

Universidade Federal do Piauí

**Progresso genético com base na seleção simultânea de caracteres
em linhagens elite de feijão-caupi**

Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres

**Dissertação apresentada à Universidade Federal
do Piauí como parte das exigências do Programa
de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento
para a obtenção do título de “Mestre”.**

Teresina

2015

Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres
Licenciado em Ciências Biológicas

**Progresso genético com base na seleção simultânea de caracteres em
linhagens elite de feijão-caupi**

Orientador:

Prof. Dr. Maurisrael de Moura Rocha

Dissertação apresentada à Universidade Federal
do Piauí como parte das exigências do Programa
de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento
para a obtenção do título de “Mestre”.

Teresina

2015

**Progresso genético com base na seleção simultânea de caracteres em linhagens elite de
feijão-caupi**

Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres

Licenciado em Ciências Biológicas

Aprovado em ____/____/____

Comissão Julgadora:

Dr. Adriana Rodrigues Passos - Universidade Estadual de Feira de Santana

Dr. Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira – Embrapa Meio-Norte

**Dr. Maurisrael de Moura Rocha – Embrapa Meio-Norte
(Orientador)**

**Dr. Kaesel Jackson Damasceno e Silva – Embrapa Meio-Norte
(Co-orientador)**

A Deus, pela vida, força, saúde e proteção que tem me dado desde
sempre.

Ofereço.

Aos meus pais Luís e Socorro pela combinação genética que me formou e
por tudo mais até hoje,
e às minhas irmãs Alzira, Juliana e Rafaela pelo apoio.

Dedico.

“Caminhar nessa estrada de bifurcações é tarefa difícil e por muitas vezes
fatídica,
e que no fim da jornada poderia ter gerados infinitos “EUS”,
a todos os professores que me guiaram com suas bússolas
por caminhos de justiça, sabedoria e de paz, e que
contribuíram para a formação de quem EU sou hoje
o meu sincero agradecimento.”

A minha homenagem.

AGRADECIMENTOS

A Deus porque és Meu Deus antes mesmo que eu nascesse pois “Ainda quando estava no ventre da mãe, já me conhecia”;

À Universidade Federal do Piauí e ao Programa de Genética e Melhoramento pela oportunidade de realizar esse curso, bem como ao conhecimento agregado;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí pela concessão da bolsa;

À Embrapa Meio-Norte pela oportunidade de estágio, infraestrutura concedida assim como a disponibilização do espaço físico e auxílio de pessoal para realização dos experimentos;

Ao Dr. Maurisrael de Moura Rocha, pesquisador da Embrapa Meio-Norte, pela calma, compreensão, disponibilidade de tempo, pelos ensinamentos/conhecimentos transmitidos e pela orientação;

Ao Dr. Kaesel Jackson Damasceno e Silva, pesquisador da Embrapa Meio-Norte, pela oportunidade de estágio concedida ainda na graduação e as oportunidades que surgiram no fim desta etapa, pelos ensinamentos e conselhos, pela compreensão, disponibilidade de tempo, pelo conhecimento transmitido e pela co-orientação;

Aos pesquisadores da Embrapa Dr. Francisco Rodrigues Freire Filho, Dr. Edson Alves Bastos, Dr. José Ângelo Nogueira de Menezes Júnior e Dr. Paulo Fernando Jorge de Melo Vieira, pela transmissão de conhecimento ao longo dos anos que estive na Embrapa Meio-Norte;

Aos funcionários da Embrapa Meio-Norte do Programa de Melhoramento Genético de Feijão-Caupi, em especial Manoel Gonçalves da Silva pelos conhecimentos diários sobre a cultura, Agripino Ferreira do Nascimento vulgo “pesado”, pelas brincadeiras e por tornar os dias de trabalho pesado divertidos (um dia ainda ganho do Sr. na enxada), Paulo Sérgio Monteiro pelos conhecimentos e “filosofias da vida”, Francisco Gregório, Antônio José Marques, Antônio dos Reis França, das Neves e Clodeildes Lima Nunes e ao Adão Cabral e Mauro pelos ensinamentos tecnológicos;

Às super mulheres do caupi por toda a ajuda durante os trabalhos, pela atenção, pela preocupação com ligações perguntando se já havia almoçado e todos os almoços preparados, em especial, Francisca dos Santos Silva, Maria das Graças Silva Costa e Augustinha Rodrigues Santos;

