativas. Os coeficientes de determinação genotípicos ( $H^2$ ) foram superiores a 77% para todas as características. Os índices de variação ( $IV_g$ ) obtidos superaram a unidade em todos os casos avaliados. Quanto ao caráter produtividade de grãos, os valores médios obtidos para as 185 linhagens superaram a produtividade média nacional, variando de 846,39 Kg/ha a 2.708,74 Kg/ha. Das 185 linhagens avaliadas, 49 apresentaram produtividade média superior à média das testemunhas.

Com base nos resultados obtidos, foi possível concluir que: as linhagens endogâmicas recombinadas apresentam variabilidade para todas as características avaliadas, o que é essencial nos programas de melhoramento, pois permite a seleção e obtenção de linhagens superiores; as estimativas de coeficientes de determinação genotípicos foram elevadas para todos os caracteres, provavelmente em virtude da homozigose alcançada pela população; os valores de produtividade obtidos foram elevados comparados à média nacional; 26,48% das linhagens superaram a média das testemunhas e 6,48% ultrapassaram a cultivar mais produtiva; o caráter produtividade de grãos apresentou significância pela análise de variância, elevado coeficiente de determinação genotípico (82,06%) e índice de variação superior à unidade (1,23), permitindo, deste modo, a identificação de genótipos superiores; trinta linhagens promissoras foram selecionadas, as quais serão avaliadas em Ensaio Preliminar de Linhagens; e, o método SSD mostrou-se eficiente na obtenção de genótipos superiores no melhoramento da cultura do feijoeiro comum.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, A.F.B., Ramalho, M.A.P., Andrade, M.J.B., Pereira Filho, I.A. (1994) Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 29 (1):105-112.
- Adams, M.W. (1967) Basis of yield component compensation in crop plants with special reference to the field bean, *Phaseolus vulgaris*. *Crop Science*, 7 (5):505-510.
- Allard, R.W. (1971) *Princípios de melhoramento genético das plantas*. São Paulo: Edgar Blucer, 381p.
- Baldoni, A.B., Teixeira, F.F., Santos, J.B. (2002) Controle genético de alguns caracteres relacionados à cor da semente de feijão no cruzamento Rosinha X Esal 693. *Acta Scientiarum*, Maringá, 24 (5):1427-1431.
- Baldoni, A.B., Santos, J.B., Abreu, A.F.B. (2006) Melhoramento do feijoeiro comum visando à obtenção de cultivares precoces com grãos tipo 'Carioca' e 'Rosinha'. *Ciênc. agrotec.*, Lavras, 30 (1):67-71.
- Beebe, S., Skroch, P.W., Tohme, J., Duque, M.C., Pedraza, F., Nienhuis, J. (2000) Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle

- American origin based on correspondence analysis of RAPD. *Crop Science*, 40:264–273.
- Beebe, S., Rengifo, J., Gaitan, E., Duque, M.C., Tohme, J. (2001) Diversity and origin of Andean landraces of common bean. *Crop Science*, 41:854-862.
- Borém, A. (2001) *Melhoramento de Plantas*. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, Imprensa Universitária, 500p.
- Brady, L., Bassett, M.J., McClean, P.E. (1998) Molecular markers associated with *T* and *Z*, two genes controlling partly colored seed coat patterns in common bean. *Crop Science*, Madison, 38 (4):1073-1075.
- BRASIL (2001) Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Anexo IV. *Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão (Phaseolus vulgaris), para a inscrição no registro nacional de cultivares – RNC*.
- Brim, C.A. (1966) A modified pedigree method of selection in soybeans. *Crop Science*, Madison, 6:220.
- Coelho, A.D.F., Cardoso, A.A., Cruz, C.D., Araújo, G.A.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*, Santa Maria, 32 (2):211-216.
- Coimbra, J.L.M., Guidolin, A.F., Carvalho, F.I.F. (1999) Parâmetros genéticos do rendimento de grãos e seus componentes com implicações na seleção indireta em genótipos de feijão preto. *Ciênc. Rural*, Santa Maria, 29 (1):1-6.
- CONAB (2007) Avaliação da safra agrícola 2006/2007 – Sétimo Levantamento Abril/2007; <http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/7levsafra.pdf> em 07/05/07.
- Costa, J.G.C., Rava, C.A., Zimmermann, F.J.P. (2002) Comparação da eficiência de métodos de seleção em gerações segregantes de feijoeiro-comum

