

FELIPE VICENTINO SALVADOR

**SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO:
OTIMIZAÇÃO DAS ETAPAS DE SELEÇÃO E RECOMBINAÇÃO DE
PROGÊNIES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Magister Scientiae.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2018

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa

T

S182s
2018 Salvador, Felipe Vicentino, 1992-
Seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro :
otimização das etapas de seleção e recombinação de progênies /
Felipe Vicentino Salvador. – Viçosa, MG, 2018.
viii, 74 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Feijão. 2. Modelos multiníveis (Estatísticas). 3. Feijão -
Melhoramento genético. 4. Feijão - Seleção. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa
de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

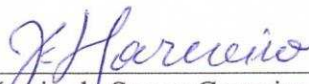
CDD 22. ed. 635.652

FELIPE VICENTINO SALVADOR

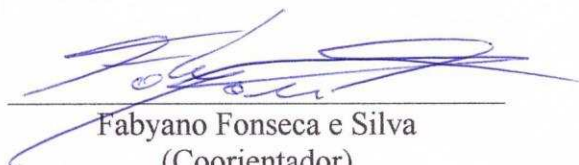
**SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO:
OTIMIZAÇÃO DAS ETAPAS DE SELEÇÃO E RECOMBINAÇÃO DE
PROGÊNIES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 24 de julho de 2018.



José Eustáquio de Souza Carneiro
(Coorientador)



Fabyano Fonseca e Silva
(Coorientador)



Fabiana Silva de Souza



Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Orientador)

"O bom Deus não poderia me
inspirar sonhos irrealizáveis"

Santa Teresinha

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, pelas infinitas graças concedidas e por me acompanhar em todos os momentos.

Aos meus pais Luís e Ângela, pelo amor, exemplo, suporte e todos os conselhos e ensinamentos durante a caminhada da vida.

Aos meus irmãos Gabriel e Renata, pelo apoio e carinho em todos os momentos.

À minha noiva Natália, por todo amor, carinho, companheirismo e dedicação incondicionais, pela paciência em me ouvir e por ser minha fonte de paz e coragem em qualquer instante que precisei.

A todos os meus demais familiares, por todo apoio e carinho.

A todos os professores que contribuíram para a minha formação profissional, desde aqueles que me ensinaram a ler e a escrever aos da pós-graduação.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PPGGM) pela estrutura e oportunidade de realizar o mestrado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo apoio financeiro com a concessão de bolsa de estudos.

Ao professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro, por toda a disponibilidade e dedicação ao me orientar, pelos conhecimentos transmitidos, além de toda a amizade e convivência.

Ao professor José Eustáquio de Souza Carneiro, por todos os ensinamentos transmitidos e treinamento quanto à maneira de conduzir um programa de melhoramento de plantas.

Ao professor Fabyano Fonseca e Silva, pelas importantes contribuições para este trabalho.

À doutora Fabiana Silva de Souza, pela disponibilidade e sugestões para enriquecer este trabalho.

Aos colegas do Programa Feijão, por toda ajuda na condução dos experimentos, pela amizade, convivência e oportunidade de aprender com todos.

Aos funcionários do laboratório Pereira e Gilberto, além daqueles da estação experimental de Coimbra-MG, Sebastião, Beto, Carlinhos, Potoca, Nilson, Fonseca e Douglas, por todo auxílio na realização dos experimentos.

Aos funcionários da secretaria do PPGGM, Marco Tulio e Odilon, por toda a disponibilidade e assistência.

A todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho e para a minha formação profissional.

MUITO OBRIGADO!

BIOGRAFIA

FELIPE VICENTINO SALVADOR, filho de Luís Paulo Salvador e Ângela Maria Vicentino Salvador, nasceu em Barbacena, Minas Gerais, Brasil, em 14 de agosto de 1992.

Em março de 2007, iniciou o ensino médio integrado ao curso técnico em agropecuária no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sudeste de Minas Gerais, campus Barbacena, obtendo o título de Técnico em Agropecuária em dezembro de 2009.

Em março de 2010, ingressou no curso de graduação em Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, obtendo o título de Engenheiro Agrônomo em julho de 2016.

Em agosto de 2016, iniciou os estudos de pós-graduação no curso de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da UFV, submetendo-se à defesa de dissertação em julho de 2018.

SUMÁRIO

| | Página |
|--|--------|
| RESUMO | vii |
| ABSTRACT | viii |
| INTRODUÇÃO GERAL | 1 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 6 |
| | |
| CAPÍTULO I - Seleção de progênies de feijoeiro a partir de estrutura aninhada às populações de origem | 9 |
| 1. Resumo..... | 10 |
| 2. Abstract | 11 |
| 3. Introdução | 12 |
| 4. Material e métodos | 14 |
| 5. Resultados e discussão | 24 |
| 6. Conclusões | 42 |
| 7. Referências bibliográficas | 43 |
| | |
| CAPÍTULO II - Otimização da etapa de recombinação de progênies em programas de seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro | 46 |
| 1. Resumo..... | 47 |
| 2. Abstract | 48 |
| 3. Introdução | 49 |
| 4. Material e métodos | 51 |
| 5. Resultados e discussão | 55 |
| 6. Conclusões | 71 |
| 7. Referências bibliográficas | 72 |
| | |
| CONCLUSÕES GERAIS | 74 |

RESUMO

SALVADOR, Felipe Vicentino, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2018. **Seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro: otimização das etapas de seleção e recombinação de progênies.** Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Coorientadores: José Eustáquio de Souza Carneiro e Fabyano Fonseca e Silva.

Os objetivos deste trabalho foram propor estratégias visando otimizar as etapas de seleção e recombinação de progênies em programas de seleção recorrente de plantas autógamas, aplicando-as no melhoramento do feijoeiro. Para isso, 380 progênies endogâmicas oriundas de 20 diferentes populações do ciclo I do programa de seleção recorrente para porte de feijão carioca da Universidade Federal de Viçosa foram avaliadas em dois ambientes, inverno de 2012 (progênies F_{2:3}) e seca de 2014 (progênies F_{2:4}), quanto aos caracteres arquitetura de plantas (ARQ), produtividade (PROD) e aspecto comercial de grãos tipo carioca (AG). Na predição dos valores genotípicos das progênies foi utilizada a estrutura aninhada de progênies às suas populações de origem. Na seleção das progênies, visando a extração de linhagens superiores e a recombinação, foi utilizado o índice FAI-BLUP. Observou-se variabilidade genotípica tanto entre quanto dentro das populações para os três caracteres nos dois ambientes considerados, justificando o uso da estrutura aninhada às populações de origem. Trinta e oito progênies, oriundas de sete populações diferentes, foram selecionadas apresentando ganhos médios preditos de -3,8%, 4,8% e -20,1% para ARQ, PROD e AG, respectivamente. As progênies selecionadas apresentaram diversidade genética tanto para os caracteres avaliados quanto ambientes testados, o que indica maior chance de sucesso de alguma linhagem extraída dessas progênies apresentar maior adaptabilidade em outros ambientes. Das 38 progênies selecionadas, 19 apresentaram ganhos em sentido favorável para as três características, sendo de elevado potencial para extração de linhagens superiores. Entretanto, nenhuma progênie apresentou ganho máximo predito para as três características, indicando a necessidade de recombinação para dar continuidade ao programa de seleção recorrente. A estratégia proposta para otimizar a recombinação das progênies de maior potencial, oriundas de cada população, priorizou tanto a diversidade genética quanto o desempenho médio das populações a serem obtidas no ciclo II, com ganhos preditos em sentido e magnitude favoráveis para a maioria das variáveis nas combinações recomendadas. As metodologias propostas mostraram-se promissoras visando otimizar as etapas de seleção e recombinação de progênies em programas de seleção recorrente do feijoeiro e de outras plantas autógamas.

ABSTRACT

SALVADOR, Felipe Vicentino, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2018. **Recurrent selection in common bean breeding: optimization of progeny selection and recombination stages.** Adviser: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Co-advisers: José Eustáquio de Souza Carneiro and Fabyano Fonseca e Silva.

The objectives of this study were to propose strategies to optimize selection and recombination stages in recurrent selection programs for autogamous species, here applied to common bean breeding. With this in mind, 380 inbred progenies from 20 different populations of first cycle of common bean recurrent selection program from Universidade Federal de Viçosa (UFV) were evaluated at two environments, winter growing season of 2012 ($F_{2:3}$ progenies) and dry growing season of 2014 ($F_{2:4}$ progenies). The evaluated traits were: plant architecture (ARQ), grain yield (PROD) and appearance of carioca-type grains (AG). For prediction of progenies genotypic values, a nested structure of progenies within original populations was utilized. For progeny selection, aiming to obtain superior inbred lines as well as progeny recombination, FAI-BLUP index was used. Genotypic variability was observed within and among populations concerning all traits and environments evaluated, which justifies the adoption of the nested structure of progenies within populations. Thirty-eight progenies, from seven different populations, were selected with mean predicted genotypic gains of -3,8%, 4,8% and -20,1% for ARQ, PROD and AG, respectively. Genetic diversity was observed among the selected progenies for both considered environments, which increases the possibility to obtain any inbred line with greater adaptability to other environments. For 19 out of the 38 selected progenies were observed genotypic gains in favorable direction for all three traits. Therefore, these 19 progenies have great potential for the obtainment of superior inbred lines. However, maximum values of predicted gains for all traits were not observed, simultaneously, for none of the selected progenies, which indicates that recombination is necessary to continue the recurrent selection program. The proposed strategy to optimize the recombination of progenies of greatest potential of each population prioritized both genetic diversity and mean performance of the populations in the second cycle of recurrent selection program. Favorable magnitudes and directions for predicted genotypic gains were observed for most of the considered variables during crossing orientation. The proposed methodologies to optimize progeny selection and recombination stages are promising strategies for recurrent selection programs of common bean and other autogamous species.

INTRODUÇÃO GERAL

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) destaca-se por sua importância econômica e social sendo considerado um alimento básico para as populações de diversas nações, em especial aquelas em desenvolvimento (SCHMUTZ et al., 2014). Neste contexto, esta espécie atua como importante fonte de proteína, além de fornecer vitaminas, fibras e minerais (DE LA FUENTE et al., 2011). Quando combinado com cereais, garantem refeições balanceadas como fontes proteica e energética (HNATUSZKO-KONKA et al., 2014).

No cenário mundial, o Brasil figura entre os maiores produtores de feijão-comum (FAO, 2016). Segundo dados da EMBRAPA Arroz e Feijão (2018), no ano de 2016, a área plantada no país com feijão-comum foi de 1.558.911 hectares, com uma produção total de 2.246.082 toneladas e uma produtividade média de 1.441 kg ha⁻¹. O País é também o maior consumidor de feijão-comum, com estimativa de consumo per capita, em 2011, de aproximadamente 18 kg ano⁻¹ (BORÉM e CARNEIRO, 2015). A preferência do consumidor por determinado tipo de grão varia de acordo com a região, o que determina o tipo de grão produzido pelos agricultores. Dentre os principais tipos de feijão-comum produzidos no Brasil, o "carioca" é o mais cultivado e representa aproximadamente 79% do total consumido pela população brasileira (CARNEIRO et al., 2012).

No Brasil, o cultivo do feijoeiro tem sido praticado de forma predominante por pequenos e médios agricultores, por meio, principalmente, de mão de obra familiar e sem aporte intenso de tecnologia (MOURA e BRITO, 2015). No entanto, segundo Vieira et al. (2005), a partir da década de 1980, maior aporte tecnológico passou a ser implementado com o interesse de grandes produtores na cadeia produtiva do feijoeiro por meio, por exemplo, do uso da irrigação e balanceamento na utilização de insumos. Diante dessas mudanças, os melhoristas do feijoeiro têm empenhado esforços no

desenvolvimento de novas cultivares com porte ereto, uma vez que possibilitam a colheita mecanizada com menores perdas (MELO et al., 2010; RAMALHO et al., 2016). Além disto, plantas eretas associam outras vantagens dentre as quais podem ser citadas o favorecimento da mecanização dos tratos culturais, a melhor qualidade dos grãos, em especial se colhidos em épocas com excesso de chuva, além de minimizar condições favoráveis para a ocorrência de doenças, tais como o mofo-branco (TEIXEIRA et al., 1999; PIRES et al., 2014).

A arquitetura da planta do feijoeiro é definida por uma série de características morfológicas. Algumas delas são o hábito de crescimento, podendo ser determinado ou indeterminado, e o porte da planta. Em geral, os programas de melhoramento do feijoeiro que visam a melhoria da arquitetura das plantas têm buscado o desenvolvimento de cultivares com plantas do tipo II, que se caracterizam por hábito de crescimento indeterminado, porte ereto e maior altura de inserção da primeira vagem, sendo portanto, mais apropriadas à colheita com máquinas (SILVA e WANDER, 2015).

Além da arquitetura de plantas, outros caracteres como o potencial de produção e a qualidade comercial dos grãos são muito importantes de serem considerados. (RAMALHO e ABREU, 2015). No caso do feijão carioca, a adoção de uma nova cultivar pelos produtores é muito dependente do aspecto dos grãos, e segundo estes mesmos autores, especial atenção deve ser dada ao tamanho, formato, brilho e cor do fundo e das rajas marrons, uma vez que estes atributos devem atender ao padrão de mercado. Verifica-se, portanto, que no desenvolvimento de novas cultivares de feijoeiro várias características tem sido levadas em consideração, tornando o processo seletivo multicaracterístico. Estimativas de progresso genético descritas na literatura ressaltam resultados satisfatórios para vários caracteres já alcançados por programas de melhoramento de feijoeiro (FARIA et al., 2013; BARILI et al., 2016).

Com o objetivo de combinar os fenótipos favoráveis de várias características de interesse nos genótipos desenvolvidos, os melhoristas enfrentam muitas dificuldades ao praticar a seleção. Uma delas é a grande quantidade de genes responsáveis pelo controle de tais caracteres, além da influência do ambiente em suas expressões (CUNHA, RAMALHO e ABREU, 2005). Nesses casos, para aumentar a eficiência da seleção pode ser adotada a avaliação de progênies (BERNARDO, 2010). Outro aspecto importante é que os alelos que conferem os fenótipos favoráveis dessas diferentes características de interesse não se encontram em um único genitor (SILVA et al., 2013), sendo, muitas vezes, necessária a inclusão de vários genitores nos blocos de cruzamentos para a obtenção das populações segregantes. Desta forma, torna-se reduzida a probabilidade de seleção de indivíduos superiores com relação a vários caracteres em apenas um ciclo de seleção.

Diante das dificuldades citadas, uma alternativa que vem sendo utilizada com sucesso é a estratégia de seleção recorrente. Esta estratégia se baseia no método de melhoramento por hibridação e envolve as etapas de obtenção da população base seguida da avaliação de indivíduos ou progênies e, posterior seleção e recombinação dos indivíduos ou progênies superiores, visando a formação da população segregante do ciclo seguinte. Assim, o aumento da frequência de alelos favoráveis ocorre por etapas (ACQUAAH, 2007; RAMALHO et al.; 2012; BORÉM e MIRANDA, 2013). Segundo Ramalho et al. (2012), a possibilidade de extração de novas linhagens superiores e da inclusão ou substituição de genitores a cada ciclo, são outras vantagens conferidas pela utilização desta técnica. Estimativas de progresso genético para diversos caracteres de interesse no melhoramento do feijoeiro com a utilização da seleção recorrente têm sido reportadas na literatura (RAMALHO, ABREU e SANTOS, 2005; ARANTES, ABREU e RAMALHO, 2010; MENEZES JÚNIOR et al. 2013; ALVES et al., 2015).

Com relação às etapas envolvidas em cada ciclo de um programa de seleção recorrente, Ramalho et al. (2012) recomendam que a medida que populações segregantes são obtidas de hibridações direcionadas em cada ciclo se proceda a seleção dos indivíduos ou progênes superiores. As etapas de avaliação e seleção, visando a recombinação ou a extração de linhagens superiores, podem ser realizadas de maneira fenotípica, quando envolvem caracteres de elevada herdabilidade ou, por meio de progênes, se são considerados caracteres muito influenciados pelo ambiente (RAMALHO et al., 2012). Neste último caso, recomenda-se que a seleção seja baseada em experimentos com repetições e avaliações em vários ambientes, de acordo com a possibilidade (VELLO e NAZATO, 2017).

Tanto no melhoramento do feijoeiro quanto no de outras espécies autógamas, muitas populações segregantes são obtidas pelo cruzamento de várias linhagens previamente escolhidas como fonte de alelos favoráveis para os caracteres de interesse, objetivando a prática da seleção (BRESEGHELLO e COELHO, 2013; RESENDE et al., 2016). Neste sentido, considerando o melhoramento de caracteres quantitativos, progênes oriundas destas populações são avaliadas em mais de um ambiente (safras, anos e locais) e em diferentes gerações de endogamia (BATISTA et al., 2017) e a etapa de seleção envolve tanto a comparação de progênes originadas de uma mesma população como a comparação de progênes oriundas de populações diferentes. Desta forma, metodologias como as de modelos mistos (HENDERSON, 1959), que contemplem de forma mais adequada essas peculiaridades, com a finalidade de se obter estimativas mais acuradas dos valores genotípicos das progênes, são promissoras para se alcançar maior eficiência no processo seletivo.

Em relação à etapa de recombinação, Bearzoti (1997) sugeriu um esquema pré-determinado de cruzamentos entre 20 linhagens ou progênes, que são cruzadas cada uma com outras duas, em esquema de dialelo circulante, de forma a manter em 20 o

número total de populações obtidas em cada ciclo. Por meio desta estrutura, ao menos nos primeiros ciclos, não são repetidos pais na genealogia das populações e o número de pais contribuindo nas populações é aumentado a cada ciclo seletivo (RAMALHO et al., 2012). No entanto, esta metodologia não considera nenhuma informação do desempenho médio das populações a serem obtidas para orientar os cruzamentos. Neste sentido, os objetivos com este trabalho foram propor estratégias que otimizem tanto a seleção quanto a recombinação de progênies superiores em programa de seleção recorrente de plantas autógamas, com aplicação no melhoramento do feijão-comum.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ACQUAAH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. Blackwell Publishing, 2007. 569 p.
- ALVES, A. F. et al. Genetic progress and potential of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 4, p. 218–226, 2015.
- ARANTES, L. D. O.; ABREU, Â. D. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 2007, p. 232–237, 2010.
- BARILI, L. D. et al. Genetic progress resulting from forty-three years of breeding of the carioca common bean in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, p. 1–11, 2016.
- BATISTA, L. G. et al. Multigeneration Index in the Selection of Common Bean Inbred Families. **Crop Science**, v. 57, n. 5, p. 2354-2360, 2017.
- BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 1997. 230 f. Tese (Doutorado em agronomia - Genética e melhoramento de plantas). Universidade de São Paulo, São Paulo, 1997.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury, MN: Stemma Press, 2010. 390p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523p.
- BORÉM, A.; CARNEIRO, J. E. S. A cultura. In: CARNEIRO, J. E. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. p. 9-15.
- BRESEGHELLO, F.; COELHO, A. S. G. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 61, n. 35, p. 8277–8286, 2013.
- CARNEIRO, J. E. S. et al. BRSMG Madrepérola: Common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 4, p. 281–284, 2012.
- CUNHA, W. G.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B. Selection aiming at upright growth habit common bean with carioca type grains. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 379–386, 2005.
- DE LA FUENTE, M. et al. 2-DE-based proteomic analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seeds. **Journal of Proteomics**, v. 74, n. 2, p. 262–267, 2011.
- EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados de conjuntura da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2016)**. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>.

Acesso em 22 de junho de 2018.

FAO. **FAOSTAT. Countries by commodity** (Última atualização: 2016). Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries_by_commodity>. Acesso em: 07 de julho de 2018.

FARIA, L. C. et al. Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crops Research**, v. 142, p. 68–74, 2013.

HENDERSON, C. R. et al.. The Estimation of Environmental and Genetic Trends from Records Subject to Culling. **Biometrics**, v. 15, n. 2, p. 192-218, 1959.

HNATUSZKO-KONKA, K. et al. Phaseolus vulgaris - Recalcitrant potential. **Biotechnology Advances**, v. 32, n. 7, p. 1205–1215, 2014.

MELO, L. C. et al. BRS Estilo - common bean cultivar with carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 377–379, 2010.

MENEZES JÚNIOR, J. Â. N. DE et al. Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n. 1, p. 41–48, 2013.

MOURA, A. D.; BRITO, L. M. Aspectos socioeconômicos. In: CARNEIRO, J. E. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. p. 16-36.

PIRES, L. P. M. et al. Recurrent mass selection for upright plant architecture in common bean. **Scientia Agricola**, v. 71, n. 3, p. 240–243, 2014.