Aos bolsistas e estagiários que passaram pelo setor do caupi da Embrapa Meio-Norte durante esses anos pela amizade, carinho, piadas, risadas, ajuda nos campos experimentais nas tardes ensolaradas, conselhos e confiança, em especial Massaine Bandeira e Sousa, Caroline de Jesús Pires (Querolaine), Laíze Raphaele Lemos Lima (sempre me lembrado de tudo que esqueço, e ajudando no GEM), Danieles Guimarães Oliveira, Lígia Renata Almeida da Silva, Carlos Misael Bezerra de Sousa, Hendrie Ferreira Nunes, Rosana Mendes de Moura, Raylsson Rodrigues de Sousa e Jéssica Daniele Lustosa da Silva;

Ao meu primo, Artur Mendes Medeiros por todo o apoio, ajuda e conselhos, pelas discussões em videoconferência a respeito de genética, estatística e melhoramento, bem como sobre o futuro e os “10% do erro experimental” deste;

À Dra. Regina Lúcia Ferreira Gomes, professora da Universidade Federal do Piauí, pela oportunidade de estágio à docência, por toda a atenção, pelas brincadeiras mesmo “pegando no meu pé”, pelo carinho, dedicação, principalmente pela amizade e conselhos valiosos;

À Professora Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes pelo incentivo e atenção que teve para com todos os discentes nos anos que esteve como coordenadora;

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pelo conhecimento transmitido e conselhos que muito me ajudaram durante esse período e que levarei por toda a vida;

Aos colegas Camila Campêlo Silva e José Ribamar Assunção Filho por serem os primeiros a me ensinarem e ajudarem com dúvidas a respeito do Melhoramento Genético e ao Raimundo Nonato Silva sou seu fã;

Aos amigos das turmas de Mestrado em Genética e Melhoramento em especial ao “trio parada dura” Artemisa Nazaré Costa Borges, Jesuino da Silva Costa Martins e Marcones Ferreira Costa com os quais me diverti muito e aprendi muito sobre a ciência da vida nesses anos e pelas horas de conversas e conselhos, e por serem os pilares do Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento – GEM;

Aos meus irmãos na fé que congregam na Primeira Igreja Batista em Planalto Uruguai que torceram por essa conquista mesmo eu me mantendo distante devido à correria;

A todos os amigos e familiares que de alguma forma contribuíram para essa conquista, o meu muito obrigado!

*“Nesse campo chamado Vida, em que a casualização não é feita por nós,
a única forma de diminuir o erro, é aprender com as repetições das situações,
e fazer um controle bem rígido de emoções e decisões”.*

Mário Henrique

SUMÁRIO

RESUMO.....	10
ABSTRACT	11
LISTA DE FIGURAS	12
LISTA DE TABELAS	13
1 INTRODUÇÃO	15
2 REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1 Aspectos gerais da cultura do feijão-caupi.....	17
2.2 Parâmetros genéticos e fenotípicos	22
2.2.1 Componentes genéticos da variância	22
2.2.2 Coeficiente de variação genético	24
2.2.3 Coeficiente de determinação genético	26
2.3 Seleção simultânea de caracteres	28
2.4 Ganho genético.....	32
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	35
3.1 Material genético.....	35
3.2 Ensaio preliminar	35
3.3 Ensaios intermediários.....	37
3.4 Ensaio de valor de cultivo e uso (VCU).....	38
3.5 Análises estatístico-genéticas	38
3.5.1 Ensaio preliminar	38
3.5.2 Ensaio intermediário	39
3.5.3 Ensaio de valor de cultivo e uso	40
3.5.4 Estimativas de parâmetros genéticos	41
3.5.5 Coeficiente de correlação entre caracteres.....	41
3.5.6 Método dos níveis independentes de eliminação	42

3.5.7 Índice de seleção	42
3.5.8 Ganho genético.....	43
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	45
4.1 Ensaio Preliminar	45
4.1.1 Análises de variância individual	45
4.2 Ensaio intermediário	48
4.2.2 Análises de variância conjunta.....	48
4.3 Ensaio de valor de cultivo e uso (VCU).....	52
4.3.1 Ensaio de VCU de porte ereto/semiereto (VCUPE)	52
4.3.2 Ensaio de VCU de porte prostrado/semiprostrado (VCUPP)	57
4.4 Ganho genético.....	62
4.4.1 Ensaio de VCU de porte ereto/semiereto (VCUPE)	62
4.4.2 Ensaio de VCU de porte prostrado/semiprostrado (VCUPP)	66
5 CONCLUSÕES	69
REFERÊNCIAS.....	70

RESUMO

TORRES, M. H. R. M. **Progresso genético com base na seleção simultânea de caracteres em linhagens elite de feijão-caupi.** 83p. Dissertação (Mestrado/Genética e Melhoramento) – UFPI, Teresina, 2015.