- considerando a resistência à antracnose e o rendimento. *Ciênc. agrotec.*, Lavras, 26 (2):244-251.
- Cruz, C.D. (2001) *Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística: versão Windows*. Viçosa: UFV.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 585p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J, Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 480p.
- Debouck, D.G. (1991) Systematics and morphology. *In: Schoonhoven, A. van, Voysest, O. (eds.) Common beans: Research for crop improvement*. C.A.B. Intl., Wallingford, UK e CIAT, Cali, Colômbia. p. 55–118.
- Debouck, D.G., Toro, O., Paredes, O.M., Johnson, W.C., Gepts, P. (1993) Genetic diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* (Fabaceae) in northwestern South America. *Economic Botany*, 47:408-423.
- EMBRAPA/CNPAF (2007) A cultura do feijoeiro – Embrapa Arroz e Feijão; <<http://www.cnpaf.embrapa.gov.br/pesquisa/feijão.html>> em 19/01/07.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV, 279p.
- Faleiro, F.G., Schuster, I., Ragagnin, V.A., Cruz, C.D., Corrêa, R.X., Moreira, M.A., Barros, E.G. (2003) Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes e mapeamento de locos de características quantitativas associados a ciclo e produtividade do feijoeiro-comum. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, 38(12):1387-1397.
- FAO (2004) Production Yearbook; <http://www.faostat.fao.org/faostat.html> em 19/01/07.

- Federizzi, L.C. (1998) Estrutura de um programa de melhoramento de plantas e possíveis aplicações de marcadores moleculares: Visão do melhorista. *In: Marcadores moleculares em plantas*. Porto Alegre, p. 3-17.
- Fehr, W.R. (1987) *Principles of cultivar development*. New York: Macmillan Publishing Company, 536p.
- Ferreira, C.M., Del Peloso, M.J., Faria, L.C. (2002) *Feijão na economia nacional*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa-CNPAP, 47p. (Documentos, 135).
- Fonseca, J.R. (1993) *Emprego da análise multivariada na caracterização de germoplasma de feijão (Phaseolus vulgaris L.)*. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras - UFLA, 123p.
- Freyre, R., Rios, R., Guzmán, L., Debouck, D.G., Gepts, P. (1996) Ecogeographic distribution of *Phaseolus* spp. (Fabaceae) in Bolivia. *Economic Botany*, 50 (2):192-215.
- Gepts, P., Debouck, D.G. (1991) Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *In: Schoonhoven, A. van, Voysest, O. (eds.) Common beans: research for crop improvement*. C.A.B. Intl., Wallingford, UK e CIAT, Cali, Colômbia, p. 7–53.
- Gepts, P. (2005) Management of germplasm and pre-breeding in common bean. *VIII Congresso nacional de pesquisa de feijão*. Goiânia, p. 1200-1210.
- Kami, J., Velásquez, V.B., Debouck, D.G., Gepts, P. (1995) Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in *Phaseolus vulgaris*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 92:1101–1104.
- Kelly, J.D., Kolkman, J.M., Schneider, K. (1998) Breeding for yield in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica*, 102:343-356.
- Krause, W. (2005) *Alternativas para melhorar a eficiência dos experimentos de valor de cultivo e uso (VCU) na cultura do feijoeiro*. Dissertação (Mestrado em