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

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Obtenção de cultivares. In: CARNEIRO, J. E.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: Ed. UFV, 2015. p. 96-114.

RAMALHO, M. A. P. et al. BRSMG Uai: Common bean cultivar with carioca grain type and upright plant architecture. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 3, p. 261–264, 2016.

SCHMUTZ, J. et al. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, v. 46, n. 7, p. 707–713, 2014.

SILVA, G. S. et al. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 299–304, 2008.

SILVA, V. M. P. E et al. Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, v. 70, n. June, p. 167–175, 2013.

SILVA, J. G.; WANDER, A. E. Colheita do feijão. In: CARNEIRO, J. E. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. p. 327-355.

TEIXEIRA, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Genetic control of plant architecture in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Genetics and Molecular Biology**, v. 22, n. 4, p. 577–582, 1999.

VELLO, N. A.; NAZATO, F. M. Seleção recorrente. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. **Melhoramento da soja**. Viçosa: Ed. UFV, 2017. p. 222- 248.

VIEIRA, C. et al. Melhoramento do Feijão. In: BORÉM (Ed.), A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2005. p. 301-391.

CAPÍTULO I

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJOEIRO A PARTIR DE ESTRUTURA ANINHADA ÀS POPULAÇÕES DE ORIGEM

1. RESUMO

A seleção multicausal de progênies oriundas de várias populações é prática comum em programas de seleção recorrente de plantas autógamas como o feijoeiro. No entanto, as informações a respeito da variabilidade genética entre e dentro destas populações não têm sido consideradas na predição dos valores genotípicos das progênies. Assim, objetivou-se utilizar uma estrutura aninhada de progênies às populações de origem, em programa de seleção recorrente de feijão carioca da UFV, visando a seleção daquelas de maior potencial para a extração de linhagens superiores com relação à arquitetura de plantas (ARQ), produtividade (PROD) e aspecto comercial de grãos (AG). De cada uma das 20 populações segregantes do ciclo I (C_1) foram avaliadas 19 progênies endogâmicas, nas gerações $F_{2,3}$ e $F_{2,4}$, em conjunto com 20 testemunhas, nos ambientes do inverno de 2012 e seca de 2014, respectivamente, quanto aos caracteres ARQ, PROD e AG. Para a predição dos valores genotípicos de progênies, foi utilizada a metodologia de modelos mistos em que os efeitos de progênies foram aninhados ao efeito de suas populações de origem. Na seleção das progênies foi utilizado o índice FAI-BLUP com intuito de classificar as progênies de forma multicausal e de capitalizar a interação GxA, uma vez que cada característica avaliada em diferentes safras/ano foi considerada como uma nova variável. Observou-se variabilidade genética tanto entre quanto dentro de populações, além de variações nas estimativas de acurácia e dos efeitos de interação GxA para as progênies dentro de cada população, indicando a importância de se considerar a estrutura das progênies aninhada às populações de origem. Trinta e oito progênies, oriundas de sete diferentes populações, foram selecionadas com ganho médio predito de -3,8% para ARQ, 4,8% para PROD e -20,1% para AG. Houve diversidade genética entre estas progênies para os caracteres ARQ, PROD e AG em cada um dos ambientes, o que aumenta as chances das linhagens a serem extraídas dessas progênies apresentarem maior adaptabilidade em outros ambientes. Das 38 progênies selecionadas, 19 apresentaram maior potencial para a extração de linhagens superiores com ganhos preditos em sentido favorável para as três características. A seleção utilizando o índice FAI-BLUP a partir das médias BLUPs das progênies obtidas com a estrutura aninhada às populações de origem é uma estratégia promissora na etapa de seleção de progênies em programas de seleção recorrente, com o objetivo de extrair linhagens superiores.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., seleção recorrente, modelos mistos, efeito de população.

2. ABSTRACT

Selection of progenies originated from several populations based on multiple traits is a ordinary practice in recurrent selection programs of autogamous species such as common bean. However, information regarding to genetic variability among and within populations has not been considered in the prediction of progeny genotypic values. Therefore, the objective in this study was to utilize a nested structure of progenies within populations, in a carioca-type common bean recurrent selection program from UFV, in order to select those progenies of greatest potential to generate improved lines for plant architecture (ARQ), yield (PROD) and grain appearance (AG). From each of the 20 populations of the first cycle (C_1) of this recurrent selection program, 19 inbred progenies were evaluated in the $F_{2:3}$ and $F_{2:4}$ generations, together with 20 checks, in experiments performed during the winter growing season of 2012 and dry growing season of 2014, respectively, in regard to ARQ, PROD and AG. Mixed models methodology was utilized to predict progenies genotypic values, in which progenies effects were nested to their respective original population effect. FAI-BLUP index was used in order to classify progenies in a multi-trait context and to capitalize the GxE interaction, since each trait evaluated in different growing season/year was considered as a new variable. It was observed genetic variability within and among populations, and also variations for accuracy estimates and GxE interaction effects for progenies within each populations, which indicates the importance to consider the nested structure of progenies within populations. Thirty-eight progenies, from seven different populations, were selected with mean predicted genotypic gains of -3,8% for ARQ, 4,8% for PROD and -20,1% for AG. There was genetic diversity among selected progenies in each of the considered environments, which increases the possibility to obtain at least one inbred line with greater adaptability to other environments. Among the 38 selected progenies, gains in favorable direction for all three traits were observed for 19 progenies, so that these progenies have great potential for the obtainment of superior inbred lines in regard to the three traits. Selection using FAI-BLUP index from BLUP means of progenies obtained by the nested structure of progenies within populations is a promising strategy during the progeny selection stage in recurrent selection programs to extract superior inbred lines.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., recurrent selection, mixed models, population effect.

3. INTRODUÇÃO

Os melhoristas de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) têm constantemente empenhado esforços na obtenção de novas linhagens superiores para caracteres como arquitetura ereta de plantas, produtividade e aspecto comercial de grãos, simultaneamente (RAMALHO e ABREU, 2015, MOURA et al. 2016). No entanto, os genes que controlam os fenótipos favoráveis dessas características de interesse se encontram em diferentes genitores (SILVA et al., 2013a). Neste sentido, destaca-se a seleção recorrente. Esta estratégia de melhoramento tem se mostrado eficiente no melhoramento do feijoeiro (GARCÍA-E et al., 2003; RAMALHO et al., 2005; PIRES et al, 2014; ALVES et al., 2015) e de outras espécies autógamas (MORAIS JÚNIOR et al., 2015; 2017; POSADAS et al., 2014), pois os ciclos sucessivos de avaliação, seleção e recombinação resultam no aumento gradual da frequência de alelos favoráveis nas populações (ACQUAAH, 2007). Apesar do melhoramento das populações ocorrer em etapas, a metodologia permite obter linhagens superiores para os caracteres de interesse a cada ciclo (RAMALHO et al., 2012).

Na etapa de seleção de genótipos superiores em um programa de melhoramento é de suma importância a estimação acurada de valores genotípicos a partir dos fenotípicos (PIEPHO et al., 2008). No caso de programas de seleção recorrente de plantas autógamas, várias populações são obtidas anualmente (RESENDE et al., 2016) e, especialmente quando se trata de caracteres quantitativos, as progênies são avaliadas em mais de um ambiente (safra, anos e locais) (RAMALHO et al., 2012; VELLO e NAZATO, 2017) e em diferentes gerações de endogamia (BATISTA et al., 2017). Assim, a seleção envolve comparações de progênies oriundas de uma mesma população ou de diferentes populações. Nesta situação, os efeitos de progênies estão aninhados às populações de origem.

Segundo Piepho et al. (2008), a estruturação aninhada do efeito de tratamentos com o uso de metodologias como a de modelos mistos permite considerar a informação de parentesco entre os genótipos candidatos, mesmo sob ausência da matriz de parentesco, aumentando assim, a acurácia de predição dos valores genotípicos. Desta forma, assim como Falconer e Mackay (1996) relatam para a seleção de indivíduos que estão aninhados a diferentes progênes de origem, pode-se fazer a seleção de progênes utilizando a informação acerca das suas populações de origem, de modo a calcular o efeito de cada progênie a partir da variação entre as populações e dentro da sua respectiva população de origem. Alguns trabalhos têm mostrado resultados satisfatórios sobre a prática da seleção ao se considerar uma estrutura aninhada de tratamentos (PIEPHO e WILLIAMS, 2006; PEREIRA et al., 2017).

No caso da avaliação do potencial de progênes para vários caracteres, simultaneamente, destacam-se os índices de seleção (CRUZ et al., 2014). Entretanto, os índices propostos não capitalizam os efeitos da interação genótipos x ambientes (GxA). Rocha et al. (2018) propuseram um índice baseado em análise de fatores, considerando a distância genótipo-ideótipo. Esse índice tem potencial para capitalizar a interação GxA se considerarmos as avaliações das características em cada ambiente como novas variáveis a serem contempladas pelo índice.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi propor uma estratégia de seleção baseada na estruturação aninhada das progênes às populações de origem, de forma a otimizar o processo seletivo para múltiplas características em programa de seleção recorrente de feijoeiro, visando a extração de linhagens superiores.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Programa de Melhoramento do porte de feijão carioca da UFV

Esse trabalho vem sendo conduzido na Universidade Federal de Viçosa (UFV) e tem como principal objetivo obter linhagens de feijão carioca de porte ereto, além de outros caracteres agronômicos de interesse. Como estratégia utilizou-se a seleção recorrente fenotípica, tendo como base para a seleção o diâmetro do hipocótilo (DH) das plantas. Inicialmente, 48 cruzamentos dialélicos parciais foram obtidos e avaliados por Silva et al. (2013a), envolvendo 14 linhagens de feijão (Tabela 1). A população base desse programa (C₀) constituiu-se de 20 cruzamentos biparentais (Tabela 2) selecionados por Poersh (2013).

Tabela 1. Origem, tipo de grão e de planta e classificação quanto ao porte de linhagens de feijoeiro, avaliadas em dialelo parcial por Silva et al. (2013a).

| Genitor ¹ | Origem | Tipo de Grão | Tipo de planta | Porte |
|----------------------|-----------------------|--------------|----------------|---------------|
| BRS Valente | Embrapa | Preto | II | Ereto |
| BRS Supremo | Embrapa | Preto | II | Ereto |
| IPR Uirapuru | IAPAR | Preto | II | Ereto |
| BRS Horizonte | Embrapa | Carioca | II | Ereto |
| CNFC 9466 | Embrapa | Carioca | II | Ereto |
| A805 | CIAT | Carioca | II | Ereto |
| A170 | CIAT | Mulatinho | II | Ereto |
| A525 | CIAT | Mulatinho | II | Ereto |
| VC6 | UFV | Carioca | II/III | Semiprostrado |
| BRSMG Majestoso | Convênio ⁵ | Carioca | II/III | Semiprostrado |
| BRSMG Madrepérola | Convênio ⁵ | Carioca | III | Prostrado |
| L1 ² | UFV | Carioca | II/III | Semiprostrado |
| L2 ³ | UFV | Carioca | III | Prostrado |
| L3 ⁴ | UFV | Carioca | III | Prostrado |

¹ Os oito primeiros genitores constituíram o grupo 1 e os demais o grupo 2 para os cruzamentos dialélicos

² Linhagem proveniente do cruzamento UTF 0013 / Rudá-R

³ Linhagem proveniente do cruzamento GEN 12-2 / Rudá-R

⁴ Linhagem proveniente do cruzamento CNFC 9437 / Rudá-R

⁵ Convênio entre UFLA, UFV, Epamig e Embrapa

Aproximadamente 200 plantas F₂ de cada população foram avaliadas quanto ao DH e produção de grãos. De cada população F₂ foram utilizadas quatro plantas de maior DH para a recombinação, uma vez que esta variável apresenta elevada relação de causa

e efeito com a nota de arquitetura das plantas e é de mais fácil e precisa mensuração (MOURA et al., 2013; SILVA et al., 2013b). Assim, as sementes F₃ oriundas das plantas F₂ foram utilizadas para a recombinação em casa de vegetação seguindo o esquema proposto por Bearzoti (1997). Neste esquema os cruzamentos foram designados conforme um dialelo circulante, onde cada genitor participa de cruzamentos com dois outros genitores.

Tabela 2. Genitores envolvidos nos cruzamentos que deram origem às 20 populações segregantes do ciclo 0 (C₀) do programa de seleção recorrente de feijão carioca da UFV (POERSCH, 2013)

| Número do Cruzamento | Genealogia |
|----------------------|-----------------------------------|
| 455 | BRS Valente / BRSMG Madrepérola |
| 463 | BRS Supremo / L2 ² |
| 464 | BRS Supremo / L3 |
| 471 | BRS Horizonte / VC6 |
| 473 | BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola |
| 474 | BRS Horizonte / L1 ¹ |
| 476 | BRS Horizonte / L3 ³ |
| 477 | CNFC 9466 / VC6 |
| 479 | CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola |
| 484 | A805 / BRSMG Majestoso |
| 485 | A805 / BRSMG Madrepérola |
| 487 | A805 / L2 |
| 488 | A805 / L3 |
| 489 | A170 / VC6 |
| 491 | A170 / BRSMG Madrepérola |
| 493 | A170 / L2 |
| 494 | A170 / L3 |
| 496 | A525 / BRSMG Majestoso |
| 498 | A525 / L1 |
| 499 | A525 / L2 |

¹ L1: Linhagem proveniente do cruzamento UTF 0013 / Rudá-R

² L2: Linhagem proveniente do cruzamento GEN 12-2 / Rudá-R

³ L3: Linhagem proveniente do cruzamento CNFC 9437 / Rudá-R

As sementes F₁ oriundas destes cruzamentos foram multiplicadas dando origem às populações F₂ do ciclo um (C₁) de seleção recorrente (Tabela 3). Visando melhorar simultaneamente os caracteres arquitetura de plantas, produtividade e aspecto comercial

dos grãos, foram selecionadas 19 plantas com maior diâmetro do hipocótilo em cada uma das 20 populações segregantes F₂ do ciclo um (C₁) e suas progênes F_{2:3} e F_{2:4} obtidas, totalizando 380 progênes. Estas progênes constituem o material genético utilizado neste estudo.

Tabela 3. Genealogia das 20 populações segregantes do ciclo I (C₁) do programa de seleção recorrente de feijão carioca da UFV (POERSCH, 2013)

| Número do Cruzamento | Genealogia |
|-----------------------------|--|
| 501 | BRS Valente / BRSMG Madrepérola // BRS Horizonte / L1 ¹ |
| 502 | BRS Supremo / L2 ² // BRS Horizonte / L3 ³ |
| 503 | BRS Supremo / L3 // CNFC 9466 / VC6 |
| 504 | BRS Horizonte / VC6 // CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola |
| 505 | BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola // A805 / BRSMG Majestoso |
| 506 | BRS Horizonte / L1 // A805 / BRSMG Madrepérola |
| 507 | BRS Horizonte / L3 // A805 / L2 |
| 508 | CNFC 9466 / VC6 // A805 / L3 |
| 509 | CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola // A170 / VC6 |
| 510 | A805 / BRSMG Majestoso // A170 / BRSMG Madrepérola |
| 511 | A805 / BRSMG Madrepérola // A170 / L2 |
| 512 | A805 / L2 // A170 / L3 |
| 513 | A805 / L3 // A525 / BRSMG Majestoso |
| 514 | A170 / VC6 // A525 / L1 |
| 515 | A170 / BRSMG Madrepérola // A525 / L2 |
| 516 | A170 / L2 // BRS Valente / BRSMG Madrepérola |
| 517 | A170 / L3 // BRS Supremo / L2 |
| 518 | A525 / BRSMG Majestoso // BRS Supremo / L3 |
| 519 | A525 / L1 // BRS Horizonte / VC6 |
| 520 | A525 / L2 // BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola |

¹ L1: Linhagem proveniente do cruzamento UTF 0013 / Rudá-R

² L2: Linhagem proveniente do cruzamento GEN 12-2 / Rudá-R

³ L3: Linhagem proveniente do cruzamento CNFC 9437 / Rudá-R

4.2. Avaliação das progênes F_{2:3} e F_{2:4}

As 380 progênes endogâmicas do ciclo I foram avaliadas nas gerações F_{2:3} e F_{2:4}, no inverno de 2012 e na seca de 2014, respectivamente. Foram incluídas como testemunhas, em cada experimento as seguintes linhagens/cultivares: A170, A525, A805, BRS Supremo, BRS Valente, CNFC 9466, BRS Horizonte, BRSMG Majestoso, UTF0013, BRSMG Madrepérola e VC6, BRS Campeiro, CNFC 9437, BRS Cometa, GEN 12-2, Ouro Negro, Pérola, BRSMG Pioneiro, BRSMG Talismã e IPR Uirapuru.

Os ensaios foram instalados na Estação Experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, no município de Coimbra - MG (20°49' S, 42°45' W e 720,0 metros de altitude). Os tratamentos foram alocados às unidades experimentais seguindo o delineamento látice quadrado simples (20 x 20), com duas repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 1,0 metro (m) de comprimento, espaçadas por 0,5 m. A adubação e os tratos culturais adotados foram os recomendados para a cultura do feijoeiro na região.

A arquitetura de planta (ARQ) foi avaliada, em nível de parcela, por uma escala de notas de 1 a 5 (Tabela 4), conforme descrito por Ramalho et al. (1998).

Tabela 4. Descrição da escala de notas de arquitetura de plantas de Ramalho et al. (1998)

| Nota | Descrição |
|------|---|
| 1 | Planta ereta com uma haste e poucas ramificações |
| 2 | Planta ereta com algumas ramificações e guia curta |
| 3 | Planta semiprostrada com ramificações e guia mediana |
| 4 | Planta prostrada com ramificações e guia longa |
| 5 | Planta completamente prostrada com muitas ramificações e guias muito longas |

A produtividade de grãos (PROD) foi obtida após a colheita, trilhagem, retirada das impurezas e pesagem dos grãos produzidos por parcela. Os valores foram convertidos para quilogramas por hectare (kg ha⁻¹).

O aspecto dos grãos (AG) também foi avaliado por uma escala de notas, adaptada de Ramalho et al. (1998) (Tabela 5).

Tabela 5. Descrição da escala de notas de aspecto de grãos do tipo carioca, adaptada de Ramalho et al. (1998)

| Nota | Descrição |
|------|--|
| 1 | Típicos grãos Carioca: cor creme com estrias marrom-claras, fundo claro, sem halo, grãos não achatados |
| 2 | Grãos do tipo carioca com deficiência em uma característica em relação ao padrão (Nota 1) |
| 3 | Grãos do tipo carioca com deficiência em duas características em relação ao padrão (Nota 1) |
| 4 | Grãos do tipo carioca com deficiência em três características em relação ao padrão (Nota 1) |
| 5 | Grãos totalmente fora do padrão do tipo carioca |

4.3. Análises estatísticas

Os dados de nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (AG) de cada experimento (inverno de 2012 e seca de 2014) foram analisados individualmente, obtendo a predição dos valores genotípicos para cada um dos dois ambientes. Para tanto, foi utilizada a metodologia de modelos mistos, proposta por Henderson (1959), a fim de obter os BLUPs (melhores predições lineares não viesadas) de progênies aninhadas ao efeito de populações. Para isto foi utilizado o modelo estatístico (modelo 1) em que o efeito de progênies foi aninhado a cada uma das 20 populações, de forma que a variação genotípica entre progênies foi fracionada em 20 componentes de variância, inerentes à variação genotípica entre progênies dentro de cada população de origem. Ressalta-se que, desta forma, os BLUPs de progênies aninhados ao efeito de populações também contabilizam a variabilidade existente entre populações. O modelo estatístico e as estruturas de variâncias e covariâncias envolvidas são descritos como se segue:

$$y = X\tau + Z_1u + Z_2p + Z_3b + e \quad (\text{Modelo 1})$$

Em que:

$$\begin{bmatrix} u \\ p \\ b \\ e \end{bmatrix} : N \left(0, \begin{bmatrix} G_u & 0 & 0 & 0 \\ 0 & G_p & 0 & 0 \\ 0 & 0 & G_b & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right) \quad G_{u_0} = \begin{bmatrix} \sigma_{g/Pop_1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{g/Pop_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \ddots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{g/Pop_{20}}^2 \end{bmatrix}$$

Onde: y é o vetor de observações; τ é o vetor de efeitos fixos da média geral, de repetições e testemunhas; u é o vetor que contempla os efeitos aleatórios de progênies em nível de suas respectivas populações de origem, p é o vetor de efeitos aleatórios de populações, b é o vetor de efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições e e é o vetor de efeitos de erros aleatórios. X , Z_1 , Z_2 e Z_3 são matrizes de incidência. G_u , G_p , G_b são as matrizes de (co)variância dos efeitos aleatórios de progênies aninhadas

às respectivas populações de origem ($G_u = G_{u_0} \otimes I_{19}$), de populações ($G_p = \sigma_{pop}^2 \otimes I_{20}$) e de blocos dentro repetições ($G_b = \sigma_{bl/rep}^2 \otimes I_{40}$), respectivamente. R corresponde à matriz de (co)variância residual ($R = \sigma_e^2 \otimes I_{800}$). σ_{g/Pop_1}^2 , σ_{g/Pop_2}^2 , ... e $\sigma_{g/Pop_{20}}^2$ são os componentes de variância genotípica de progênies dentro das populações 501, 502, ... e 520, respectivamente. σ_{pop}^2 , $\sigma_{bl/rep}^2$, σ_e^2 remetem aos componentes de variância devido aos efeitos de população, blocos dentro de repetições e resíduo, respectivamente.