Este trabalho teve como objetivo estimar o ganho genético com a seleção em linhagens elites de feijão-caupi por meio dos métodos dos níveis independentes de eliminação e de índices de seleção e comparar a eficiência destes. Foi utilizada uma população proveniente de 25 cruzamentos realizados nos anos de 2004 e 2005. Primeiramente foi realizado um experimento em delineamento de blocos aumentados de Federer, correspondendo ao ensaio preliminar, após a abertura de linhagens endogâmicas, sendo composto de 600 linhagens e quatro testemunhas. A partir deste ensaio, foram selecionadas 164 linhagens, que compuseram o ensaio intermediário, avaliado em delineamento de blocos incompletos do tipo látice simples 13x13, com cinco testemunhas, conduzido em dois ambientes. Foram selecionadas 31 linhagens nos ensaios intermediários que compuseram os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Estes foram divididos em ensaio de VCU de porte ereto/semiereto, composto de 15 linhagens e cinco testemunhas, e ensaio de VCU de porte prostrado/semiprostrado, composto de 16 linhagens e quatro testemunhas, conduzidos, respectivamente, em seis e cinco ambientes, no delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. Foram avaliados os caracteres valor de cultivo, porte da planta, acamamento, peso de 100 grãos e produtividade de grãos. Foram realizadas análises de variâncias individuais e conjuntas a as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott ($P \leq 0,05$). Houve diferenças significativas, para a maioria dos caracteres avaliados, em todos os ensaios, demonstrando a existência de linhagens superiores às cultivares testemunhas. No primeiro ciclo de seleção, o método dos níveis independentes apresentou eficiência na obtenção de ganhos genéticos simultâneos preditos e realizados. No segundo ciclo de seleção, os índices de soma de “ranks” de Mulamba e Mock e multiplicativo de Subandi apresentaram maior eficiência na obtenção de ganhos genéticos simultâneos esperado e realizado.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, seleção individual, índice de seleção, ganho previsto, ganho realizado, melhoramento de plantas.

ABSTRACT

TORRES, M. H. R. M. **Genetic progress based on simultaneous selection of traits in cowpea elite lines.** Dissertation (Master /Genetics and Breeding) – UFPI, Teresina, 2014.

This study aimed to estimate the genetic gain with selection in cowpea elite breeding lines by the methods of independent levels of elimination and selection indexes and compare the efficiency of these methods.. It used a population from 25 crosses performed in 2004 and 2005. It was first performed an experiment in the Federer augmented block design, corresponding to the preliminary trial, where the opening of inbred lines was performed, consisting of 600 lines and four checks. From this trial, 164 lines were selected, who composed the intermediate trial, evaluated in an incomplete blocks experimental design of simple lattice type, with five checks, conducted in both environments. From this trial, 31 lines were selected who composed the use and cultivation value (VCU), divided in erect / semi-erect VCU trial, consisting of 15 lines and five checks, and prostrate / semi-prostrate VCU trial, composed of 16 lines and four checks, conducted respectively in six and five environments, in a randomized block design with four replications. The following traits were evaluated: cultivation value, plant type, lodging, 100 grain weight and grain yield. Analyses were performed for individual and joint variance and the average grouped by the Scott-Knott test ($P \leq 0,05$). There were significant differences for most traits, in all trials, demonstrating the existence of lines higher than the cultivars checks. In the first selection cycle, the method of independent levels showed efficiency in obtaining predicted and realized simultaneous genetic gains. In the second selection cycle, the sum of ranks of Mulamba and Mock and multiplicative of Subandi index presented greater efficiency in obtaining simultaneous expected and realized genetic gains.