- Genética e Melhoramento de Plantas) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 63p.
- Londero, P.M.G., Ribeiro, N.D., Cargnelutti Filho, A., Rodrigues, J.A., Antunes, I.F. (2006) Herdabilidade dos teores de fibra alimentar e rendimento de grãos em populações de feijoeiro. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, 41 (1):51-58.
- McClellan, P.E., Lee, R.K., Otto, C., Gepts, P., Bassett, M.J. (2002) Molecular and phenotypic mapping of genes controlling seed coat pattern and color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *The Journal of Heredity*, 93 (2):147-152.
- Machado, C.F., Santos, J.B., Nunes, G.H.S. (2000) Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência avaliada a partir de caracteres morfo-agronômicos. *Bragantia*, Campinas, 59 (1):11-20.
- Marques Júnior, O.G., Ramalho, M.A.P. (1995) Determinação da taxa de fecundação cruzada de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) nas diferentes épocas de semeadura em Lavras-MG. *Ciência e Prática*, Lavras, 19 (3):339-341.
- Melo, L.C., Lemes, G.C., Peloso, M.J., Faria, L.C., Costa, J.G.C., Rava, C.A., Diaz, J.L.C., Abreu, A.F.B., Carvalho, H.W.L., Teixeira, M.G., Warwick, D.R.N., Pereira Filho, I.A., Zimmermann, F.J.P. (2005) *Estimativas de parâmetros genéticos, estabilidade e adaptabilidade no programa de melhoramento do feijoeiro comum da Embrapa Arroz e Feijão*. Santo Antonio de Goiás: Embrapa-CNPAF, 31p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 13).
- Morais, L.K., Carbonell, S.A.M., Pinheiro, J.B., Fonseca Júnior, N.S., Brasil, E.M. (2001) Avaliação de cultivares de feijoeiro, *Phaseolus vulgaris* L., sob diferentes espaçamentos. *Acta Scientiarum*, Maringá, 23 (5):1199-1203.
- Nienhuis, J., Singh, S.P. (1986) Combining ability analyses and relationships among yield, yield components, and architectural traits in dry bean. *Crop Science*, 26:21-27.

- Nunes, G.H.S., Santos, J.B., Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B. (1999) Seleção de famílias de feijão adaptadas às condições de inverno do sul de Minas Gerais. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, 34 (11):2051-2058.
- Oliveira, V.P.S. (1996) *Avaliação do sistema de irrigação por sulco da fazenda do alto, em Campos dos Goytacazes, RJ*. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 95p.
- Parrella, N.N.L.D. (2006) *Seleção de famílias de feijão com resistência à antracnose, produtividade e tipo de grão carioca*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras - UFLA, 50p.
- Pimentel-Gomes, F., Garcia, C.H. (2002) *Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para o uso de aplicativos*. Piracicaba: FEALQ, 309p.
- Pinto, R.J.B. (1995) *Introdução ao melhoramento genético de plantas*. Maringá: Editora da UEM, 275p.
- Ramalho, M.A.P., Santos, J.B., Zimmermann, M.J.O. (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: Ed. da UFG, 271p.
- Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B. (1998) Cultivares. *In: Vieira, C., Paula Jr., T.J., Borém, A. (eds.) Feijão - Aspectos gerais e cultura no Estado de Minas*. Viçosa: Editora UFV, p. 435-449.
- Ramalho, M.A.P., Santos, J.B., Pinto, C.A.B.P. (2000) *Genética na Agropecuária*. Lavras: UFLA, Imprensa Universitária, 472p.
- Ramalho, M.A.P. (2001) Melhoramento genético de plantas no Brasil: situação atual e perspectivas, CD-ROM dos anais do Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, Goiânia: Embrapa.

- Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B., Santos, J.B. (2001) Melhoramento de espécies autógamas. *In: Nass, L.L., Valois, A.C.C., Melo, I.S., Valadares-Inglis, M.C. (eds.). Recursos genéticos e melhoramento: plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, p. 201-230.
- Raposo, F.V. (1999) *Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Lavras - MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 72p.
- Raposo, F.V., Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B. (2000) Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, 35 (10):1991-1997.
- Ribeiro, N.D., Possebon, S.B., Storck, L. (2003) Progresso genético em caracteres agronômicos no melhoramento do feijoeiro. *Ciência Rural*, Santa Maria, 33 (4):629-633.
- Ribeiro, N.D., Jost, E., Cargnelutti Filho, A. (2004) Efeitos da interação genótipo x ambiente no ciclo e na coloração do tegumento dos grãos do feijoeiro comum. *Bragantia*, Campinas, 63 (3):373-380.
- Santos, J.B., Vencovsky, R. (1986) Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, 21 (9):957-963.
- Santos, J.B., Gavilanes, M.L. (1998) Botânica. *In: Vieira, C., Paula Júnior, T.J., Borém, A. (eds.) Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas Gerais*. Viçosa: Editora UFV, p. 55–81.
- Santos, P.S.J., Abreu, A.F.B., Ramalho, M.A.P. (2002) Seleção de linhas puras no feijão 'carioca'. *Ciênc. agrotec.*, Lavras, Edição Especial, 1492-1498.
- Schoonhoven, A. van, Voysest, O. (1991) *Common beans: research for crop improvement*. C.A.B. Intl., Wallingford, UK e CIAT, Cali, Colômbia, 980p.

- Silva, H.T., Costa, A.O. (2003) *Caracterização botânica de espécies silvestres do gênero Phaseolus L. (Leguminosae)*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa-CNPAF, 40p. (Documentos, 156).
- Silva, H.T. (2005) *Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (Phaseolus vulgaris L.)*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa-CNPAF, 32p. (Documentos, 184).
- Singh, S.P., Gepts, P., Debouck, D.G. (1991a) Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 45:379–396.
- Singh, S.P., Gutiérrez, J.A., Molina, A., Urrea, C., Gepts, P. (1991b) Genetic diversity in cultivated common beans: II. Markers based analysis of morphological and agronomic traits. *Crop Science*, 31:23-29.
- Singh, S.P., Molina, A. (1996) Inheritance of crippled trifoliolate leaves occurring in interracial crosses of common bean and its relationship with hybrid dwarfism. *The Journal of Heredity*, 87(6):464–469.
- Singh, S.P. (2001) Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. *Crop Science*, Madison, 41 (6):1659-1675.
- Steel, R.G.D., Torrie, J.H. (1980) *Principles and Procedures of Statistics*. 2. ed. New York: McGraw-Hill Book Company, 833p.
- Teixeira, F.F., Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B. (1995) Estimativa do número de genes envolvidos no controle da floração do feijoeiro usando a metodologia de Jinks e Towey. *Ciência e Prática*, Lavras, 19 (3):335-338.
- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica aplicada ao fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p.
- Vieira, C., Borém, A., Ramalho, M.A.P. (1999) Melhoramento do Feijão. In: Borém, A. (ed.) *Melhoramento das espécies cultivadas*. Viçosa: Editora UFV, p. 273-349.

- Yokoyama, L.P., Banno, K., Dluthcoski, J. (1996) Aspectos socioeconômicos da cultura do feijão. *In: Araújo, R.S., Rava, C.A., Stone, L.F., Zimmermann, M.J.O. (eds.) Cultura do feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: POTAFOS, p. 1-20.
- Yokoyama, L.P. (2002) *Tendências de mercado e alternativas de comercialização do feijão*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 4p. (Comunicado Técnico, 43).
- Zimmermann, M.J.O., Carneiro, J.E.S., Del Peloso, M.J., Costa, J.G.C., Rava, C.A., Sartorato, O.A., Pereira, P.A.A. (1996) Melhoramento genético e cultivares. *In: Araújo, R.S., Rava, C.A., Stone, L.F., Zimmermann, M.J.O. (eds.) Cultura do feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: POTAFOS, p. 224-273.
- Zizumbo-Villarreal, D., Marín, P.C.G., Cruz, E.P., Delgado-Valerio, P., Gepts, P. (2005) Population structure and evolutionary dynamics of wild-weedy-domesticated complexes of common bean in a mesoamerican region. *Crop Science*, 45:1073-1083.