A partir deste modelo de análise individual, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância acima mencionados, por meio do procedimento REML via algoritmo EM (Dempster et al., 1977), utilizando adaptações das equações iterativas propostas por Thompson (2005). Os efeitos de progênies dentro de população e de populações foram testados a 1% e 5% de probabilidade pelo teste de razão de verossimilhança (LRT).

As estimativas de médias BLUPs ($\bar{Y}_{G_{ij}}$) de cada progênie em relação a cada variável avaliada foi obtida pela expressão a seguir:

$$\bar{Y}_{G_{ij}} = \mu + g_{i(j)} + g_j$$

Em que: μ é a média geral, $g_{i(j)}$ é o BLUP da progênie i dentro da população j e g_j é o BLUP da população j .

Com o intuito de avaliar a significância dos efeitos das interações progênies x ambientes e populações x ambientes, os dados obtidos nas avaliações referentes às duas safras (Inverno/2012 e Seca/2014) foram analisados de forma conjunta. Para tanto, foi utilizado o seguinte modelo estatístico (modelo 2):

$$y = X\tau + Z_1u + Z_2p + Z_3i + Z_4t + Z_5b + e \text{ (Modelo 2)}$$

Em que:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{u} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{i} \\ \mathbf{t} \\ \mathbf{b} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} \sim N \left(\mathbf{0}, \begin{bmatrix} \mathbf{G}_u & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G}_p & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{G}_i & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \mathbf{G}_t & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \mathbf{G}_b & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \mathbf{R} \end{bmatrix} \right)$$

Onde: \mathbf{y} é o vetor de observações; $\boldsymbol{\tau}$ é o vetor de efeitos fixos da média geral, de repetições, ambientes e testemunhas; \mathbf{i} e \mathbf{t} são os vetores aleatórios dos efeitos de interação do tipo progênies x ambientes e populações x ambientes, respectivamente; \mathbf{b} é o vetor de efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições nos ambientes. \mathbf{X} , \mathbf{Z}_1 , \mathbf{Z}_2 , \mathbf{Z}_3 , \mathbf{Z}_4 e \mathbf{Z}_5 são matrizes de incidência. \mathbf{G}_u , \mathbf{G}_p , \mathbf{G}_i , \mathbf{G}_t , \mathbf{G}_b são as matrizes de (co)variância dos efeitos aleatórios de progênies ($\mathbf{G}_u = \sigma_g^2 \otimes \mathbf{I}_{380}$), de populações ($\mathbf{G}_p = \sigma_{pop}^2 \otimes \mathbf{I}_{20}$), das interações progênies x ambientes ($\mathbf{G}_i = \sigma_{g \times a}^2 \otimes \mathbf{I}_{720}$) e populações x ambientes ($\mathbf{G}_t = \sigma_{pop \times a}^2 \otimes \mathbf{I}_{40}$) e de blocos dentro repetições ($\mathbf{G}_b = \sigma_{bl/rep/a}^2 \otimes \mathbf{I}_{80}$), respectivamente. \mathbf{R} corresponde à matriz de (co)variância residual ($\mathbf{R} = \sigma_e^2 \otimes \mathbf{I}_{1600}$). σ_g^2 , $\sigma_{g \times a}^2$, σ_{pop}^2 , $\sigma_{pop \times a}^2$ e $\sigma_{bl/rep/a}^2$ equivalem aos componentes de variância devido aos efeitos de progênies, interação progênies x ambientes, populações, interação populações x ambientes e de blocos dentro de repetição em cada ambiente, respectivamente. Os demais termos são definidos conforme anteriormente.

Os efeitos de interação progênies x ambientes também foram, posteriormente, aninhados às populações de origem, buscando investigar os efeitos da interação na variabilidade genotípica entre progênies dentro de cada população, de acordo com a estrutura de (co)variância genotípica a seguir:

$$G = \begin{bmatrix} G_{u_0} \otimes I_{19} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{pop}^2 \otimes I_{20} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & G_{g \times a_0} \otimes I_{38} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{pop \times a}^2 \otimes I_{40} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{bl/rep/a}^2 \otimes I_{80} \end{bmatrix}$$

$$G_{u_0} = \begin{bmatrix} \sigma_{g/Pop_1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{g/Pop_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \ddots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{g/Pop_{20}}^2 \end{bmatrix} \quad G_{g \times a_0} = \begin{bmatrix} \sigma_{g \times a/Pop_1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{g \times a/Pop_2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \ddots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{g \times a/Pop_{20}}^2 \end{bmatrix}$$

Em que: G_{u_0} é a matriz de variância e covariância genotípica entre os efeitos de progênes aninhadas às respectivas populações de origem. $G_{g \times a_0}$ é a matriz de variância e covariância genotípica entre os efeitos de interação progênes x ambientes dentro de cada população. $\sigma_{g \times a/Pop_1}^2$, $\sigma_{g \times a/Pop_2}^2$, ... e $\sigma_{g \times a/Pop_{20}}^2$ são os componentes de variância devido aos efeitos de interação progênes x ambientes dentro das populações 501, 502, ... e 520, respectivamente. Os demais termos são definidos conforme anteriormente.

Para cada variável foi calculada a proporção relativa (PR) da variação devido à interação progênes x ambientes ($\sigma_{g \times a/pop_j}^2$) em relação à variação genotípica entre progênes (σ_{g/pop_j}^2) para cada população j. Esta relação foi obtida como se segue:

$$PR = 1 - \frac{\sigma_{g/pop_j}^2}{\left(\sigma_{g/pop_j}^2 + \sigma_{g \times a/pop_j}^2\right)}$$

4.4. Seleção de progênes via índice FAI-BLUP

Para capitalizar os efeitos da interação progênes x ambientes foram utilizadas as médias BLUPs (\bar{Y}_{G_j}) das análises individuais, considerando cada característica avaliada em diferentes ambientes como uma nova variável, totalizando seis caracteres que foram utilizados na seleção simultânea por meio do índice FAI-BLUP (ROCHA et al., 2018).

O índice FAI-BLUP baseia-se na análise de fatores e na distância genótipo-ideótipo para classificar genótipos de forma multicaracterística. Os ideótipos foram definidos considerando o sentido desejável e indesejável para os seis caracteres conforme apresentado na tabela 6, de acordo com os objetivos do programa de melhoramento. Para as variáveis ARQ e AG, valores de média genotípica mínimos são desejados, uma vez que as escalas de notas utilizadas (Tabelas 4 e 5, respectivamente) consideram a nota 1 como referente a plantas mais eretas e com grãos de padrão comercial típico carioca. Já para PROD, o ideótipo estabelecido é de máxima média genotípica. As etapas envolvidas na análise de fatores e no índice FAI-BLUP foram realizadas com o auxílio do programa R versão 3.5.1 (R CORE TEAM, 2018), conforme a rotina fornecida por Rocha et al. (2018). O número de fatores foi definido com base no critério de Kaiser (1958).

Visando a seleção de progênies com aspecto comercial dos grãos mais favorável, foi incluída uma restrição de modo que progênies com médias genotípicas de aspecto comercial dos grãos do tipo carioca superiores a 3, em pelo menos um dos ambientes avaliados, não fossem selecionadas. Para isso, após obtidos os escores fatoriais foi atribuído valor igual a zero para escores relativos às progênies nesta situação. Posteriormente, as progênies foram classificadas de acordo com este escore final (EF), selecionando as 38 progênies F_{2:4} de maior potencial, independentemente da população de origem, para a extração de linhagens superiores.

Tabela 6. Níveis relativos a cada variável para estabelecimento dos ideótipos desejável e indesejável utilizados como critérios no índice FAI-BLUP

| Ideótipo | Inverno/2012 | | | Seca/2014 | | |
|-------------|--------------|--------|--------|-----------|--------|--------|
| | ARQ | PROD | AG | ARQ | PROD | AG |
| Desejável | Mínimo | Máximo | Mínimo | Mínimo | Máximo | Mínimo |
| Indesejável | Máximo | Mínimo | Máximo | Máximo | Mínimo | Máximo |

ARQ: nota de arquitetura de planta; PROD: produtividade de grãos; AG: Nota de aspecto de grãos

As estimativas de ganhos genotípicos, em percentagem (GS%), com a seleção de cada progênie para as variáveis avaliadas na geração F_{2:4} (seca/2014) em relação à média das 380 progênies foram obtidas de acordo com a seguinte equação:

$$GS_{iv} (\%) = \frac{\bar{X}_{iv} - \bar{X}_{0v}}{\bar{X}_{0v}} \times 100$$

Onde: GS_{iv} (%) é o ganho de seleção da progênie i na geração F_{2:4} para a variável v; \bar{X}_{iv} é a média genotípica da progênie i na geração F_{2:4} para variável v; \bar{X}_{0v} : é a média genotípica de todas as progênies na geração F_{2:4} para variável v.

Um terceiro modelo estatístico foi adotado para obter as médias fenotípicas ajustadas das progênies e das testemunhas, em cada ambiente, para as variáveis ARQ, PROD e AG. Neste modelo, foram considerados fixos a média geral, assim como os efeitos de repetição e de progênies. Os efeitos de blocos dentro de repetições e do erro foram considerados aleatórios. As médias fenotípicas das 38 progênies selecionadas foram comparadas às médias das testemunhas A525 e Pérola pelo teste de Dunnett (DUNNETT, 1955), a 5% de probabilidade. A testemunha A525 caracteriza-se por apresentar porte ereto e grãos do tipo mulatinho, e Pérola, que está entre as cultivares mais plantadas nacionalmente, devido a sua elevada produtividade e qualidade comercial dos grãos.

4.5. Diversidade genética entre as progênies selecionadas

Para verificar a existência de divergência genética entre as progênies selecionadas quanto aos caracteres ARQ, PROD e AG, visando a extração de linhagens superiores, foram obtidas as matrizes de distância euclidiana média padronizada, referentes a cada um dos ambientes considerados, envolvendo as 38 progênies selecionadas. Estas duas matrizes foram comparadas pelo teste de correlação de Mantel (MANTEL, 1967) a 1% de probabilidade, com 5000 simulações. O método de

agrupamento por otimização de Tocher, descrito por Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) foi utilizado para cada uma das matrizes, visando quantificar a diversidade genética entre as progênes em cada ambiente considerado. O teste de Mantel, assim como o estabelecimento das referidas matrizes de distância e agrupamentos de Tocher foram realizadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013). A metodologia de componentes principais (PEARSON, 1901) foi utilizada como ferramenta para visualizar a diversidade genética entre as progênes selecionadas em cada ambiente quanto aos caracteres ARQ, PROD e AG. O procedimento foi realizado com o auxílio do software R, por meio do comando princomp implementado no pacote stats do software R versão 3.5.1 (R CORE TEAM, 2018).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análises individuais

Houve efeito significativo de progênes dentro da maioria das populações (Figura 1), pelo teste de LRT, para os caracteres ARQ, PROD e AG nos dois ambientes (inverno/2012 e seca/2014). Também se observa pela figura 1 efeito significativo de populações (EP) para as três caracteres nos dois ambientes, ou seja, variabilidade entre as médias das 20 populações avaliadas. Estes resultados indicam variabilidade tanto entre quanto dentro das 20 populações avaliadas.

Não foi observada significância, para os dois ambientes, dos efeitos de progênes dentro das populações 501, 502, 506, 507, 509, 513 e 517 para ARQ; 502, 504, 513, 514 e 516 para PROD e 506 com relação a AG (Figura 1).

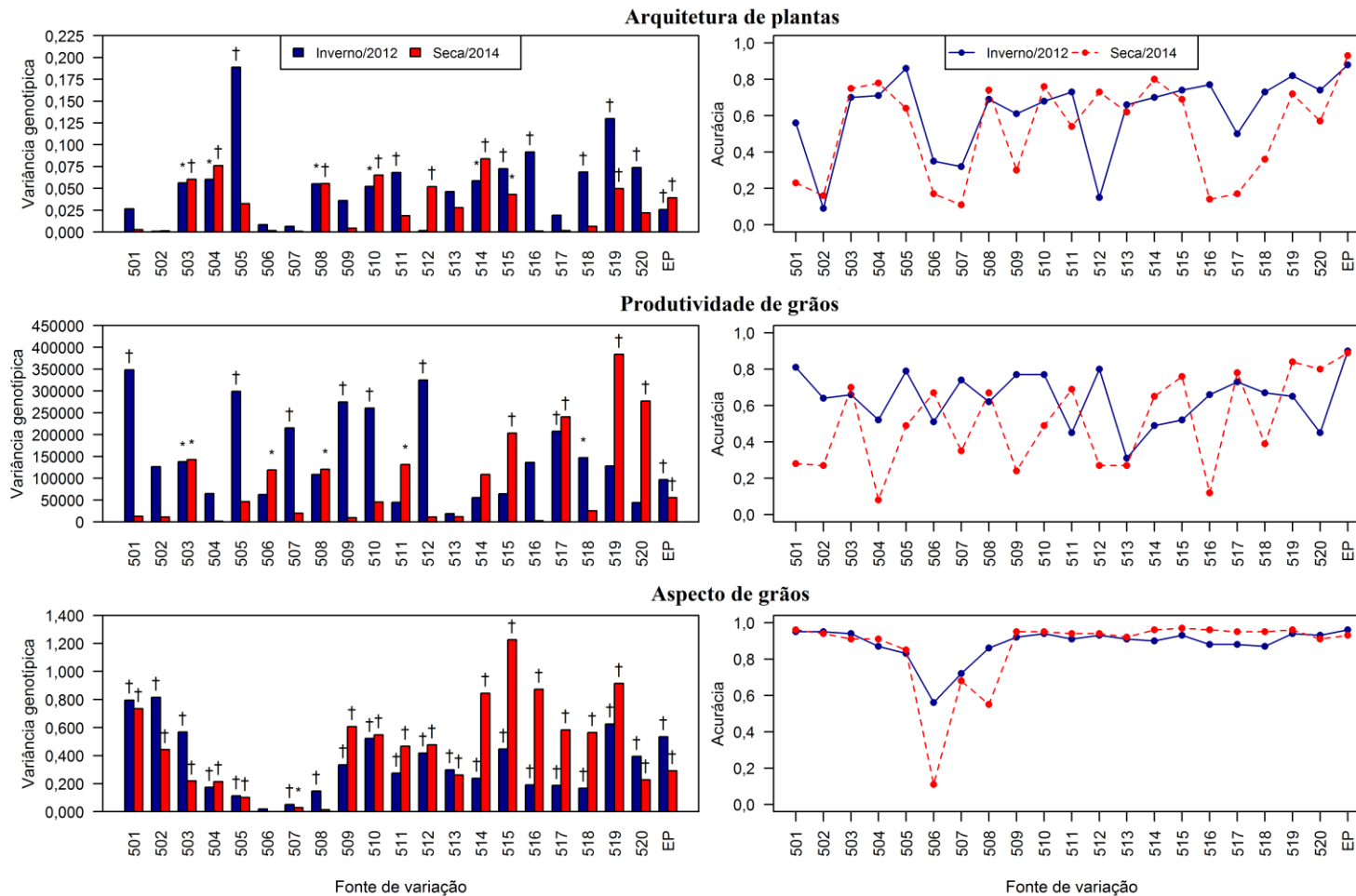


Figura 1. Componentes de variância e suas significâncias pelo teste de razão de verossimilhança - LRT (*: $p < 0,05$ e †: $p < 0,01$), e acurácias seletivas, referentes às fontes de variação (progênes/população (501, 502, ..., 520) e entre populações (EP)) para os três caracteres e dois ambientes considerados.

Dentre as populações em que os componentes de variância genotípica entre progênies foram significativos, pelo menos a 5% de probabilidade pelo teste de LRT (Figura 1), o valor da razão entre o maior e o menor componente foi de 3,61 e 8,94 para ARQ, 2,53 e 3,23 para PROD e 16,0 e 41,07 para AG, nos ambientes do inverno/2012 e da seca/2014, respectivamente. Estes distintos níveis de variabilidade genotípica dentro das populações são esperados em razão da presença de diferentes genitores em suas genealogias com locos fixados com alelos distintos. Silva et al. (2013a) avaliaram os genitores das 20 populações envolvidas neste trabalho, por meio de um dialelo parcial, em que os genitores BRS Valente, BRS Supremo, IPR Uirapuru, BRS Horizonte, CNFC 9466, A805, A170 e A525 compuseram o grupo 1 e os genitores L1, L2, L3, VC6, BRSMG Madrepérola e BRSMG Majestoso o grupo 2. Os autores observaram diferença significativa para os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) para os caracteres ARQ e DH, relacionados à arquitetura de plantas, no grupo 1 e 2 e para PROD no grupo 1, indicando variabilidade entre os genitores para frequência de alelos favoráveis envolvidos no controle genético destes caracteres. Além disto, efeitos significativos de capacidade específica de combinação para PROD também foram observados por Silva et al. (2013). A capacidade específica de combinação indica a diversidade entre os genitores cruzados para locos com alelos que exibem dominância (CRUZ et al., 2014). Com relação ao AG, a variabilidade genética observada entre e dentro das populações também era esperada, em razão da genealogia das populações do ciclo I de seleção recorrente (Tabela 3) envolverem genitores do grupo carioca (BRS Horizonte, CNFC 9466, A805, L1, L2, L3, VC6, BRSMG Madrepérola e BRSMG Majestoso), preto (BRS Valente, BRS Supremo) e mulatinho (A170 e A525).

Com base no modelo para a obtenção de BLUPs de progênies oriundas de diferentes populações, ou seja, a partir da estrutura aninhada às 20 populações de origem, observou-se diferentes estimativas de acurácia. Os valores variaram de 0,09 a

0,86 para ARQ, de 0,31 a 0,81 para PROD e de 0,56 a 0,95 para AG no ambiente do inverno de 2012 e de 0,11 a 0,80 para ARQ, de 0,08 a 0,84 para PROD e de 0,11 a 0,97 para AG no ambiente da seca de 2014 (Figura 1). Baixa estimativa de acurácia pode ser devido à baixa magnitude da variabilidade genotípica entre progênes dentro de uma referida população e à precisão com que a característica foi avaliada. Cabe ressaltar que as baixas estimativas de acurácia observadas estão relacionadas apenas às populações com estimativas não significativas de variabilidade entre progênes (Figura 1). Este resultado indica elevada precisão na avaliação dos caracteres ARQ, PROD e AG, cujas estimativas do coeficiente de variância residual (CV) foram de 13,85% e 10,07% para ARQ, 12,79 e 12,95% para PROD e 8,01% e 7,29% para AG, para os ambientes inverno/2012 e seca/2014, respectivamente. Estes resultados indicam a importância de se considerar a estrutura das progênes aninhada às populações de origem, uma vez que níveis de variabilidade genotípica muito diferenciados foram observados dentro das populações avaliadas. Caso esta estrutura aninhada não fosse adotada, um único componente de variância seria utilizado para representar a variabilidade entre todas as progênes, de forma independente das populações de origem. Com a estrutura aninhada às populações, o efeito de progênes passa a ser codificado à média de suas respectivas populações de origem (Tabela 3), ponderado pela variabilidade dentro de cada população e somado ao efeito de população, o que permite comparar de forma mais adequada as progênes oriundas de diferentes populações.

O efeito de populações (EP) é dependente da variabilidade entre médias das diferentes populações, cujo efeito foi significativo pelo teste de LRT (Figura 1). As médias genotípicas das 20 populações referentes aos caracteres ARQ, PROD e AG para os respectivos ambientes estão apresentadas na tabela 7.