Key words: *Vigna unguiculata*, single selection, selection index, expected gain, realized gain, plant breeding.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 – Contribuição das diferentes regiões do país para a área total (ha) de plantio de feijão-caupi no Brasil, no período de 1985 a 2013. 18
- Figura 2 - Contribuição do feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) para a produção de feijão no Brasil, no período de 1985 a 2009. 19
- Figura 3 – Produtividade nacional de feijão-caupi e das diferentes regiões do país, no período de 1985 a 2013. 20
- Figura 4 – Participação das diferentes regiões do país na produção nacional de feijão-caupi, no período de 2011 a 2013. 20

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Relação dos cruzamentos e seus respectivos parentais.....	36
Tabela 2 – Resumo das análises de variância, com os coeficientes de variação e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais de feijão-caupi, para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), número de idas para o início da floração (NDIF), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtido a partir da avaliação de 561 genótipos de feijão-caupi. Parnaíba, PI, 2011.....	46
Tabela 3 – Média das linhagens no ensaio preliminar, média das linhagens selecionadas para compor o ensaio intermediário, e intensidade de seleção.....	48
Tabela 4- Resumo das análises de variância conjunta dos ensaios intermediários, com os coeficientes de variação e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtido a partir da avaliação de 169 genótipos de feijão-caupi. Teresina, PI e Parnaíba, PI, 2012.....	49
Tabela 5 - Intensidade de seleção, média das linhagens no ensaio intermediário, média das linhagens selecionadas para compor o ensaio VCUPE e VCUPP.....	52
Tabela 6 - Resumo das análises de variância conjunta dos ensaios de valor de cultivo e uso de porte ereto/semiereto, com os coeficientes de variação e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi em seis ambientes da região Meio-Norte do Brasil.	53
Tabela 7 – Médias de produtividade de grãos (kg.ha ⁻¹) de 20 genótipos de feijão-caupi de porte ereto e semiereto avaliados em seis ambientes da região Meio-Norte do Brasil.....	56

- Tabela 8 - Resumo das análises de variância conjunta dos ensaios de valor de cultivo e uso de porte prostrado/semiprostrado, com os coeficientes de variação e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi de porte prostrado/semiprostrado em cinco ambientes da região Meio-Norte do Brasil.58
- Tabela 9 – Médias do caractere produtividade de grãos (PG) de 20 genótipos de feijão-caupi de porte prostrado/semiprostrado avaliados em cinco ambientes da região meio-norte.....61
- Tabela 10 – Estimativas de ganhos genéticos esperado e realizado proporcionadas por diferentes critérios de seleção para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtidas a partir da avaliação de genótipos de feijão-caupi de porte ereto/semiereto.....63
- Tabela 11 – Estimativas de ganhos genéticos predito e realizado proporcionadas por diferentes critérios de seleção para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtidas a partir da avaliação de genótipos de feijão-caupi de porte prostrado/semiprostrado.67

1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma leguminosa dicotiledônea de origem africana. No Brasil, este é bastante cultivado nas regiões Norte e Nordeste, sendo uma das principais culturas para o pequeno agricultor. É rico em fibras, proteínas e minerais, sendo, portanto, de grande importância nessa região, ademais é um dos alimentos básicos para as populações mais pobres e, também, fonte de emprego e renda (TEÓFILO, 2008; FREIRE FILHO et al., 2011).

Entretanto, o seu cultivo não se restringe as regiões Norte e Nordeste, e segundo Freire Filho et al. (2011), a cultura do feijão-caupi ganhou espaço na região Centro-Oeste, inicialmente cultivada na safrinha, a cultura tem ganhado atenção entre os grandes produtores dessa região. Segundo dados da Embrapa Arroz e Feijão (2014), essa região produziu 33,38% da produção de feijão-caupi total do país no ano de 2013.

Um dos aspectos que contribuiu e foi crucial para o avanço da cultura do feijão-caupi na região Centro-Oeste foi o lançamento de cultivares com agregado de características importantes para o cultivo em grandes áreas, dentre elas, citam-se porte mais ereto da planta, alta produtividade, resistência a fitopatógenos, baixo acamamento da planta, aumento do peso de 100 grãos, bem como a redução do ciclo de maturação da planta. Esses resultados só foram possíveis graças a um programa de melhoramento com etapas bem elaboradas e infraestrutura adequada.

Com base nessa premissa, o programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte tem desenvolvido cultivares cada vez mais promissoras, e, que se ajustam as exigências do mercado. Desde a sua criação até 2011 já foram lançadas 22 cultivares (FREIRE FILHO et al., 2011).

Desse modo, a recomendação de uma cultivar constitui um evento importante e muito esperado pelo melhorista de plantas bem como por produtores. E equivale a reunir em um ou poucos materiais características que promovam um desempenho superior nestes frente aos encontrados no mercado.