Tabela 7. Médias genótípicas das 20 populações do ciclo I (C₁) referentes às progênies avaliadas nos ambientes do inverno de 2012 (geração F_{2:3}) e seca de 2014 (geração F_{2:4})

| População | Médias Genótípicas | | | | | |
|-----------|--------------------|---------|------|-----------|---------|------|
| | Inverno/2012 | | | Seca/2014 | | |
| | ARQ | PROD | AG | ARQ | PROD | AG |
| 501 | 2,32 | 4634,44 | 3,67 | 2,85 | 4053,74 | 3,41 |
| 502 | 2,40 | 4810,45 | 3,51 | 2,93 | 4006,53 | 3,53 |
| 503 | 2,44 | 4532,35 | 3,21 | 2,79 | 4191,99 | 3,15 |
| 504 | 2,33 | 4495,85 | 2,53 | 2,85 | 4042,19 | 2,66 |
| 505 | 2,51 | 4039,75 | 2,56 | 3,08 | 3838,54 | 2,70 |
| 506 | 2,43 | 4096,92 | 2,51 | 2,85 | 3962,01 | 2,97 |
| 507 | 2,44 | 4347,08 | 2,48 | 2,93 | 3686,04 | 3,00 |
| 508 | 2,19 | 4395,64 | 2,71 | 2,58 | 3993,31 | 2,96 |
| 509 | 2,41 | 4687,98 | 3,95 | 2,81 | 4306,68 | 3,61 |
| 510 | 2,52 | 4496,17 | 3,90 | 2,94 | 3859,66 | 3,86 |
| 511 | 2,37 | 4507,21 | 3,74 | 3,02 | 3839,80 | 3,48 |
| 512 | 2,51 | 4582,76 | 4,12 | 2,96 | 4014,71 | 4,05 |
| 513 | 2,20 | 4218,69 | 3,77 | 2,59 | 3862,55 | 3,29 |
| 514 | 2,01 | 3987,60 | 4,60 | 2,37 | 3826,47 | 4,22 |
| 515 | 2,21 | 4197,61 | 4,25 | 2,89 | 3825,71 | 3,81 |
| 516 | 2,38 | 4811,55 | 4,47 | 2,99 | 4410,31 | 3,98 |
| 517 | 2,26 | 4682,57 | 4,42 | 2,94 | 3924,47 | 4,20 |
| 518 | 2,12 | 4324,24 | 4,15 | 2,60 | 3819,58 | 3,60 |
| 519 | 2,34 | 3811,76 | 4,05 | 2,65 | 3686,82 | 3,87 |
| 520 | 2,57 | 4053,89 | 3,09 | 3,10 | 3477,30 | 2,54 |

ARQ: nota de arquitetura de planta; PROD: produtividade de grãos (em kg ha⁻¹); AG: Nota de aspecto de grãos

Considerando ARQ, as populações 514 e 508 apresentaram as menores médias (plantas mais eretas) e a população 520 as maiores médias (plantas mais prostradas) em ambos os ambientes considerados. Em relação a PROD, destaca-se a população 516, com rendimento médio de grãos superior a 4400 kg ha⁻¹ em ambos os ambientes, enquanto que as populações 519 e 520 ficaram entre as populações de desempenho mais baixo para este caractere, independentemente do ambiente considerado. Já para AG, a população 504 destaca-se como uma das três populações de menor média de aspecto de grãos em ambos os experimentos, enquanto que as populações 514, 516 e 517 estiveram sempre entre as populações com média mais distante do padrão comercial de interesse. Estes desempenhos médios diferenciados das populações para ARQ, PROD e AG também são evidenciados pela significância do componente de variância genotípica ($p <$

0,01) entre as médias das populações (EP) para os três caracteres em ambos ambientes considerados (Figura 1).

As progênies avaliadas neste trabalho foram obtidas de 20 diferentes populações, e em suas genealogias constam quatro diferentes genitores (cruzamentos duplos). Ressalta-se que alguns genitores fazem parte da genealogia de mais de uma população como pode ser verificado na tabela 3. Em razão do comportamento diferenciado dos genitores envolvidos nesses cruzamentos para os caracteres ARQ, PROD e AG, as médias das populações para tais características foram bastante variadas (Tabela 7), especialmente para PROD e AG, em razão de não ter ocorrido nenhum tipo de seleção para a estes caracteres. Ao contrário, no caso de ARQ, valores mais baixos de média para a nota de arquitetura de plantas foram observados, em geral, para as populações. Este resultado corrobora aqueles relatados por Anjos (2015), em que progresso genético para ARQ (4,93%) foi observado comparando as populações segregantes dos ciclos C_0 e C_1 do programa seleção de feijão carioca da UFV, em que a etapa de seleção de C_0 baseou-se na seleção fenotípica de plantas de maior diâmetro do hipocótilo (DH). Segundo Moura et al. (2013), o DH é um dos caracteres determinantes da arquitetura de plantas pois apresenta elevada associação de causa e efeito além de sua mensuração ser precisa e acurada, podendo ser utilizado como caractere auxiliar na seleção indireta de plantas mais eretas.

A variabilidade dentro das populações e o seu desempenho médio são os principais parâmetros que definem seus potenciais para a prática de seleção em um programa de melhoramento (BERNARDO, 2010). Considerando a variabilidade entre progênies dentro de populações, foi observada maior flutuação nas estimativas de acurácias seletivas para os caracteres ARQ e PROD e menor para AG, comparando as avaliações realizadas nos dois ambientes considerados (Figura 1). Para ARQ e PROD não houve superioridade dos valores de acurácia correspondentes de todas as populações

avaliadas em um ambiente em relação ao outro. Nestes casos, algumas populações apresentaram valores de acurácia superior em um ambiente e inferior em outro e vice-versa para as demais populações. Já para AG houve menor variação das estimativas de acurácia entre os ambientes e, de modo geral, as estimativas de acurácia foram maiores na seca de 2014. Cabe ressaltar que no inverno de 2012 as progênes avaliadas estavam na segunda geração de autofecundação (F_{2:3}) e, na seca de 2014 estavam na terceira geração de autofecundação (F_{2:4}). Assim, os efeitos de ambiente sobre as estimativas de acurácia seletiva estão confundidos com o efeito de geração. Com o avanço das gerações de autofecundação, espera-se aumento da variabilidade entre progênes de uma população. Com isto, a variação dos resultados obtidos com as estimativas de acurácia para as populações nos dois ambientes é indicativo da influência do efeito da interação das progênes das diferentes populações com os ambientes para os caracteres avaliados.

5.2. Análise conjunta

A análise conjunta da avaliação das progênes nos ambientes inverno/2012 e seca/2014 revelou a existência de efeitos significativos da interação de progênes x ambientes para os caracteres PROD e AG e de populações x ambientes para os três caracteres (Tabela 8).

Tabela 8. Resumo das análises conjuntas com valores de deviance e significância pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) referentes à avaliação de progênes de feijão carioca (gerações F_{2:3} e F_{2:4}) quanto aos caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (AG)

| Efeito ^a | ARQ | | PROD | | AG | |
|------------------------|----------|--------------------|----------|---------|----------|----------|
| | Deviance | LRT | Deviance | LRT | Deviance | LRT |
| Progênes | -1442,35 | 52,90** | 21792,98 | 18,15** | -487,51 | 266,73** |
| Progênes x Ambientes | -1493,21 | 2,04 ^{ns} | 21788,88 | 14,05** | -561,72 | 192,51** |
| Populações | -1476,69 | 18,56** | 21786,47 | 11,64** | -726,97 | 27,26** |
| Populações x Ambientes | -1484,20 | 11,05** | 21785,46 | 10,63** | -681,52 | 72,71** |
| Modelo Completo | -1495,25 | - | 21774,83 | - | -754,23 | - |

^a: Efeito cujo parâmetro foi estabelecido como de valor zero para comparação com o modelo completo; ^{ns}: P > 0,05, *: P < 0,05 e **: P < 0,01 pelo teste de razão de verossimilhança (LRT).

Na figura 2 é apresentada a proporção da variância devido à interação progênes x ambientes relativa à variância entre progênes para cada população, considerando o efeito de progênes aninhado às suas populações de origem para o modelo de análise conjunta. Houve variação na proporção relativa (PR) da variância devido à interação progênes x ambientes considerando as diferentes populações. Com base na soma destas proporções relativas da interação progênes x ambientes de cada população, observou-se valores de 7,24 para ARQ, 9,74 para PROD e de 6,15 para AG (Figura 2). Para ARQ, as progênes das populações 506, 508, 509, 510, 511, 514, 515, 516 e 519 apresentaram baixa interação com os ambientes. No caso de PROD, as progênes que menos interagiram com os ambientes foram 504, 508, 509, 510, 511, 514, 516, 518 e 519. Já para AG, as progênes das populações avaliadas interagiram de forma menos pronunciada com os ambientes, com exceção das populações 505, 507, 508, 513, e 520 (Figura 2). Segundo Nicotra et al. (2013), a interação dos genótipos com diferentes condições ambientais pode ser resultante da expressão diferencial dos genes envolvidos no controle da característica em questão. Com isto, na presença de interação genótipos x ambientes pode-se observar, mesmo em gerações com maior grau de endogamia, menor variância entre progênes, como observado para algumas populações avaliadas neste trabalho em relação aos caracteres ARQ e PROD (Figura 1), influenciando, como consequência, as estimativas de acurácia de uma geração para outra.

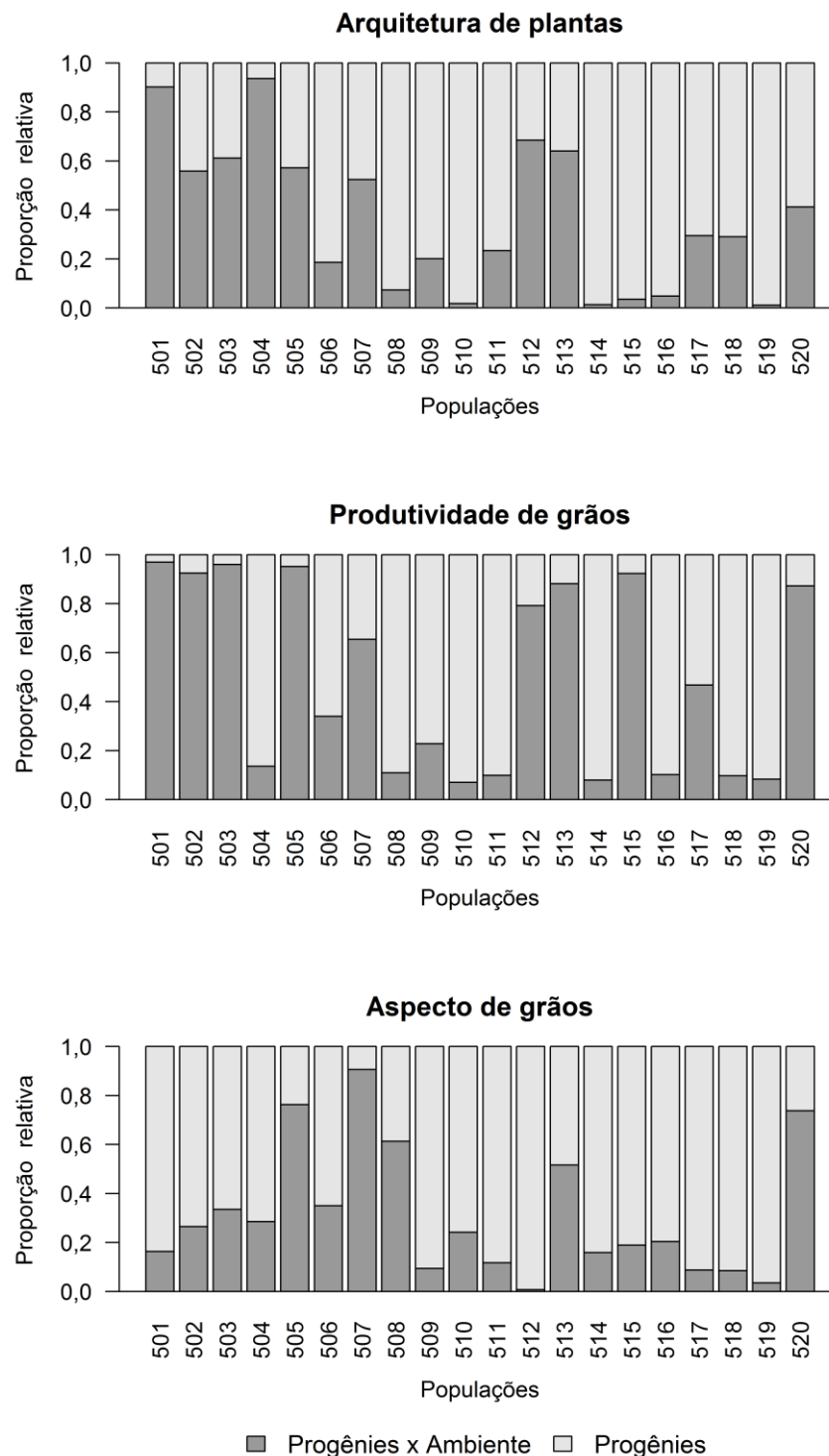


Figura 2. Proporção relativa da variação devida à interação progênes x ambientes em relação a variação genotípica entre progênes de cada população avaliadas em duas safras (inverno de 2012 e seca de 2014) e duas gerações (F2:3 e F2:4, respectivamente)

5.3. Análise de fatores e seleção de progênes via índice FAI-BLUP

Na tabela 9 são apresentados os autovalores e a variância acumulada referentes aos seis componentes principais obtidos da matriz de correlação genotípica entre as seis variáveis, dadas pelos caracteres ARQ, PROD e AG, avaliados nos ambientes do inverno de 2012 e seca de 2014. Os três primeiros autovalores explicaram 81,98% da variância total entre as progênes. Segundo critério de Kaiser (1958), o número de fatores é definido pelo número de autovalores iguais ou superiores à unidade. Assim, três fatores foram utilizados no índice FAI-BLUP visando a seleção das progênes com base nas seis variáveis analisadas (Tabela 9).

Tabela 9. Autovalores e variância acumulada explicada pelos componentes principais

| Componente Principal | Autovalor | Variância acumulada (%) |
|-----------------------------|------------------|--------------------------------|
| 1 | 2,12 | 35,34 |
| 2 | 1,61 | 62,24 |
| 3 | 1,18 | 81,98 |
| 4 | 0,54 | 90,94 |
| 5 | 0,35 | 96,83 |
| 6 | 0,19 | 100,00 |

Os três fatores apresentaram valores de comunalidade variando de 0,74 a 0,90 (Tabela 10). Na análise de fatores, é pressuposto que a variação nos caracteres considerados é explicada pelos fatores comuns, cuja proporção é dada pela comunalidade, e por um fator específico (CRUZ et al., 2014). Assim, elevada variação entre as progênes baseada nas seis variáveis foi captada pelos três fatores considerados, de forma que a informação sobre a variabilidade das 380 progênes expressa pelas seis variáveis (ARQ, PROD e AG avaliadas nos dois ambientes) passam a ser descritas por três fatores comuns. Estes fatores também captam as covariâncias entre as variáveis originais (CRUZ et al., 2014).

Tabela 10. Cargas fatoriais e comunalidade para as variáveis arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e aspecto comercial dos grãos (AG) avaliadas em 380 progênies nos ambientes considerados

| Ambiente | Variável | Fatores | | | Comunalidade |
|--------------|----------|-------------|-------------|--------------|--------------|
| | | 1 | 2 | 3 | |
| Inverno/2012 | ARQ | -0,16 | -0,01 | -0,87 | 0,78 |
| | PROD | 0,11 | 0,82 | -0,22 | 0,74 |
| | AG | 0,94 | 0,04 | 0,15 | 0,90 |
| Seca/2014 | ARQ | -0,06 | 0,09 | -0,90 | 0,82 |
| | PROD | -0,02 | 0,87 | 0,12 | 0,78 |
| | AG | 0,94 | 0,06 | 0,08 | 0,90 |

Com base nas cargas fatoriais finais (Tabela 10), após rotação dos fatores, observou-se que o fator 1 foi constituído pelas variáveis resultantes da avaliação de AG nos ambientes do inverno de 2012 e seca de 2014. O mesmo ocorreu para os fatores 2 e 3, que foram constituídos pelas variáveis resultantes das avaliações dos caracteres PROD e ARQ, respectivamente. Variáveis agrupadas no mesmo fator apresentam maior correlação entre si do que com variáveis de fatores diferentes (CRUZ et al., 2014, Rocha et al., 2018). Segundo Cruz et al. (2014), as cargas fatoriais resumem a informação de quais variáveis foram as de maior correlação com cada fator comum. Ressalta-se que as cargas fatoriais finais referentes às variáveis resultantes de ARQ, PROD e AG avaliadas nos dois ambientes, apresentaram o mesmo sinal em cada fator (Tabela 10). Este resultado indica o potencial dos três fatores para se praticar seleção visando o melhoramento destes caracteres nos ambientes considerados, o que permite, dessa forma, capitalizar o efeito da interação genótipos x ambientes no processo de seleção.

Visando a seleção das progênies de maior potencial para a extração de linhagens superiores quanto aos caracteres ARQ, PROD e AG utilizou-se o índice FAI-BLUP (Rocha et al., 2018) que se baseia na distância genótipo-ideótipo para classificar as progênies. Os escores fatoriais foram obtidos com base nos três fatores estabelecidos, considerando o ideótipo desejável tanto para ARQ quanto para PROD e AG (Tabela 6).

Algumas progênies selecionadas inicialmente, com base no índice FAI-BLUP, apresentaram nota de AG superior a 3. No mercado de feijão carioca no Brasil, o caractere AG é de fundamental importância para a utilização de uma cultivar pelos agricultores. Isto se deve ao fato dos consumidores requerem grãos claros em tons de bege com listras marrons no tegumento, além de baixa taxa de escurecimento ao longo do tempo de armazenamento, atributo que é culturalmente associado ao tempo para cozimento (Silva et al., 2008; Carneiro et al., 2012). Assim, após obtidos os escores fatoriais foi atribuído valor igual a zero para escores relativos às progênies com média genotípica de AG superior a 3,00 em pelo menos um dos ambientes. Posteriormente, as progênies foram classificadas de acordo com este escore final (EF), selecionando as 38 progênies de maior potencial, independentemente da população de origem, considerando uma intensidade de seleção de 10%.

A restrição imposta possibilitou a seleção apenas de progênies com valores de AG inferiores ou iguais a 3 (Tabela 11), que segundo a escala de notas adaptada de Ramalho (1998) (tabela 5), corresponde a grãos do tipo carioca que apresentam duas deficiências nos atributos relacionados à nota padrão de interesse (nota 1). Cabe ressaltar que em função da variação dentro das progênies, mesmo em progênies com média igual a 3 é possível extrair linhagens com nota de grão inferior a este valor, ou seja, com notas mais próximas do padrão comercial de feijão carioca (nota 1).

Os ganhos genotípicos com a seleção, em percentagem, das 38 progênies superiores independentemente da população de origem para os caracteres ARQ, PROD e AG, após a restrição para AG e calculados considerando as médias genotípicas na geração $F_{2:4}$ como referência, são apresentados na tabela 11.

Tabela 11. Médias fenotípicas ajustadas e populações de origem (Pop) das 38 progênies selecionadas (Prog) pelo índice FAI-BLUP visando a extração de linhagens superiores e estimativas de ganho de seleção por progênie para os caracteres arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e aspecto dos grãos (AG) do tipo carioca

| Ordem ¹ | Pop | Prog | Médias fenotípicas ajustadas | | | | | | GS (%) ⁵ | | |
|--------------------|--------------|------|------------------------------|-------------------|-----------|-----------|--------|--------|---------------------|------|-------|
| | | | ARQ | | PROD | | AG | | ARQ | PROD | AG |
| | | | AMB1 ² | AMB2 ³ | AMB1 | AMB2 | AMB1 | AMB2 | | | |
| 1 | 508 | 147 | 1,61 b ⁴ | 2,06 b | 4549,20 a | 4358,97 a | 3,00 a | 3,00 a | -19,3 | 5,3 | -14,0 |
| 2 | 504 | 71 | 1,51 b | 2,65 b | 4804,59 a | 3802,85 a | 2,25 a | 2,75 a | -4,4 | 3,0 | -20,5 |
| 3 | 503 | 53 | 1,96 b | 2,91 b | 4305,06 a | 5286,23 a | 2,50 a | 3,00 a | 1,2 | 20,2 | -12,3 |
| 4 | 508 | 144 | 1,99 b | 2,56 b | 4487,16 a | 4550,85 a | 2,75 a | 3,00 a | -8,8 | 8,7 | -14,0 |
| 5 | 504 | 75 | 2,43 | 2,58 b | 4841,64 a | 4154,33 a | 1,50 | 1,50 a | -5,6 | 3,1 | -52,0 |
| 6 | 504 | 64 | 2,20 b | 2,07 b | 4390,94 a | 4108,70 a | 3,00 a | 2,50 a | -17,4 | 3,1 | -26,6 |
| 7 | 508 | 145 | 2,10 b | 3,00 b | 5531,61 a | 4348,86 a | 2,00 a | 3,00 a | -0,7 | 6,1 | -14,1 |
| 8 | 508 | 149 | 1,96 b | 2,67 b | 4065,06 a | 4385,86 a | 2,25 a | 2,75 a | -7,6 | 5,8 | -16,4 |
| 9 | 508 | 148 | 1,71 b | 1,88 b | 4185,33 a | 3557,07 a | 2,50 a | 2,75 a | -23,1 | -4,1 | -16,3 |
| 10 | 503 | 48 | 2,98 | 2,46 b | 5365,96 a | 4997,54 a | 2,50 a | 2,75 a | -7,3 | 17,7 | -18,6 |
| 11 | 508 | 151 | 2,46 | 2,89 b | 4743,89 a | 4647,04 a | 2,00 a | 2,75 a | -2,5 | 9,6 | -16,4 |
| 12 | 504 | 62 | 1,57 b | 3,47 | 5143,11 a | 4509,87 a | 1,50 a | 1,75 | 15,0 | 3,2 | -45,6 |
| 13 | 504 | 61 | 2,24 b | 2,61 b | 4559,87 a | 4220,27 a | 2,25 a | 2,25 | -5,4 | 3,2 | -32,9 |
| 14 | 508 | 150 | 2,49 | 2,24 b | 4605,77 a | 4180,51 a | 2,75 a | 2,75 a | -15,7 | 3,3 | -16,4 |
| 15 | 508 | 134 | 2,15 b | 3,02 b | 4748,95 a | 4233,80 a | 2,25 a | 2,75 a | -0,6 | 5,2 | -16,4 |
| 16 | 503 | 51 | 2,08 b | 2,37 b | 4171,72 a | 4137,53 a | 3,00 a | 3,00 a | -10,1 | 6,2 | -12,5 |
| 17 | 501 | 12 | 2,38 | 2,89 b | 6041,71 a | 4204,13 a | 2,25 a | 3,00 a | 0,6 | 3,7 | -12,2 |
| 18 | 508 | 152 | 2,41 | 2,50 b | 4301,21 a | 4077,89 a | 2,50 a | 2,75 a | -10,7 | 2,6 | -16,3 |
| 19 | 508 | 139 | 2,26 b | 2,60 b | 4380,96 a | 3888,69 a | 2,50 a | 2,75 a | -8,7 | 1,5 | -16,4 |
| 20 | 504 | 72 | 2,24 b | 3,01 b | 4688,07 a | 4232,80 a | 2,25 a | 1,75 | 4,1 | 3,2 | -45,5 |
| 21 | 508 | 136 | 2,21 b | 2,71 b | 4774,54 a | 3895,78 a | 2,50 a | 2,75 a | -6,2 | 0,3 | -16,3 |
| 22 | 503 | 45 | 2,06 b | 3,02 b | 4861,70 a | 4334,75 a | 2,75 a | 3,00 a | 2,7 | 8,5 | -12,6 |
| 23 | 501 | 1 | 2,18 b | 3,08 b | 4154,00 a | 4302,08 a | 2,25 a | 2,25 | 1,0 | 3,9 | -32,9 |
| 24 | 503 | 44 | 2,62 | 2,57 b | 5178,37 a | 3741,34 a | 2,25 a | 2,50 a | -6,5 | 0,7 | -25,0 |
| 25 | 506 | 104 | 2,53 | 3,05 b | 4660,61 a | 4919,01 a | 2,25 a | 2,75 a | 1,0 | 11,6 | -14,4 |
| 26 | 501 | 4 | 2,43 | 2,67 b | 5302,32 a | 4171,46 a | 3,00 a | 2,75 a | 0,2 | 3,6 | -19,4 |
| 27 | 504 | 70 | 2,29 | 2,89 b | 4574,71 a | 4566,00 a | 2,50 a | 2,50 a | 2,5 | 3,3 | -26,7 |
| 28 | 501 | 13 | 2,18 b | 2,77 b | 4322,99 a | 3733,23 a | 2,25 a | 2,75 a | 0,5 | 2,7 | -19,3 |
| 29 | 506 | 110 | 1,99 b | 2,82 b | 4181,16 a | 4724,77 a | 2,50 a | 3,00 a | 0,7 | 9,2 | -14,2 |
| 30 | 501 | 8 | 2,00 b | 2,83 b | 4290,42 a | 3692,64 a | 2,50 a | 3,00 a | 0,5 | 2,7 | -12,4 |
| 31 | 508 | 137 | 2,51 | 2,36 b | 3944,17 a | 3691,09 a | 2,50 a | 3,00 a | -14,0 | -1,8 | -14,1 |
| 32 | 504 | 60 | 2,76 | 2,62 b | 4355,12 a | 3768,28 a | 2,00 a | 3,00 a | -5,3 | 3,0 | -14,2 |
| 33 | 503 | 46 | 2,74 | 2,92 b | 4652,31 a | 4411,60 a | 2,50 a | 3,00 a | 0,7 | 10,0 | -12,4 |
| 34 | 504 | 74 | 2,40 | 2,84 b | 4432,87 a | 4013,67 a | 2,50 a | 3,00 a | 0,1 | 3,1 | -14,3 |
| 35 | 501 | 10 | 2,79 | 2,89 b | 4912,72 a | 4013,43 a | 3,00 a | 2,50 a | 0,7 | 3,2 | -26,2 |
| 36 | 502 | 25 | 2,77 | 3,17 b | 4837,13 a | 3547,93 a | 2,50 a | 2,50 a | 3,7 | 1,2 | -25,6 |
| 37 | 505 | 95 | 1,97 b | 2,74 b | 3970,79 a | 4473,69 a | 2,50 a | 3,00 a | 3,4 | 1,9 | -15,2 |
| 38 | 508 | 146 | 2,83 | 2,95 b | 4894,10 a | 4230,15 a | 2,75 a | 3,00 a | -1,5 | 4,0 | -14,0 |
| | Pérola | | 2,68 | 3,01 | 5086,85 a | 4088,43 a | 2,25 a | 3,00 a | - | - | - |
| | A525 | | 1,32 b | 2,56 b | 2924,55 | 3669,33 | 5,00 | 5,00 | - | - | - |
| | GS médio (%) | | - | - | - | - | - | - | -3,8 | 4,8 | -20,1 |

¹: Ordem de classificação das progênies selecionadas pelo índice FAI-BLUP.

^{2,3}: AMB1 e AMB2 correspondem aos ambientes da inverno de 2012 (geração F_{2:3}) e da seca de 2014 (geração F_{2:4}), respectivamente.

⁴: Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem da testemunha padrão para a variável em questão (A525 para ARQ1 e ARQ2 ou Pérola para PROD1, PROD2, AG1 e AG2), pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade.

⁵: Ganhos de seleção calculados com base nas médias genotípicas das progênies em relação à média genotípica de todas as 380 progênies, considerando a geração F_{2:4}.

Progênies destacadas em negrito apresentaram valores de ganhos de seleção no sentido favorável para todas as características avaliadas.

Na geração F_{2:4} a variância genotípica entre progênies é distribuída em $1,5 \sigma^2_A + 0,1875 \sigma^2_D$ (CRUZ et al., 2014). No entanto, devido à ausência de informação referente à variação dentro das progênies, não foi possível isolar a fração aditiva da variância genotípica entre as progênies. Assim, as predições de ganhos com a seleção de cada progênie foram estimadas em nível genotípico. Os valores de ganhos preditos variaram de -23,1 a 15,0% para ARQ, -4,1 a 20,2% para PROD e entre -52,2 e -12,2% para AG. Das 38 progênies selecionadas, 19 (em destaque na tabela 11) apresentaram valores de ganhos de seleção no sentido favorável para as três características avaliadas (ARQ (-), PROD (+), AG (-)). Estes resultados indicam que as 19 progênies apresentam potencial para a extração de linhagens que sejam superiores em desempenho para ARQ, PROD e AG. Considerando cada característica, destacam-se as progênies 147 e 148 para ARQ, 53 e 48 para PROD e 75, 62 e 72 para AG, por apresentarem estimativas de ganho mais favoráveis à seleção, visando a extração de linhagens superiores (Tabela 11). Este resultado indica a necessidade de recombinação para dar continuidade ao programa de seleção recorrente.

As progênies selecionadas são oriundas de sete diferentes populações, sendo que as populações 508 e 504 foram as populações que apresentaram maior contribuição, com 13 e 9 progênies selecionadas, respectivamente (Tabela 11). As populações 501 e 503 contribuíram com 6 progênies selecionadas cada uma. Este resultado indica o desempenho genotípico médio superior destas populações para os caracteres avaliados (ARQ, PROD e AG) e para os ambientes considerados. Isto indica que estas populações apresentam maior frequência de alelos favoráveis para os caracteres ARQ, PROD e AG simultaneamente, nesse estágio do programa de seleção recorrente (Ciclo 1). Outras populações que contribuíram com progênies selecionadas pelo índice FAI-BLUP foram 506 com duas progênies e 502 e 505, nas quais apenas uma progênie foi selecionada.

Ainda na tabela 11, foi possível observar que 20 das 38 progênies selecionadas como auxílio do índice FAI-BLUP apresentaram médias fenotípicas de ARQ que não diferiram da testemunha A525 de porte ereto e médias fenotípicas de PROD e AG que não diferiram da testemunha Pérola nos ambientes considerados, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade. Outras três progênies (1, 61 e 72), além de apresentarem desempenhos semelhantes a estes para ARQ e PROD, foram superiores à cultivar Pérola em relação à característica AG, na seca de 2014. Estes resultados reforçam o potencial que as progênies selecionadas apresentam para a extração de linhagens que sejam superiores em desempenho para ARQ, PROD e AG.

5.4. Diversidade genética entre as progênies selecionadas

A estimativa do coeficiente de correlação entre as duas matrizes de distância euclidiana padronizada entre as 38 progênies selecionadas com relação aos caracteres ARQ, PROD e AG, referentes a cada ambiente (inverno/2012 e seca/2014), não foi significativa pelo teste de Mantel a 1% de probabilidade. Este fato indica diferença na diversidade genotípica manifestada entre as progênies nos ambientes considerados. Nos agrupamentos de Tocher obtidos com base nessas mesmas matrizes (Tabela 12), número diferenciado de grupos também foram observados em cada ambiente, sendo 4 grupos no inverno de 2012 e 8 grupos na seca de 2014. Estes resultados corroboram a existência de diferentes níveis de diversidade genotípica entre as progênies de acordo com o ambiente em que as progênies foram avaliadas, resultante da interação genótipos x ambientes (G x A). Em termos genéticos, a interação G x A se deve à expressão diferencial de genes com a mudança do ambiente (Nicotra et al., 2013).

Tabela 12. Agrupamento de Tocher para as progênies selecionadas visando a extração de linhagens com base em suas médias genotípicas para as variáveis nota de arquitetura de plantas (ARQ), produção de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (AG) nos ambientes do inverno de 2012 (geração F_{2:3}) e seca de 2014 (geração F_{2:4})

| Inverno /2012 | | Seca / 2014 | |
|---------------|---|-------------|---|
| Grupo | n ¹ | Grupo | n |
| 1 | 33 | 1 | 19 |
| | 503_53, 501_8, 508_139, 508_152, 504_70, 508_136, 504_74, 501_13, 504_61, 504_72, 508_134, 501_1, 508_137, 508_150, 506_104, 508_151, 506_110, 508_149, 508_144, 503_45, 504_64, 502_25, 508_146, 503_51, 503_46, 508_148, 505_95, 504_60, 503_44, 508_145, 504_71, 508_147, 501_10 | | 501_4, 501_13, 504_74, 508_146, 508_134, 501_12, 501_8, 508_145, 505_95, 504_60, 504_71, 508_136, 508_149, 508_139, 501_10, 508_152, 503_44, 504_70, 502_25 |
| 2 | 2 | 2 | 7 |
| | 504_75, 504_62 | | 506_110, 503_46, 503_45, 506_104, 508_151, 508_144, 503_51 |
| 3 | 2 | 3 | 3 |
| | 503_48, 501_4 | | 508_147, 508_150, 504_64 |
| 4 | 1 | 4 | 2 |
| | 501_12 | 5 | 2 |
| | | 6 | 2 |
| | | 7 | 2 |
| | | 8 | 1 |
| | | | 504_61, 501_1 |
| | | | 508_148, 508_137 |
| | | | 503_53, 503_48 |
| | | | 504_62, 504_72 |
| | | | 504_75 |

¹n = número de progênies integrantes de cada grupo

Portanto, destaca-se a necessidade de se capitalizar os efeitos desta interação G x A nos procedimentos de seleção em programas de melhoramento do feijoeiro, a fim de produzir linhagens superiores e com maior adaptabilidade. Vale lembrar que as progênies avaliadas encontravam-se na segunda (F_{2:3}) e terceira (F_{2:4}) geração de autofecundação no inverno de 2012 e na seca de 2014, respectivamente. Assim, parte da diferença de variabilidade expressa em função dos ambientes em que as progênies foram avaliadas é devido ao efeito da endogamia, mas cabe ressaltar que o índice FAI-BLUP capta tanto este efeito como os de interação G x A, pois foram estimadas as médias BLUP de progênies para cada ambiente e característica, as quais foram consideradas no índice FAI-BLUP como novas variáveis.

Com a obtenção de médias BLUP a partir do efeito de progênies aninhado às populações de origem e a utilização do índice FAI-BLUP foi possível selecionar progênies de maior número de populações, devido ao efeito significativo de populações (Figura 1), ou seja, elevada variabilidade entre as populações. Com isto, espera-se que a seleção tenha contemplado progênies menos aparentadas ou com maior variabilidade entre elas, o que aumenta a chance de sucesso de algumas linhagens extraídas dessas progênies apresentarem maior adaptabilidade quando avaliadas em outros ambientes.

A diversidade entre as progênies selecionadas para os caracteres ARQ, PROD e AG, em cada um dos ambientes considerados, pode ser visualizada por meio dos biplots das análises de componentes principais (Figura 3). O comprimento das setas indica a importância relativa das características na discriminação das progênies captada pelos dois componentes principais, dada pela carga fatorial de cada variável nos componentes e estimada pela correlação entre a variável e cada um dos componentes. No ambiente do inverno de 2012 houve maior importância de AG na discriminação das progênies comparada à ARQ e PROD, enquanto que no ambiente da seca de 2014 as três características contribuíram de forma semelhante (Figura 3).

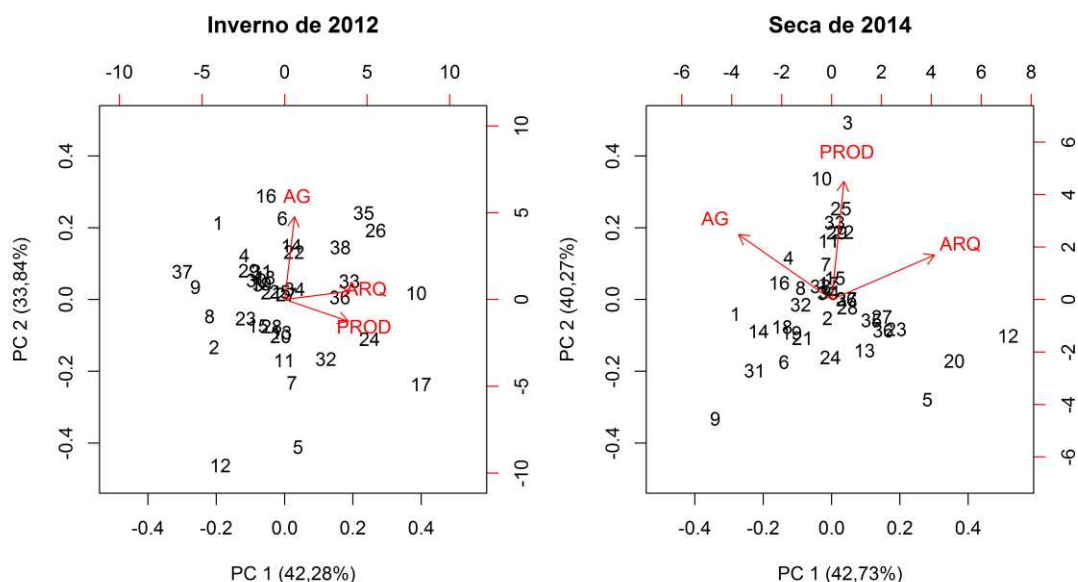


Figura 3. Biplot da análise de componentes principais correspondente à diversidade genética das 38 progênies selecionadas pelo índice FAI-BLUP com potencial para a extração de linhagens superiores quanto às características nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto comercial dos grãos (AG) nos ambientes do inverno de 2012 e da seca de 2014. A numeração de 1 a 38 no gráfico corresponde à ordem de classificação das progênies dada pelo índice FAI-BLUP, como pode ser visto na tabela 11.

O ângulo formado entre as setas indica o coeficiente de correlação entre cada par de caracteres, em que o cosseno deste ângulo corresponde ao coeficiente de correlação ($\cos 0^\circ = 1$; $\cos 90^\circ = 0$ e $\cos 180^\circ = -1$) (Figura 3). Desta forma, para o ambiente do inverno de 2012, entre 38 progênies selecionadas, foram obtidos valores de correlações iguais a 0,26 ($\cos 74,93^\circ$) entre ARQ e PROD, 0,07 entre ARQ e AG ($\cos 85,99^\circ$) e -0,03 ($\cos 91,72^\circ$) entre PROD e AG. No ambiente da seca de 2014, as correlações foram de 0,23 ($\cos 76,70^\circ$) entre ARQ e PROD, -0,28 entre ARQ e AG ($\cos 85,99^\circ$) e 0,21 entre PROD e AG (Figura 3). De maneira geral, as estimativas do coeficiente de correlação entre os caracteres ARQ, PROD e AG foram de baixa magnitude (Figura 3).

As setas apresentadas nos gráficos biplot estão direcionadas sempre no sentido do maior valor de suas respectivas características. Assim, progênies posicionadas no sentido da seta de PROD e contrários às setas de ARQ e AG se destacam quanto a esses caracteres, uma vez que menores valores ARQ e de AG estão associados a plantas mais

eretas e de melhor aspecto de grãos, respectivamente. Assim, é possível observar que as progênies selecionadas apresentam deficiências em um ou mais dos caracteres ARQ, PROD e AG, o que também pode ser verificado a partir das predições de ganho (Tabela 11). Estes resultados ressaltam que o intercruzamento de progênies das populações do ciclo I podem elevar o potencial destas populações visando a extração de linhagens superiores, para as características ARQ, PROD e AG simultaneamente, no ciclo seguinte.

6. CONCLUSÕES

- O modelo de estrutura aninhada de progênies às populações de origem mostrou-se importante na predição dos valores genotípicos para uso na seleção de progênies oriundas de diferentes populações.

- A utilização do índice FAI-BLUP permitiu a seleção de progênies com elevado potencial para a extração de linhagens superiores quanto à arquitetura de plantas, a produtividade de grãos e o aspecto de grãos do tipo carioca. O índice também se mostrou promissor em capitalizar os efeitos da interação GxA, aumentando as chances de obter linhagens com adaptabilidade quando testadas em diferentes condições ambientais.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACQUAAH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. Blackwell Publishing, 2007. 569 p.

ALVES, A. F. et al. Genetic progress and potential of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 4, p. 218–226, 2015.

ANJOS, R. S. R. **Seleção recorrente fenotípica pelo diâmetro do hipocótilo no melhoramento da arquitetura do feijoeiro**. 2015. 63 f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2015.

BATISTA, L. G. et al. Multigeneration Index in the Selection of Common Bean Inbred Families. **Crop Science**, v. 57, n. 5, p. 2354, 2017.

BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 1997. 230 f. Tese (Doutorado em agronomia - Genética e melhoramento de plantas). Universidade de São Paulo, São Paulo, 1997.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury, MN: Stemma Press, 2010. 390p

COLLICCHIO, E. **Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos**. 1995. 98 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1995.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S.; **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 1**. 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 2**. 3. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2014. 668p.

DEMPSTER, A. P.; LAIRD, N. M.; RUBIN, D. B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)**, v. 39, n. 1, p. 1-38. 1977.

DUNNETT, C. W. A multiple comparison procedure for comparing several treatments with a control. **Journal of the American Statistical Association**. v. 50, p. 1096-1121. 1955.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow, England. Ed. Longman, 1996. 464p.

GARCÍA-E, R. et al. Recurrent selection for quantitative resistance to soil-borne diseases in beans in the Mixteca regions, Mexico. **Euphytica**, v. 130, p. 241–247, 2003.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; VON KROSIGK, C. M.. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v. 15, n. 2, p. 192-218, 1959.

KAISER, H. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, p. 187-200, 1958.

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

MORAIS JÚNIOR, O. P. et al. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v. 72, n. 4, p. 297-305, 2015.

MORAIS JÚNIOR, O. P. et al. Effectiveness of recurrent selection in irrigated rice breeding. **Crop Science**, v. 57, n. 6, p. 3043-3058, 2017.