Em face da necessidade de reunir um conjunto de caracteres, os melhoristas devem tomar uma série de cuidados ao longo das diversas etapas do programa de melhoramento até a obtenção da nova cultivar. Dentre esses cuidados, citam-se as preferências do mercado, a escolha dos parentais, o método de condução das populações segregantes, as estimativas de parâmetros genéticos, o método de seleção, os esquemas experimentais e os ambientes de avaliação.

Na obtenção de materiais genéticos que reúnam, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que lhe confira rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaçam as exigências do consumidor, podem ser utilizados três métodos de seleção simultânea: o método em *tandem*, o método dos níveis independentes de eliminação e os índices de seleção (CRUZ, 2012; RAMALHO et al., 2012).

Um fator importante no processo de obtenção de linhagens elite de feijão-caupi consiste na avaliação dos genótipos em ensaios, quando fica caracterizado seu desempenho em face de cultivares conhecidas com alto potencial produtivo e ampla adaptação. As técnicas de avaliação do progresso genético que utilizam informações obtidas em ensaios obrigatórios de linhagens elite nos programas de melhoramento permitem o acompanhamento do ganho genético obtido ao longo dos anos de maneira econômica e eficiente (VENCOVSKY et al., 1986; FERNANDES, 1988). Uma forma, também, eficiente de acompanhar o progresso genético foi proposta por Frey e Horner (1955), onde através de uma expressão sugerida por esses autores é possível calcular o ganho real e comparar com o predito. O acompanhamento desse progresso ao longo dos ciclos de seleção fornece subsídios importantes sobre a eficiência de seleção nos programas de melhoramento.

Este trabalho teve como objetivo estimar o ganho genético com a seleção em linhagens elites de feijão-caupi por meio do método dos níveis independentes de eliminação e índices de seleção e comparar a eficiência destes diferentes métodos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos gerais da cultura do feijão-caupi

O feijão-caupi, também conhecido como feijão-de-corda, feijão-macaça, feijão-de-praia e feijão-miúdo é uma planta *Dicotyledonea*, que pertence à ordem *Fabales*, família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae*, tribo *Phaseoleae*, subtribo *Phaseolinae*, gênero *Vigna*, subgênero *Vigna*, secção *Catiang*, espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp. Possui como centro primário de diversidade a região oeste da África. A sua introdução no Brasil ocorreu na segunda metade do século XVI pelos colonizadores portugueses no Estado da Bahia e, a partir daí, foi disseminado por todo o País (FREIRE FILHO et al., 2005; 2011)

O feijão-caupi é uma leguminosa bastante cultivada nas regiões secas dos trópicos, cobrindo parte da África, Ásia, Estados Unidos, Oriente Médio e Américas Central e do Sul. Estima-se que no ano de 2012 a produção mundial de feijão-caupi girou em torno de aproximadamente 1,9 milhões de toneladas (FAOESTAT, 2015). No Brasil, a cultura tem grande importância socioeconômica nas regiões Norte e Nordeste, com tradição em seu cultivo, comércio e consumo, ademais constitui um importante componente da dieta da população da região Nordeste (GRANGEIRO et al., 2005; ROCHA et al., 2009).

Os grãos de feijão-caupi estão entre as principais fontes de proteínas e energia para o homem na região Nordeste do Brasil, com cerca de 25% de proteínas, e 63% de carboidratos nos grãos. É uma rica fonte alimentar para as populações de baixa renda; além do mais, possui altos teores de fibra alimentar, vitaminas, minerais, e uma baixa quantidade de lipídeos (ARAUJO et al., 2002; FREIRE FILHO et al., 2005; FROTA et al., 2008).

A falta de dados estatísticos a respeito da área plantada, produção e produtividade do feijão-caupi ainda é uma realidade no Brasil. Em geral, o IBGE fornece dados estatísticos da cultura do feijão no Brasil, onde são considerados dados de feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) e feijão-caupi conjuntamente.

No Brasil, historicamente, a produção de feijão-caupi concentrava-se nas regiões Norte e Nordeste (FREIRE FILHO et al., 2011). A Figura 1 mostra claramente que o Nordeste é a região com maior contribuição para a área plantada dessa cultura.