MOURA, L. M. et al. Diallel analysis to choose parents for black bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, p. 1-12, 2016.

MOURA, M. M. et al. Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 4, p. 417-425, 2013.

NICOTRA, A. B. et al. Plant phenotypic plasticity in a changing climate. **Trends in Plant Science**, v. 15, n. 12, p. 684-692, 2010.

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. **Philosophical Magazine**, v.2, p.559-572, 1901.

PEREIRA, F. C. et al. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding**, v. 136, n. 5, p. 679-687, 2017.

PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.

PIEPHO, H. P.; WILLIAMS, E. R. A comparison of experimental designs for selection in breeding trials with nested treatment structure. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 113, n. 8, p. 1505-1513, 2006.

PIRES, L. P. M. et al. Recurrent mass selection for upright plant architecture in common bean. **Scientia Agricola**, v. 71, n. 3, p. 240-243, 2014.

POERSCH, N. L. **Diâmetro do hipocótilo como caráter auxiliar no melhoramento da arquitetura do feijoeiro**. 2013. 40 f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2013.

POSADAS, L. G., ESKRIDGE, K. M., SPECHT, J. E., GRAEF, G. L. Elite performance for grain yield from unadapted exotic soybean germplasm in three cycles of a recurrent selection experiment. **Crop Science**, v. 54, n. 6, p. 2536-2546. 2014.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 28 de setembro de 2018.

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

RAMALHO, M. A. P.; PIROLA, L. H.; ABREU, Â. F. B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 12, p. 1989–1994, 1998.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Obtenção de cultivares. In: CARNEIRO, J. E.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: Do plantio à colheita**. Viçosa: Ed. UFV, 2015. p. 96-114.

RESENDE, M. D. V. et al. Selection index with parents, populations, progenies, and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, v. 56, n. 2, p. 530–546, 2016.

ROCHA, J. R. A. S. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**, 2018.

SILVA, G. S. et al. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 299–304, 2008.

SILVA, V. M. P. et al. Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, v. 70, n. June, p. 167–175, 2013a.

SILVA, V. M. P. et al. Genetic improvement of plant architecture in the common bean. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 123, p. 3093–3102, 2013b

THOMPSON, R. Estimation of genetic parameters. In: In: MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. 2. ed. CABI Publishing. 2005. p. 235-245.

VELLO, N. A.; NAZATO, F. M. Seleção recorrente. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. **Melhoramento da soja**. Viçosa: Ed. UFV, 2017. p. 222- 248.

CAPÍTULO II

OTIMIZAÇÃO DA ETAPA DE RECOMBINAÇÃO DE PROGÊNIES EM PROGRAMAS DE SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO

1. RESUMO

Populações segregantes com desempenho favorável e alta variabilidade genética para os caracteres de interesse aumentam as chances de sucesso da seleção em programas de melhoramento. Na obtenção destas populações, a orientação dos cruzamentos é etapa crucial, de forma que o objetivo deste trabalho foi propor uma estratégia de orientação dos cruzamentos visando otimizar a etapa de recombinação em programa de seleção recorrente de feijoeiro da UFV. Neste sentido, 19 progênies de cada uma das 20 populações do ciclo I do programa de seleção recorrente de feijão carioca da UFV foram avaliadas nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$, nos ambientes do inverno de 2012 e seca de 2014, respectivamente. Os caracteres avaliados foram: arquitetura de plantas (ARQ), produtividade (PROD) e aspecto comercial dos grãos do tipo carioca (AG). Inicialmente, foram obtidas as médias BLUPs a partir de uma estrutura aninhada de progênies às populações de origem. Estas médias foram utilizadas na seleção da progênie de maior potencial em cada uma das 20 populações, com base no índice FAI-BLUP, considerando cada característica avaliada em ambiente diferente como novas variáveis. Como critério para a definição dos cruzamentos entre as progênies selecionadas, visando a etapa de recombinação, priorizou-se tanto a variabilidade quanto o desempenho médio predito das populações. Em apenas 14 das 190 combinações possíveis foram atendidos os critérios de ausência de genitores em comum e ganho no sentido favorável para todas as variáveis. Ainda assim, a metodologia proposta resultou na orientação de mais cruzamentos com ausência de genitores comuns em sua genealogia e com ganhos favoráveis para a maioria das variáveis consideradas quando comparada à estrutura de cruzamentos pré-determinada, frequentemente utilizada em programas de seleção recorrente de feijoeiro. Também se observou que, pela nova proposta, foram recomendadas combinações entre progênies que apresentam diversidade genética para os caracteres e ambientes considerados. Assim, a metodologia proposta possui potencial para otimizar a etapa de orientação dos cruzamentos na fase recombinação de programas de seleção recorrente do feijoeiro, bem como de outras espécies de plantas autógamas.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., orientação de cruzamentos, ganhos genéticos preditos, índice FAI-BLUP.

2. ABSTRACT

Segregating populations with favorable performance and high genetic variability for traits of interest increase the probability to succeed in selection in plant breeding. Crossing orientation is a crucial step to obtain these populations and the objective of this study was to propose a strategy for crossing orientation in order to optimize the recombination stage in a common bean recurrent selection program from UFV. Therefore, 19 progenies from each of the 20 populations from the first cycle of the carioca-type common bean recurrent selection program from UFV were evaluated in the $F_{2:3}$ and $F_{2:4}$ generations, in winter of 2012 and drought of 2014, respectively. The following traits were evaluated: plant architecture (ARQ), grain yield (PROD) and appearance of carioca-type grains (AG). Initially, BLUP means were obtained from a nested structure of progenies within populations. These means were used to select the progeny of greatest potential in each of the 20 populations, based on FAI-BLUP index, considering each trait evaluated in each one of the environments as new variables. The criteria utilized to establish each combination among two selected progenies prioritized both genetic variability and the mean predicted performance of populations. Only 14 out of the 190 possible combinations matched both criteria of absence of common parents in genealogy and genetic gains with favorable direction for all variables. Nevertheless, the proposed methodology resulted in the orientation of more crossings with absence of common parents in their genealogy and with favorable gains for most of the considered variables, when it was compared to the pre-determined crossing structure frequently used in common bean recurrent selection programs. It was also observed genetic diversity among the participating progenies in the proposed combinations. Therefore, the proposed methodology is promising in order to optimize crossing orientation in recombination stage of recurrent selection programs of common bean, as well as of other autogamous species.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., crossing orientation, predicted genetic gain, FAI-BLUP index.

3. INTRODUÇÃO

Embora desenvolvida, a princípio, para o melhoramento de espécies alógamas (JENKINS, 1940; HULL, 1945; COMSTOCK et al., 1949), a seleção recorrente tem sido aplicada com sucesso no melhoramento de espécies autógamias, como o trigo (MACHADO et al., 2010; P et al., 2014), arroz (MORAIS JÚNIOR et al. 2015 e 2017, ZHANG et al., 2014) e soja (POSADAS et al., 2014). No caso do feijoeiro, progresso genético para diversos caracteres de importância para o melhoramento da cultura também tem sido observado com a utilização dessa estratégia (RAMALHO, ABREU e SANTOS, 2005; ARANTES, ABREU e RAMALHO, 2010; MENEZES JÚNIOR et al., 2013; ALVES et al., 2015).

Em síntese, a seleção recorrente constitui-se de uma técnica cíclica que compreende as fases de obtenção e avaliação de plantas individuais ou progênies, a seleção daquelas superiores e a sua recombinação para gerar a população segregante do ciclo seguinte. Dessa forma, o melhoramento de cada população se dá a cada ciclo, por meio do aumento da frequência de alelos favoráveis para os caracteres de interesse, sendo uma técnica especialmente útil no melhoramento de caracteres quantitativos (BERNARDO, 2010; RAMALHO et al., 2012; BORÉM e MIRANDA, 2013). Devido à natureza poligênica desses caracteres e por sua expressão sofrer grande influência do ambiente é necessário, em muitos casos, avaliar as progênies em diferentes condições ambientais, visando obter estimativas mais acuradas dos valores genotípicos (VELLO e NAZATO, 2017). Além disso, a avaliação das progênies em diferentes ambientes permite capitalizar o efeito da interação genótipos x ambientes, visando o desenvolvimento de linhagens com ampla adaptabilidade.

Diante do interesse em combinar alelos de diferentes genitores em programas de seleção recorrente, Ramalho et al. (2012) recomendam, a cada ciclo, realizar

hibridações direcionadas, bem como o processo de seleção de forma simultânea. Os autores citam como metodologia, para realizar as hibridações, a estratégia de recombinação proposta por Bearzoti (1997). Neste caso, 20 pais, linhagens ou progênes, cruzados cada um com dois outros em esquema de dialelo circulante, produzem 20 populações base, as quais constituem o ciclo zero (C_0) do programa de seleção recorrente. Para caracteres quantitativos, neste ciclo e nos subsequentes, é selecionada a melhor progênie de cada população. Estas são recombinadas de forma pré-determinada seguindo a estrutura de recombinação de um dialelo circulante em que cada progênie cruza com duas outras. A estratégia de recombinação proposta por Bearzoti (1997) garante que, inicialmente, não se repita pais em cruzamentos e que com o avanço dos ciclos haja aumento do número de genitores com representatividade genética nas populações (Ramalho et al.,2012).

A estrutura de cruzamentos pré-determinada proposta por Bearzoti (1997) apresenta o inconveniente de direcionar os cruzamentos considerando apenas não repetir genitores nas combinações, em especial, nos primeiros ciclos. Esta estratégia prioriza a variabilidade nas 20 populações obtidas a cada ciclo, contudo não considera o desempenho médio das populações oriundas da recombinação para os diferentes caracteres de interesse. Assim, o objetivo deste trabalho foi propor uma estratégia de orientação dos cruzamentos, visando otimizar a recombinação, para programas de seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro.

4. MATERIAL E MÉTODOS

Para orientar os cruzamentos, foram utilizadas as médias BLUPs de 380 progênies F_{2:3} e F_{2:4} avaliadas nos ambientes do inverno de 2012 e da seca de 2014, respectivamente, sendo 19 progênies de cada uma das 20 populações F₂ do ciclo I de um programa de seleção recorrente, visando o melhoramento do porte em feijão do tipo carioca (Tabela 13).

Os procedimentos experimentais, assim como a modelagem estatística para a estimação dos efeitos aninhados de progênies foram descritos no capítulo I. Os caracteres avaliados em nível de parcela foram arquitetura de plantas (ARQ), por meio de uma escala de notas (Tabela 4), produtividade de grãos (PROD) em kg ha⁻¹ e aspecto comercial dos grãos do tipo carioca (AG), também por uma escala de notas (Tabela 5).

Tabela 13. Genealogia das 20 populações segregantes do ciclo I (C₁) do programa de seleção recorrente de feijão carioca da UFV (adaptado de POERSCH, 2013)

| População | Genealogia |
|-----------|--|
| 501 | BRS Valente / BRSMG Madrepérola // BRS Horizonte / L1 ¹ |
| 502 | BRS Supremo / L2 ² // BRS Horizonte / L3 ³ |
| 503 | BRS Supremo / L3 // CNFC 9466 / VC6 |
| 504 | BRS Horizonte / VC6 // CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola |
| 505 | BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola // A805 / BRSMG Majestoso |
| 506 | BRS Horizonte / L1 // A805 / BRSMG Madrepérola |
| 507 | BRS Horizonte / L3 // A805 / L2 |
| 508 | CNFC 9466 / VC6 // A805 / L3 |
| 509 | CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola // A170 / VC6 |
| 510 | A805 / BRSMG Majestoso // A170 / BRSMG Madrepérola |
| 511 | A805 / BRSMG Madrepérola // A170 / L2 |
| 512 | A805 / L2 // A170 / L3 |
| 513 | A805 / L3 // A525 / BRSMG Majestoso |
| 514 | A170 / VC6 // A525 / L1 |
| 515 | A170 / BRSMG Madrepérola // A525 / L2 |
| 516 | A170 / L2 // BRS Valente / BRSMG Madrepérola |
| 517 | A170 / L3 // BRS Supremo / L2 |
| 518 | A525 / BRSMG Majestoso // BRS Supremo / L3 |
| 519 | A525 / L1 // BRS Horizonte / VC6 |
| 520 | A525 / L2 // BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola |

¹ L1: Linhagem proveniente do cruzamento UTF 0013 / Rudá-R

² L2: Linhagem proveniente do cruzamento GEN 12-2 / Rudá-R

³ L3: Linhagem proveniente do cruzamento CNFC 9437 / Rudá-R

Após a estimação das médias BLUP, foi utilizado o índice FAI-BLUP (Rocha et al., 2018) para selecionar a progênie de maior potencial para cada uma das 20 populações, considerando a distância genótipo - ideótipo. Os escores do índice FAI-BLUP foram obtidos com base nos mesmos ideótipos definidos no capítulo I (tabela 6), visando identificar as progênies com comportamento mais próximo do interesse para os caracteres avaliados em cada um dos ambientes.

As 20 progênies de maior potencial selecionadas, sendo uma de cada população, foram, inicialmente, utilizadas para a recombinação visando a obtenção das populações segregantes do ciclo II (C₂) do programa de seleção recorrente de feijão carioca. A metodologia proposta visou a orientação dos cruzamentos entre as 20 progênies, em que cada progênie será recombinada, a princípio, com duas outras, resultando em 20 populações do ciclo C₂. Esta metodologia foi baseada na filosofia da maximização da frequência de alelos favoráveis para as 20 populações, ou seja, maximizar a predição de ganho com a seleção em sentido favorável considerando, simultaneamente, para os três caracteres (ARQ (-), PROD (+) e AG (-)) nos dois ambientes considerados. Ainda, com o intuito de capitalizar a interação progênies x ambientes, foi considerado o desempenho das progênies para as variáveis em cada ambiente de forma individual. Para tanto, as avaliações de cada característica em diferentes ambientes foram tratadas como novas variáveis e utilizadas na determinação dos ideótipos (Tabela 6) do índice FAI-BLUP.

Neste sentido, foram preditos os ganhos com a seleção da melhor família de cada população em relação à média de todas as progênies avaliadas para cada variável, conforme a expressão seguir:

$$GS_{ijv} (\%) = \frac{\bar{X}_{ijv} - \bar{X}_{..v}}{\bar{X}_{..v}} \times 100$$

Em que: GS_{ijv} (%) é o ganho de seleção da melhor progênie i da população j para a variável v ; \bar{X}_{ijv} é a média BLUP da melhor progênie i da população j para a variável v ; $\bar{X}_{..v}$ é a média BLUP geral de todas 380 progênies para a variável v .

Visando otimizar a recombinação, a orientação dos cruzamentos foi feita de forma a evitar combinações que apresentavam genitores em comum além de maximizar o ganho predito no sentido favorável para cada variável. Também se utilizou o ranking das 20 progênies quanto às suas frequências de alelos favoráveis para os caracteres ARQ, PROD e AG no processo de otimização da recombinação.

Assim, com a finalidade de ranquear as 20 progênies quanto às suas frequências de alelos favoráveis, foi obtida a capacidade combinatória das progênies pela predição de ganho para as 190 possíveis combinações híbridas $([20 \times (20 - 1)] / 2)$ entre as melhores progênies de cada população, ou seja, envolvendo o cruzamento biparental entre progênies selecionadas. O ganho predito para cada combinação foi dado pela média aritmética dos ganhos associados à seleção de cada progênie das populações (j e j') envolvidas no cruzamento, conforme a equação a seguir:

$$GS_{(v)j \times j'} = \frac{GS_{ijv} + GS_{ij'v}}{2} \text{ para } j \neq j'.$$

Em que: $GS_{(v)j \times j'}$ é o ganho predito associado à variável v , em percentagem, para a combinação entre a melhor progênie das populações j e j' ; GS_{ijv} é o ganho de seleção, em percentagem, da melhor progênie i da população j para a variável v ; e $GS_{ij'v}$ é o ganho de seleção, em percentagem, da melhor progênie i da população j' para a variável v .

Com base nos resultados obtidos na equação anterior, foi possível predizer, para cada variável, a capacidade combinatória ou valor de combinação (VC) de cada

população, representada nos cruzamentos pela sua melhor progênie, de acordo com a seleção pelo índice FAI-BLUP. O valor de combinação de uma população j (VC_j) é a capacidade média da sua melhor progênie promover ganhos de seleção preditos mais elevados e no sentido favorável do caractere quando cruzada com a melhor progênie das demais populações. Desta forma, foi utilizada a seguinte equação para obter os valores de VC_j :

$$VC_{(v)j} = \frac{\sum_{j'=1}^{20} GS_{(v)jxj'}}{19} \text{ para } j \neq j'.$$

Em que: $VC_{(v)j}$ corresponde ao valor de combinação de uma população j considerando uma variável v ; $GS_{(v)jxj'}$ é o ganho predito associado à variável v , em percentagem, para a combinação entre a melhor progênie das populações j e j' .

As populações foram classificadas de forma univariada quanto à média das estimativas de VC nos dois ambientes considerados. Posteriormente, a soma dos rankings relativos a cada variável foi utilizada para classificar as populações de forma multicaracterística quanto ao seu VC . Esta informação foi utilizada para definir a ordem de prioridade das progênies no estabelecimento dos cruzamentos. Com isso, as populações de maior potencial em termos de frequência de alelos favoráveis foram priorizadas e os cruzamentos nos quais elas estavam envolvidas foram estabelecidos primeiramente, com as orientações dos cruzamentos subsequentes seguindo a ordem decrescente de VC .

Com o intuito de diminuir a participação de progênies de populações com baixa frequência de alelos favoráveis para os caracteres de interesse na recombinação, populações de baixo potencial combinatório ou VC participaram de apenas um cruzamento ou não foram utilizadas na recombinação. Já aquelas populações de maior valor de combinação, as quais também apresentaram maior potencial para a extração de

linhagens superiores (capítulo 1), foram utilizadas em mais de dois cruzamentos, porém, utilizando também a segunda melhor progênie destas populações, segundo o índice FAI-BLUP.

A estratégia proposta de orientação dos cruzamentos foi comparada a aquela normalmente utilizada em programas de seleção recorrente do feijoeiro, cujos cruzamentos seguem a estrutura pré-determinada adaptada de Bearzoti (1997). Como critérios de comparação, foram utilizados o número de genitores comuns envolvidos (NGC) e o número de variáveis com ganho em sentido indesejável (VGI) nos cruzamentos adotados nas duas estratégias.

A diversidade entre as progênies envolvidas nos cruzamentos recomendados pela nova proposta, relativa aos caracteres ARQ, PROD e AG, foi quantificada em cada um dos ambientes testados, utilizando técnica de componentes principais (PEARSON, 1901). Este procedimento foi realizado com o auxílio do software R por meio do comando princomp do pacote stats (R CORE TEAM, 2018).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Seleção da progênie de maior potencial genético em cada população utilizando o índice FAI-BLUP

Na tabela 14 são apresentadas as médias genotípicas agrupadas pelo método de otimização de Tocher e as predições de ganho de seleção de cada progênie, selecionada em cada população com o uso do índice FAI-BLUP, quanto aos caracteres ARQ, PROD e AG avaliados nos ambientes inverno de 2012 e seca de 2014.

Para a característica ARQ, destacam-se as progênies oriundas das populações 518 e 514, por pertencerem ao grupo de menores notas nos ambientes inverno de 2012 e seca de 2014, respectivamente. Com relação à PROD, no ambiente do inverno de 2012 destacam-se as progênies das populações 501 e 509, que foram alocadas no grupo de

média superior a 5500 kg ha⁻¹, enquanto no ambiente da seca de 2014, o destaque foi para a progênie selecionada na população 517, com média genotípica acima de 4900 kg ha⁻¹. Para AG, no ambiente do inverno de 2012 o grupo de menor média de notas foi formado pelas progênies oriundas das populações 501, 502, 504, 505, 506, 507, 508, e 520. No ambiente da seca de 2014, no entanto, apenas dois grupos para AG foram formados, sendo que o de maior média (média desfavorável) foi constituído apenas da progênie proveniente da população 517 (Tabela 14). As magnitudes das predições de ganho com a seleção da melhor progênie de cada população refletem o desempenho médio dessas progênies para cada variável considerada. Essa associação direta se deve ao fato de que as predições de ganho foram feitas a partir das médias BLUPs.

Em geral, as progênies selecionadas apresentam maior potencial, ou notas menores, para ARQ comparado a AG. Ressalta-se que na obtenção do ciclo C₁ deste programa de seleção recorrente foi realizada seleção apenas para a característica ARQ de forma indireta pelo diâmetro do hipocótilo, tendo sido obtido progresso genético para ARQ (ANJOS, 2015).

Considerando as predições de ganho para as progênies selecionadas de cada população, observou-se desempenhos variados das progênies ARQ, PROD e AG nos ambientes inverno de 2012 e seca de 2014 (Tabela 14). Esses resultados indicam que os alelos favoráveis para os caracteres ainda se encontram em diferentes progênies, pois não se tem para progênie (s) com predição de ganho máximo e em sentido favorável para todos os caracteres e ambientes considerados. Assim, a recombinação entre as progênies de forma orientada é fundamental para piramidar os alelos favoráveis para os caracteres ARQ, PROD e AG nas populações melhoradas do ciclo subsequente de seleção recorrente, visto que aumentará o potencial destas populações para a extração de linhagens superiores para os caracteres de interesse.

Tabela 14. Médias genotípicas e ganho com a seleção predito (GS%), em relação à média geral, para as variáveis nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade em kg ha⁻¹ (PROD) e nota de aspecto de grãos (AG) avaliadas nos ambientes inverno de 2012 e seca de 2014 das melhores progênies (Prog) de cada população (Pop) ranqueadas pelo índice FAI-BLUP

| Pop | Prog | Médias genotípicas | | | | | | GS% | | | | | |
|-------------|------|--------------------|-----------|--------|-----------|-----------|--------|--------------|--------|--------|-----------|-------|--------|
| | | Inverno/2012 | | | Seca/2014 | | | Inverno/2012 | | | Seca/2014 | | |
| | | ARQ | PROD | AG | ARQ | PROD | AG | ARQ | PROD | AG | ARQ | PROD | AG |
| 501 | 12 | 2,34 d † | 5584,65 a | 2,32 a | 2,85 b | 4065,41 c | 3,04 a | -0,24 | 27,17 | -35,35 | 0,63 | 3,69 | -12,19 |
| 502 | 29 | 2,40 e | 5126,91 c | 2,33 a | 2,93 b | 4006,38 c | 3,05 a | 2,34 | 16,75 | -35,16 | 3,37 | 2,19 | -11,93 |
| 503 | 57 | 2,10 c | 4364,17 f | 3,25 b | 2,50 b | 4638,55 b | 3,04 a | -10,36 | -0,62 | -9,55 | -11,89 | 18,31 | -12,45 |
| 504 | 71 | 1,90 b | 4576,40 e | 2,31 a | 2,71 b | 4039,48 c | 2,76 a | -19,21 | 4,21 | -35,70 | -4,41 | 3,03 | -20,53 |
| 505 | 95 | 2,09 c | 3990,34 g | 2,52 a | 2,93 b | 3994,58 c | 2,94 a | -11,03 | -9,13 | -29,78 | 3,36 | 1,88 | -15,21 |
| 506 | 104 | 2,44 e | 4257,98 f | 2,43 a | 2,86 b | 4374,70 b | 2,97 a | 3,96 | -3,04 | -32,28 | 1,01 | 11,58 | -14,38 |
| 507 | 125 | 2,46 e | 4993,54 c | 2,36 a | 2,93 b | 3697,41 d | 3,01 a | 4,56 | 13,71 | -34,36 | 3,50 | -5,70 | -13,19 |
| 508 | 141 | 2,06 c | 4571,20 e | 2,75 a | 2,53 b | 4426,43 b | 3,06 a | -12,13 | 4,10 | -23,48 | -10,67 | 12,90 | -11,73 |
| 509 | 167 | 2,18 c | 5507,10 a | 3,78 c | 2,77 b | 4352,29 b | 3,30 a | -7,36 | 25,41 | 5,36 | -2,27 | 11,01 | -4,98 |
| 510 | 172 | 2,44 e | 4607,72 e | 3,99 c | 2,64 b | 4086,18 c | 3,07 a | 4,06 | 4,93 | 11,23 | -6,73 | 4,22 | -11,43 |
| 511 | 193 | 2,12 c | 4579,23 e | 3,75 c | 2,87 b | 4307,23 b | 3,05 a | -9,60 | 4,28 | 4,44 | 1,26 | 9,86 | -11,93 |
| 512 | 219 | 2,52 e | 4882,63 d | 3,10 b | 2,77 b | 3999,07 c | 3,32 a | 7,46 | 11,19 | -13,55 | -2,24 | 2,00 | -4,33 |
| 513 | 237 | 2,10 c | 4278,90 f | 3,09 b | 2,53 b | 3860,91 c | 3,05 a | -10,62 | -2,56 | -13,79 | -10,86 | -1,52 | -11,97 |
| 514 | 253 | 1,97 b | 4067,86 g | 4,09 c | 1,98 a | 4118,08 c | 2,84 a | -16,05 | -7,37 | 13,89 | -30,19 | 5,03 | -18,23 |
| 515 | 275 | 2,15 c | 4418,46 f | 3,79 c | 2,82 b | 4129,79 c | 3,04 a | -8,32 | 0,62 | 5,63 | -0,49 | 5,33 | -12,38 |
| 516 | 288 | 1,97 b | 4772,50 d | 4,09 c | 2,98 b | 4418,92 b | 2,81 a | -16,02 | 8,68 | 13,96 | 5,31 | 12,71 | -18,83 |
| 517 | 320 | 2,18 c | 5371,67 b | 4,49 d | 2,95 b | 4920,06 a | 4,51 b | -6,98 | 22,32 | 25,22 | 4,06 | 25,49 | 30,02 |
| 518 | 329 | 1,82 a | 4778,82 d | 4,04 c | 2,61 b | 3818,88 c | 3,29 a | -22,36 | 8,82 | 12,49 | -7,93 | -2,60 | -5,26 |
| 519 | 358 | 2,41 e | 3831,71 h | 3,54 c | 2,69 b | 4410,51 b | 3,06 a | 2,71 | -12,74 | -1,49 | -5,15 | 12,49 | -11,86 |
| 520 | 374 | 2,50 e | 4108,02 g | 2,33 a | 3,06 b | 3806,24 c | 2,09 a | 6,33 | -6,45 | -35,02 | 7,97 | -2,92 | -39,81 |
| Média geral | | 2,35 | 4391,31 | 3,59 | 2,83 | 3920,69 | 3,47 | - | - | - | - | - | - |

†: Médias seguidas da mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo estabelecido pelo método de otimização de Tocher. As letras seguem a ordem alfabética, iniciando por aqueles grupos de média mais favorável para cada caractere considerado.

5.2. Predição de valor de combinação (VC) para as progênes selecionadas

A classificação das progênes provenientes de cada uma das 20 populações com base nas predições do valor de combinação (VC), ou predições de ganho médio quando cruzadas com todas as demais progênes, para cada característica individualmente e, também simultaneamente, é apresentada na tabela 15.

Para ARQ, as três progênes de maior VC, ou que resultaram em maiores médias de predições de ganho e em sentido favorável (-) quando cruzadas com todas as demais, foram aquelas provenientes das populações 514, 518 e 504, com médias de predições de ganho médio iguais a -13,3%, -9,6% e -8,0%, respectivamente. Para PROD, as progênes oriundas das populações 517, 509 e 501 foram as de destaque, com predições de ganho médio de 14,5%, 11,8% e 10,5%, respectivamente. Por fim, em relação a AG, as populações de melhor capacidade combinatória foram 520, 504 e 507, com predições de ganho de -23,5%, -19,1% e -17,0%. Em geral, verificou-se que diferentes populações, representadas pela sua melhor progênie, se destacaram como aquelas de maior VC para cada um dos caracteres ARQ, PROD e AG. O valor VC de uma progênie é dado pela sua capacidade combinatória predita, o que reflete o seu potencial em termos de frequência de alelos favoráveis.

Considerando um enfoque multicaracterístico por meio do valor de combinação para os caracteres ARQ, PROD e AG, simultaneamente, as progênes de maior frequência de alelos favoráveis foram as selecionadas nas populações 504, 508 e 503 (Tabela 16), em que a soma dos rankings de cada característica foi considerada. Do total de 38 progênes recomendadas para extração de linhagens (capítulo I), 28 são provenientes destas três populações, o que corrobora a elevada frequência de alelos favoráveis para os caracteres ARQ, PROD e AG nessas populações. Já as progênes das populações 510, 520 e 519 foram as que apresentaram as menores frequências de alelos

favoráveis, considerando ARQ, PROD e AG, simultaneamente, com os menores valores de VC.

Houve comportamento diferenciado das progênies selecionadas quando classificadas quanto ao VC de forma uni ou multicaracterística (Tabela 15). Este fato indica a necessidade da recombinação entre as progênies de diferentes populações com o intuito de acumular os alelos favoráveis para os caracteres ARQ, PROD e AG.

Em programas de seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro (ARANTES, ABREU e RAMALHO, 2010; MENEZES JÚNIOR et al., 2013; ALVES et al., 2015) tem sido adotada a estratégia de recombinação proposta por Bearzoti (1997) e descrita por Ramalho et al. (2012). Essa estratégia prioriza a não repetição de genitores, por um maior número possível de ciclos, na genealogia das populações e usa uma estrutura de cruzamentos baseada em dialelo circulante, em que cada genitor cruza com outros dois (RAMALHO et al, 2012).

Diante da necessidade de maximizar a variabilidade genética para os caracteres avaliados nas populações a serem obtidas no ciclo II de seleção recorrente deste programa de melhoramento, também foi considerada, além dos ganhos preditos, a genealogia das progênies selecionadas na orientação dos cruzamentos.

Tabela 15. Valor de combinação (VC) da melhor progênie de cada população com base na sua capacidade combinatória em termos de ganho de seleção predito e sua classificação considerando os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e aspecto de grãos (AG), de forma uni e multivariada

| Pop | ARQ | | | | PROD | | | | AG | | | | ARQ + PROD + AG | |
|-----|-----------------|--------------|-------|-------------------|-----------------|--------------|-------|-------------------|-----------------|--------------|-------|-------------------|-----------------------|------------------|
| | VC | | | Rk 1 ^a | VC | | | Rk 2 ^b | VC | | | Rk 3 ^c | Soma (Rk1+Rk2+Rk3) | Ranking Geral |
| | Inverno 2012 | Seca 2014 | Média | | Inverno 2012 | Seca 2014 | Média | | Inverno 2012 | Seca 2014 | Média | | | |
| 501 | -3,2 | -1,3 | -2,3 | 15 | 15,8 | 5,1 | 10,5 | 3 | -22,2 | -11,9 | -17,0 | 4 | 22 | 4° |
| 502 | -2,0 | 0,0 | -1,0 | 18 | 10,8 | 4,4 | 7,6 | 5 | -22,1 | -11,8 | -16,9 | 5 | 28 | 6° |
| 503 | -8,0 | -7,3 | -7,7 | 5 | 2,6 | 12,1 | 7,3 | 6 | -10,0 | -12,0 | -11,0 | 10 | 21 | 3° |
| 504 | -12,2 | -3,7 | -8,0 | 3 | 4,9 | 4,8 | 4,9 | 13 | -22,4 | -15,8 | -19,1 | 2 | 18 | 1° |
| 505 | -8,4 | 0,0 | -4,2 | 11 | -1,4 | 4,3 | 1,4 | 19 | -19,6 | -13,3 | -16,4 | 7 | 37 | 15° |
| 506 | -1,3 | -1,2 | -1,2 | 16 | 1,5 | 8,9 | 5,2 | 11 | -20,7 | -12,9 | -16,8 | 6 | 33 | 9° |
| 507 | -1,0 | 0,0 | -0,5 | 19 | 9,4 | 0,7 | 5,0 | 12 | -21,7 | -12,4 | -17,0 | 3 | 34 | 12° |
| 508 | -8,9 | -6,7 | -7,8 | 4 | 4,8 | 9,5 | 7,2 | 7 | -16,6 | -11,7 | -14,1 | 8 | 19 | 2° |
| 509 | -6,6 | -2,7 | -4,7 | 8 | 14,9 | 8,6 | 11,8 | 2 | -2,9 | -8,5 | -5,7 | 18 | 28 | 7° |
| 510 | -1,2 | -4,8 | -3,0 | 13 | 5,2 | 5,4 | 5,3 | 10 | -0,1 | -11,5 | -5,8 | 17 | 40 | 18° |
| 511 | -7,7 | -1,0 | -4,4 | 10 | 4,9 | 8,1 | 6,5 | 8 | -3,4 | -11,8 | -7,6 | 13 | 31 | 8° |
| 512 | 0,4 | -2,7 | -1,1 | 17 | 8,2 | 4,3 | 6,3 | 9 | -11,9 | -8,2 | -10,0 | 11 | 37 | 16° |
| 513 | -8,2 | -6,8 | -7,5 | 6 | 1,7 | 2,7 | 2,2 | 18 | -12,0 | -11,8 | -11,9 | 9 | 33 | 10° |
| 514 | -10,7 | -15,9 | -13,3 | 1 | -0,6 | 5,8 | 2,6 | 17 | 1,1 | -14,8 | -6,8 | 16 | 34 | 13° |
| 515 | -7,1 | -1,9 | -4,5 | 9 | 3,2 | 5,9 | 4,6 | 15 | -2,8 | -12,0 | -7,4 | 14 | 38 | 17° |
| 516 | -10,7 | 0,9 | -4,9 | 7 | 7,0 | 9,4 | 8,2 | 4 | 1,2 | -15,0 | -6,9 | 15 | 26 | 5° |
| 517 | -6,4 | 0,3 | -3,1 | 12 | 13,5 | 15,5 | 14,5 | 1 | 6,5 | 8,1 | 7,3 | 20 | 33 | 11° |
| 518 | -13,7 | -5,4 | -9,6 | 2 | 7,1 | 2,2 | 4,6 | 14 | 0,5 | -8,6 | -4,1 | 19 | 35 | 14° |
| 519 | -1,8 | -4,1 | -3,0 | 14 | -3,1 | 9,3 | 3,1 | 16 | -6,2 | -11,7 | -8,9 | 12 | 42 | 20° |
| 520 | -0,1 | 2,1 | 1,0 | 20 | -0,2 | 2,0 | 0,9 | 20 | -22,0 | -25,0 | -23,5 | 1 | 41 | 19° |

^a: Ranking da melhor progênie de cada população quanto ao VC para ARQ; ^b: Ranking da melhor progênie de cada população quanto ao VC para PROD; ^c: Ranking da melhor progênie de cada população quanto ao VC para AG.

5.3. Combinações híbridas de progênies com genitores não comuns

Dentre as 190 combinações, duas a duas, possíveis entre as 20 progênies selecionadas, 39 combinações (Figura 4) poderiam ser realizadas sem envolver progênies daquelas populações com genitores em comum (Tabela 13). Das 39, apenas 14 combinações apresentam ganhos preditos no sentido favorável para todas as características e em cada um dos ambientes considerados. Assim, torna-se impossível atender aos dois critérios, no caso, ausência de genitores em comum e ganhos no sentido favorável para todas as variáveis consideradas, simultaneamente, uma vez que para o programa de seleção recorrente de feijão carioca da UFV visa-se a manutenção de 20 populações por ciclo.

Na estratégia proposta por Bearzoti (1997), apesar de priorizar a variabilidade nas populações a serem obtidas, os cruzamentos são pré-estabelecidos. Nesse sentido, essa estratégia pode ser aprimorada, orientando os cruzamentos de forma que maximize a probabilidade de melhoria das populações no ciclo seguinte, em termo de frequência de alelos favoráveis para os caracteres de interesse. Assim, os ganhos preditos com a realização de cada cruzamento envolvendo a combinação de duas entre as melhores progênies de quaisquer populações do ciclo I permite avaliar em quais dessas combinações seria possível esperar desempenho favorável para as seis variáveis avaliadas.

Figura 4. Combinações de populações sem genitores comuns e com ganho no sentido desejável para os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto comercial dos grãos (AG) avaliados nos ambientes inverno de 2012 e seca de 2014.

| 501 | 502 | 503 | 504 | 505 | 506 | 507 | 508 | 509 | 510 | 511 | 512 | 513 | 514 | 515 | 516 | 517 | 518 | 519 | 520 |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 501 | | X* | | | | | X* | | | | X | X* | | | | X | X* | | |
| | 502 | | | | | | | X | X | | | | X* | | | | | | |
| | | 503 | | X | X | | | | X | X* | | | | X* | X | | | | X |
| | | | 504 | | | | | | | | X* | X* | | | | X | X* | | |
| | | | | 505 | | | | | | | | | X | | | X | | | |
| | | | | | 506 | | | | | | | | | | | X | X* | | |
| | | | | | | 507 | | X | | | | | X | | | | | | |
| | | | | | | | 508 | | | | | | | X* | X* | | | | X |
| | | | | | | | | 509 | | | | X* | | | | | X | | |
| | | | | | | | | | 510 | | | | | | | | | X | |
| | | | | | | | | | | 511 | | | | | | | X | X | |
| | | | | | | | | | | | 512 | | | | | | | X | |
| | | | | | | | | | | | | 513 | | | X | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | 514 | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | 515 | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | 516 | | X | X | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | 517 | | X | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | 518 | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | 519 | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 520 |

Legenda:

X - Cruzamento sem genitores comuns

X* - Cruzamento sem genitores comuns e com ganho no sentido desejável para todos os caracteres

5.4. Orientação dos cruzamentos entre progênies selecionadas

A orientação dos cruzamentos, visando a obtenção das 20 populações para o ciclo II do programa de seleção recorrente, iniciou-se pela progênie de maior valor de combinação (Tabela 15). No caso, foi a progênie oriunda da população 504, considerando os critérios de maior ganho desejável em sentido favorável para as variáveis de interesse e ausência de genitores comuns. Para essa progênie destacaram-se as combinações 504 x 512 e 504 x 518, que atenderam aos dois critérios simultaneamente (Tabela 17).

Os demais cruzamentos foram estabelecidos de forma semelhante, considerando a ordem de prioridade estabelecida pelos valores de VC, quais sejam progênies das populações 508, 503 e assim, sucessivamente. A progênie proveniente da população 516, quinta colocada no ranking das progênies com melhor VC, foi a primeira em que, na definição dos cruzamentos, pelo menos um dos critérios adotados (ganho no sentido desejável para todas as variáveis e ausência de genitores não comuns) não foi atendido. Desta forma, os cruzamentos sugeridos para essa progênie (516 x 513 e 516 x 507) e para as outras progênies na mesma situação (502 x 509, 511 x 519, 506 x 514, 517 x 520, 505 x 512 e 505 x 515) foram definidos de forma a reduzir ao máximo o número de variáveis com ganho em sentido indesejável, além de limitar, em no máximo um, o número de genitores comuns (Tabela 17).

Para as progênies oriundas das populações 507, 510 e 519, algumas delas de baixa frequência de alelos favoráveis para ARQ, PROD e AG (Tabela 15), não houve combinações que atendessem de forma satisfatória, simultaneamente, aos dois critérios estabelecidos. Em virtude disto, as progênies das populações 507, 510 e 519 participaram de apenas um cruzamento. No segundo cruzamento foi utilizada a segunda melhor progênie das populações de maior potencial para a extração de linhagens (504,

508 e 503), cujas informações de média e ganho de seleção para as variáveis consideradas são apresentadas na tabela 16.

A inclusão da segunda melhor progênie das populações com maior frequência de alelos favoráveis, ou seja, maior VC, permitiu a recomendação de combinações híbridas (517 x 504b, 510 x 503b, 520 x 508b) com nenhum genitor comum e com ganho predito no sentido favorável para a maioria das variáveis consideradas. Ainda considerando especificamente as três combinações, duas delas envolvem progênies com desempenho superior para caracteres específicos, sendo a 517 para PROD e a 520 para AG (Tabela 15). Desta forma, o inter cruzamento destas progênies com outras de elevada frequência de alelos favoráveis para ARQ, PROD e AG pode levar à obtenção de populações com maior potencial para a extração de linhagens superiores em relação aos caracteres no ciclo II do programa de seleção recorrente.

Tabela 16. Média e ganho de seleção predito (em relação a média geral) da segunda melhor progênie das populações que mais possuíram progênies selecionadas para a extração de linhagens (Vide capítulo I)

| Pop | Trat | Médias genotípicas | | | | | | Ganho de seleção (%) | | | | | |
|-------------------|------|--------------------|---------|------|-----------|---------|------|----------------------|------|--------|-----------|-------|--------|
| | | Inverno/2012 | | | Seca/2014 | | | Inverno/2012 | | | Seca/2014 | | |
| | | ARQ | PROD | AG | ARQ | PROD | AG | ARQ | PROD | AG | ARQ | PROD | AG |
| 503b ¹ | 53 | 2,21 | 4417,20 | 2,55 | 2,87 | 4711,54 | 3,04 | -5,76 | 0,59 | -28,92 | 1,21 | 20,17 | -12,32 |
| 504b | 75 | 2,39 | 4589,09 | 1,70 | 2,67 | 4043,14 | 1,67 | 1,66 | 4,50 | -52,64 | -5,60 | 3,12 | -51,95 |
| 508b | 147 | 1,93 | 4469,56 | 2,94 | 2,29 | 4127,24 | 2,98 | -17,92 | 1,78 | -18,10 | -19,28 | 5,27 | -14,01 |

¹: refere-se a segunda melhor progênie da população classificada pelo índice FAI-BLUP

ARQ: nota de arquitetura de planta; PROD: produtividade de grãos (em kg ha⁻¹); AG: Nota de aspecto de grãos

Tabela 17. Número de genitores comuns (NGC), número de variáveis com ganho indesejável (VGI) e ganhos de seleção preditos médios (em %) para os cruzamentos recomendados segundo o esquema adaptado de Bearzoti (1997) e pela metodologia proposta

| Esquema adaptado de Bearzoti (1997) | | | | | | | | | | Metodologia proposta | | | | | | | | | |
|-------------------------------------|------------|-----|-----|-------------------|-------------------|-------------|-------------|---------------|---------------|---------------------------|------------|-----|-----|--------------|--------------|-------------|-------------|---------------|---------------|
| Pop ¹ | Cruzamento | NGC | VGI | ARQ1 ^a | ARQ2 ^b | PROD1 | PROD2 | AG1 | AG2 | Pop ¹ | Cruzamento | NGC | VGI | ARQ1 | ARQ2 | PROD1 | PROD2 | AG1 | AG2 |
| 1 | 501 x 509 | 1 | 0 | -3,80 | -0,82 | 26,29 | 7,35 | -14,99 | -8,58 | 1 | 504 x 512 | 0 | 0 | -5,88 | -3,32 | 7,70 | 2,51 | -24,62 | -12,43 |
| 2 | 502 x 510 | 0 | 1 | 3,20 | -1,68 | 10,84 | 3,20 | -11,96 | -11,68 | 2 | 504 x 518 | 0 | 0 | -20,78 | -6,17 | 6,52 | 0,22 | -11,60 | -12,89 |
| 3 | 503 x 511 | 0 | 0 | -9,98 | -5,32 | 1,83 | 14,08 | -2,56 | -12,19 | 3 | 508 x 501 | 0 | 0 | -6,19 | -5,02 | 15,64 | 8,30 | -29,41 | -11,96 |
| 4 | 504 x 512 | 0 | 0 | -5,88 | -3,32 | 7,70 | 2,51 | -24,62 | -12,43 | 4 | 508 x 515 | 0 | 0 | -10,23 | -5,58 | 2,36 | 9,12 | -8,93 | -12,06 |
| 5 | 505 x 513 | 1 | 1 | -10,82 | -3,75 | -5,85 | 0,18 | -21,79 | -13,59 | 5 | 503 x 501 | 0 | 0 | -5,30 | -5,63 | 13,28 | 11,00 | -22,45 | -12,32 |
| 6 | 506 x 514 | 1 | 1 | -6,05 | -14,59 | -5,20 | 8,31 | -9,19 | -16,30 | 6 | 503 x 511 | 0 | 0 | -9,98 | -5,32 | 1,83 | 14,08 | -2,56 | -12,19 |
| 7 | 507 x 515 | 0 | 2 | -1,88 | 1,51 | 7,17 | -0,18 | -14,36 | -12,79 | 7 | 516 x 513 | 0 | 1 | -13,32 | -2,78 | 3,06 | 5,59 | 0,08 | -15,40 |
| 8 | 508 x 516 | 0 | 0 | -14,07 | -2,68 | 6,39 | 12,80 | -4,76 | -15,28 | 8 | 516 x 507 | 1 | 1 | -5,73 | 4,40 | 11,20 | 3,51 | -10,20 | -16,01 |
| 9 | 509 x 517 | 1 | 3 | -7,17 | 0,89 | 23,87 | 18,25 | 15,29 | 12,52 | 9 | 502 x 514 | 0 | 0 | -6,86 | -13,41 | 4,69 | 3,61 | -10,63 | -15,08 |
| 10 | 510 x 518 | 1 | 1 | -9,15 | -7,33 | 6,88 | 0,81 | 11,86 | -8,34 | 10 | 502 x 509 | 0 | 1 | -2,51 | 0,55 | 21,08 | 6,60 | -14,90 | -8,45 |
| 11 | 511 x 519 | 0 | 2 | -3,44 | -1,94 | -4,23 | 11,18 | 1,48 | -11,90 | 11 | 509 x 513 | 0 | 0 | -8,99 | -6,57 | 11,42 | 4,74 | -4,22 | -8,47 |
| 12 | 512 x 520 | 1 | 3 | 6,89 | 2,87 | 2,37 | -0,46 | -24,29 | -22,07 | 12 | 511 x 519 | 0 | 2 | -3,44 | -1,94 | -4,23 | 11,18 | 1,48 | -11,90 |
| 13 | 513 x 501 | 0 | 0 | -5,43 | -5,12 | 12,31 | 1,08 | -24,57 | -12,08 | 13 | 506 x 518 | 0 | 0 | -9,20 | -3,46 | 2,89 | 4,49 | -9,90 | -9,82 |
| 14 | 514 x 502 | 0 | 0 | -6,86 | -13,41 | 4,69 | 3,61 | -10,63 | -15,08 | 14 | 506 x 514 | 1 | 1 | -6,05 | -14,59 | -5,20 | 8,31 | -9,19 | -16,30 |
| 15 | 515 x 503 | 0 | 0 | -9,34 | -6,19 | 0,00 | 11,82 | -1,96 | -12,41 | 15 | 517 x 520 | 1 | 1 | -0,33 | 6,01 | 7,94 | 11,29 | -4,90 | -4,89 |
| 16 | 516 x 504 | 1 | 1 | -17,62 | 0,45 | 6,45 | 7,87 | -10,87 | -19,68 | 16 | 517 x 504b | 0 | 0 | -2,66 | -0,77 | 13,41 | 14,31 | -13,71 | -10,96 |
| 17 | 517 x 505 | 0 | 2 | -9,00 | 3,71 | 6,60 | 13,69 | -2,28 | 7,41 | 17 | 505 x 512 | 1 | 1 | -1,79 | 0,56 | 1,03 | 1,94 | -21,67 | -9,77 |
| 18 | 518 x 506 | 0 | 0 | -9,20 | -3,46 | 2,89 | 4,49 | -9,90 | -9,82 | 18 | 505 x 515 | 1 | 2 | -9,68 | 1,44 | -4,26 | 3,61 | -12,08 | -13,80 |
| 19 | 519 x 507 | 1 | 1 | 3,63 | -0,83 | 0,49 | 3,40 | -17,92 | -12,53 | 19 | 510 x 503b | 0 | 0 | -0,85 | -2,76 | 2,76 | 12,20 | -8,85 | -11,88 |
| 20 | 520 x 508 | 0 | 1 | -2,90 | -1,35 | -1,18 | 4,99 | -29,25 | -25,77 | 20 | 520 x 508b | 0 | 1 | -5,79 | -5,66 | -2,33 | 1,17 | -26,56 | -26,91 |
| GS (%) geral médio | | | | -5,94 | -3,12 | 5,51 | 6,45 | -10,36 | -11,63 | GS (%) geral médio | | | | -6,79 | -3,50 | 5,54 | 6,89 | -12,24 | -12,67 |

1: Número das populações segregantes formadas do ciclo II do programa de seleção recorrente;

a: ARQ1, PROD1 e AG1: Ganho de seleção para as variáveis nota de arquitetura de plantas, produtividade de grãos e nota de aspecto de grãos avaliadas na safra do inverno de 2012;

b: ARQ2, PROD2 e AG2: Ganho de seleção para as variáveis nota de arquitetura de plantas, produtividade de grãos e nota de aspecto de grãos avaliadas na safra do seca de 2014.

5.5. Eficiência da estratégia proposta de orientação dos cruzamentos entre progênies selecionadas

A nova proposta de estratégia para a orientação dos cruzamentos foi comparada com a proposta adaptada de Bearzoti (1997), que é normalmente utilizada em programas de seleção recorrente do feijoeiro (Tabela 17).

Com relação ao número de genitores comuns (NGC) envolvidos nas combinações híbridas recomendadas, observou-se que, em ambas as estratégias, todas as combinações apresentaram no máximo um genitor comum em suas genealogias (Tabela 17). Entretanto, considerando o número de combinações com genitores não comuns nas genealogias, observou-se superioridade da estratégia proposta com 15 combinações (75%) em relação à estrutura pré-determinada adaptada de Bearzoti (1997) que obteve 12 combinações (60%). Ressalta-se que não foi possível evitar que parte dos cruzamentos, recomendados em ambas estratégias, envolvessem progênies de populações com ao menos um genitor em comum. Isto ocorreu devido ao fato das populações deste programa de seleção recorrente já possuírem em sua genealogia alguns genitores em comum desde o ciclo zero (C_0) (Tabela 2), o que ocorreu em função da elevada capacidade geral de combinação de alguns dos genitores, estimada em análise dialélica por Silva et al. (2013). As estimativas da capacidade geral e específica de combinação de um grupo de 14 genitores a partir da análise dialélica foram utilizadas para a escolha das populações de maior potencial para dar início ao programa de seleção recorrente (C_0) (POERSCH, 2013).

É importante ressaltar que, em alguns casos, programas de seleção recorrente de feijoeiro utilizam uma estrutura pré-determinada de cruzamentos, porém adaptada daquela sugerida a princípio por Bearzoti (1997). Na estratégia original, Bearzoti (1997) recomenda que 20 linhagens ou progênies sejam inter cruzadas em esquema de dialelo circulante, de forma que cada uma participe de dois cruzamentos, resultando em 20

populações, sendo que, a partir de então, as populações de cada ciclo são originadas de cruzamentos biparentais envolvendo a melhor progênie de cada população, por meio de uma estrutura pré-determinada de orientação dos cruzamentos. Esta estrutura prioriza a não repetição de genitores na genealogia das populações por número maior possível de ciclos (RAMALHO et al, 2012). Esta estratégia de recombinação tem sido adaptada em alguns programas de seleção recorrente do feijoeiro, de modo que, ao contrário de se partir de linhagens ou progênies, as populações segregantes a serem utilizadas no ciclo C₀ destes programas são selecionadas por meio de análises dialélicas. Assim, em função da capacidade geral de combinação de alguns genitores, as populações podem apresentar, já de início, genitores em comum em sua genealogia. Isto resulta em dificuldades no momento de se orientar os cruzamentos com o objetivo de gerar populações com alta variabilidade para os caracteres de interesse nos próximos ciclos. Além disto, a utilização da estrutura pré-determinada de cruzamentos não tem permitido considerar predições do desempenho médio das populações a serem obtidas pela recombinação para os caracteres de interesse.

Com relação aos ganhos preditos médios de todas as combinações recomendadas, observou-se ganhos preditos em sentido favorável para todas as variáveis tanto para a nova proposta de orientação dos cruzamentos quanto para a adaptada de Bearzoti (1997), com valores ligeiramente superiores para a primeira estratégia (Tabela 17). Entretanto, quando se considera as combinações individualmente, observou-se que, com a proposta para orientar os cruzamentos, apenas sete dos 20 cruzamentos recomendados apresentaram predição de ganho em sentido desfavorável para uma das seis variáveis consideradas e que em apenas dois cruzamentos (511 x 519 e 505 x 515) ocorreu predição de ganho em sentido desfavorável para duas variáveis (Tabela 17). Já para a estratégia de recombinação tradicional, adaptada de Bearzoti (1997), 12 dos 20 cruzamentos recomendados

apresentaram ao menos uma variável com ganho predito em sentido desfavorável. Destes, em dois casos (509 x 517 e 512 x 520) foi observado ganho predito em sentido desfavorável para três variáveis e em outros três casos (507 x 515, 511 x 519 e 517 x 505) para duas variáveis. Estes resultados corroboram a importância de se considerar as predições de ganho em estratégias visando a orientação dos cruzamentos em programas de seleção recorrente. Segundo Bernardo (2010), populações segregantes que associem média favorável para os caracteres de interesse à alta variabilidade genética são mais promissoras para a seleção de progênies de elevado potencial, que poderão ser utilizadas para a extração de linhagens superiores.

5.6. Diversidade entre as progênies a serem inter cruzadas

A diversidade genética, por meio da técnica de componentes principais, entre as progênies envolvidas na recombinação pela metodologia proposta de orientação dos cruzamentos considerando as variáveis ARQ, PROD e AG para cada um dos ambientes considerados pode ser visualizada na figura 5.

No ambiente do inverno de 2012 e da seca de 2014, os dois componentes principais captaram, respectivamente, 80,53% e 82,45% da variabilidade total entre as progênies. Os resultados indicam, segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), baixa distorção existente sobre as coordenadas projetadas nos gráficos para representar cada progênie, de forma que as inferências a respeito da diversidade genética existente entre elas, com relação aos caracteres ARQ, PROD e AG, podem ser feitas de forma satisfatória.

Pelos gráficos de dispersão observou-se dissimilaridade entre as progênies oriundas das populações do C₁ com relação aos caracteres ARQ, PROD e AG, especialmente no ambiente inverno de 2012 (Figura 5). Alguns exemplos de combinações recomendadas pela metodologia proposta de orientação dos cruzamentos

que envolvem progênies de maior diversidade entre si são 508 x 501, 503 x 501 e 517 x 520 no ambiente do inverno de 2012, além de 506 x 514, 503 x 501 e 517 x 520 no ambiente da seca de 2014. Este resultado favorece a probabilidade de obtenção de populações do C₂ com maior variabilidade genética para estes caracteres, o que potencializa as chances de sucesso visando a extração de linhagens superiores.

As setas referentes a cada característica, apresentaram, em geral, o mesmo comprimento, em ambos os gráficos biplot (Figura 5). Portanto, no inverno de 2012 e na seca de 2014, os caracteres ARQ, PROD e AG apresentaram importância relativa de magnitude semelhante na divergência genética captada pelos dois componentes principais e na discriminação de progênies.

No ambiente do inverno de 2012 foi observada baixa correlação entre os caracteres avaliados (Figura 5), indicando que em geral, as progênies selecionadas apresentam deficiências em um ou mais dos caracteres ARQ, PROD e AG. Estes resultados ressaltam a necessidade do intercruzamento destas progênies de forma orientada visando o melhoramento das características PROD, ARQ e AG, simultaneamente. Quanto ao ambiente da seca de 2014, foi observada alteração nas correlações entre os caracteres, principalmente entre PROD e AG, que neste ambiente passou a ser alta e positiva. Isto se deve à influência ambiental sobre os caracteres (interação genótipos x ambientes) resultante da avaliação nos dois ambientes. Em termos genéticos a interação genótipos x ambientes resulta da expressão diferencial de genes com a mudança do ambiente, conforme Nicotra et al., 2013. Estes autores ressaltam que na expressão diferencial dos genes estão envolvidos vários sinais de respostas às mudanças do ambiente como regulação na transcrição, variações epigenéticas, alterações pós-tradução, entre outras.

A diversidade genética para os caracteres de interesse entre progênies envolvidas em cruzamentos é fundamental para se aumentar a chance de sucesso na extração de

linhagens superiores no ciclo subsequente de um programa de seleção recorrente, como já realçado por Bernardo (2010), em que populações segregantes que associem alta variabilidade e média favorável para os caracteres de interesse são mais promissoras visando o melhoramento.

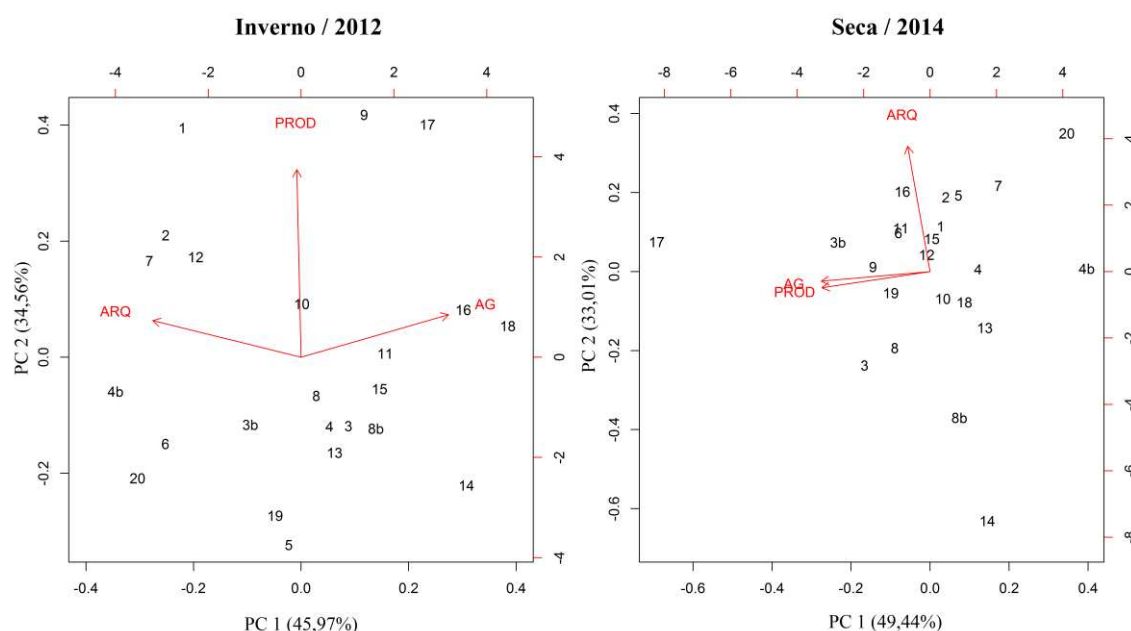


Figura 5. Biplot da análise de componentes principais correspondente à diversidade genética das progênies envolvidas na nova proposta de recombinação quanto às características nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto comercial dos grãos (AG) nos ambientes inverno/2012 e seca/2014. A numeração de 1 a 20 no gráfico corresponde à identificação da melhor progênie de cada uma das populações de 501 a 520 (tabela 13), respectivamente. Letra b, quando presente ao lado da numeração, corresponde à segunda melhor progênie da respectiva população.

6. CONCLUSÃO

A metodologia proposta de orientação dos cruzamentos, tendo como critérios o número de genitores comuns nas genealogia das progênies e as predições de ganho para cada combinação, mostrou-se promissora para otimizar a etapa de recombinação de progênies em programas de seleção recorrente.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, A. F. et al. Genetic progress and potential of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 4, p. 218–226, 2015.

ARANTES, L. D. O.; ABREU, Â. D. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 2007, p. 232–237, 2010.

BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 1997. 230 f. Tese (Doutorado em Agronomia - Genética e melhoramento de plantas). Universidade de São Paulo, São Paulo, 1997.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury, MN: Stemma Press, 2010. 390p.

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

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**. v. 41. p. 360–367. 1949.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S.; **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 1**. 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

HULL, F. H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. **Agronomy Journal**. v. 37. p. 134–145. 1945.

JENKINS, M. T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Agronomy Journal**. v. 32. p.55–63, 1940.

MACHADO, J. C. et al. Recurrent selection as breeding strategy for heat tolerance in wheat. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 1, p. 9–15, 2010.

MENEZES JÚNIOR, J. Â. N. et al. Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n. 1, p. 41–48, 2013.

MORAIS JÚNIOR, O. P. et al. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v. 72, n. 4, p. 297–305, 2015

MORAIS JÚNIOR, O. P. et al. Effectiveness of recurrent selection in irrigated rice breeding. **Crop Science**, v. 57, n. 6, p. 3043–3058, 2017.

NICOTRA, A. B. et al. Plant phenotypic plasticity in a changing climate. **Trends in Plant Science**, v. 15, n. 12, p. 684–692, 2010.

P, R. et al. Effect of recurrent selection on drought tolerance and related morpho-physiological traits in bread wheat. **Plos One**. v. 11, n. 6, 2016.

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. **Philosophical Magazine**, v.2, p.559-572, 1901.

POERSCH, N. L. **Diâmetro do hipocótilo como caráter auxiliar no melhoramento da arquitetura do feijoeiro**. 2013. 40 f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2013.

POSADAS, L. G. et al. Elite performance for grain yield from unadapted exotic soybean germplasm in three cycles of a recurrent selection experiment. **Crop Science**, v. 54, n. 6, p. 2536-2546. 2014.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 28 de setembro de 2018.

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

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522p.

ROCHA, J. R. A. S. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**, 2018.

VELLO, N. A.; NAZATO, F. M. Seleção recorrente. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. **Melhoramento da soja**. Viçosa: Ed. UFV, 2017. p. 222- 248.

ZHANG, L. et al. Recurrent selection for wider seedling leaves increases early biomass and leaf area in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Journal of Experimental Botany**. v. 66. n. 5. p. 1215–1226, 2015.

CONCLUSÕES GERAIS

As estratégias propostas de estruturação aninhada de progênies às populações de origem e de orientação de cruzamentos são promissoras para otimizar as etapas de seleção e de recombinação em programas de seleção recorrente de plantas autógamas.