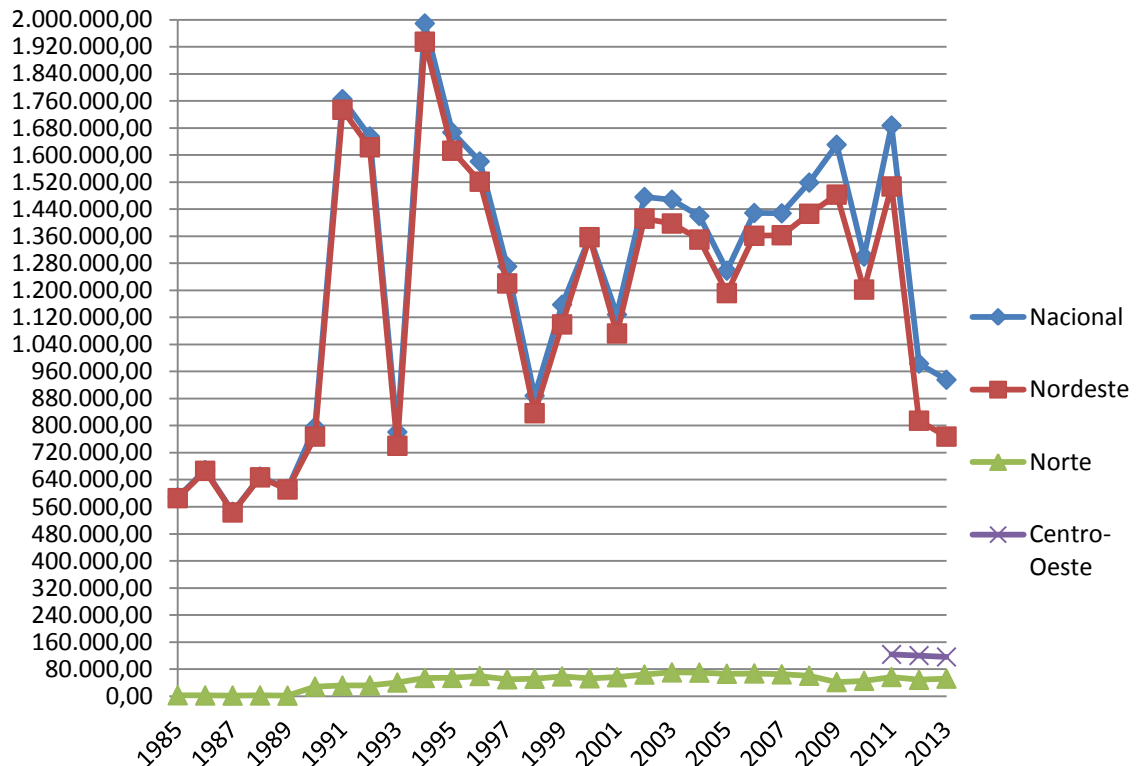


Figura 1 – Contribuição das diferentes regiões do país para a área total (ha) de plantio de feijão-caupi no Brasil, no período de 1985 a 2013.

Fonte: Embrapa Arroz e Feijão (2014).

Considerando o período de 2005 a 2009, as regiões Norte e Nordeste correspondem, respectivamente, a 1,28 milhão de hectares e 55,56 mil hectares da área cultivada com feijão-caupi no país (DAMASCENO-SILVA, 2009; FREIRE FILHO et al., 2011). No entanto esse cenário vem mudando nos últimos anos. Isso porque a cultura vem conquistando espaço na região Centro-Oeste em razão do desenvolvimento de cultivares com características mais adequadas ao cultivo mecanizado. A área de cultivo no estado do Mato Grosso, por exemplo, tem produzido nos últimos três anos mais de 100 mil hectares, chegando a aproximadamente 116 mil hectares (EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2014).

O feijão-caupi contribui com 37,53 % da área plantada e 15,48 % da produção de feijão total (feijão-caupi + feijão-comum) no país (DAMASCENO-SILVA, 2009; FREIRE FILHO et al., 2011), assim como demonstra a Figura 2.

Na região Nordeste, o cultivo do feijão-caupi é realizado principalmente por agricultores de pequeno e médio porte que ainda utilizam, na grande maioria,

práticas tradicionais, como semeadura e colheita manual, em cultivo de sequeiro e com baixo nível tecnológico, o que torna essa cultura uma fonte geradora de emprego e renda para várias famílias dessa região. O baixo uso de tecnologia, associado a fatores limitantes edafoclimáticos das áreas de cultivo, na grande maioria ocorrendo no ecossistema semiárido, contribui para a baixa produtividade dessa região ao longo dos anos (XAVIER et al., 2005; ROCHA et al., 2009; FREIRE FILHO, 2011), como se observa na Figura 3.

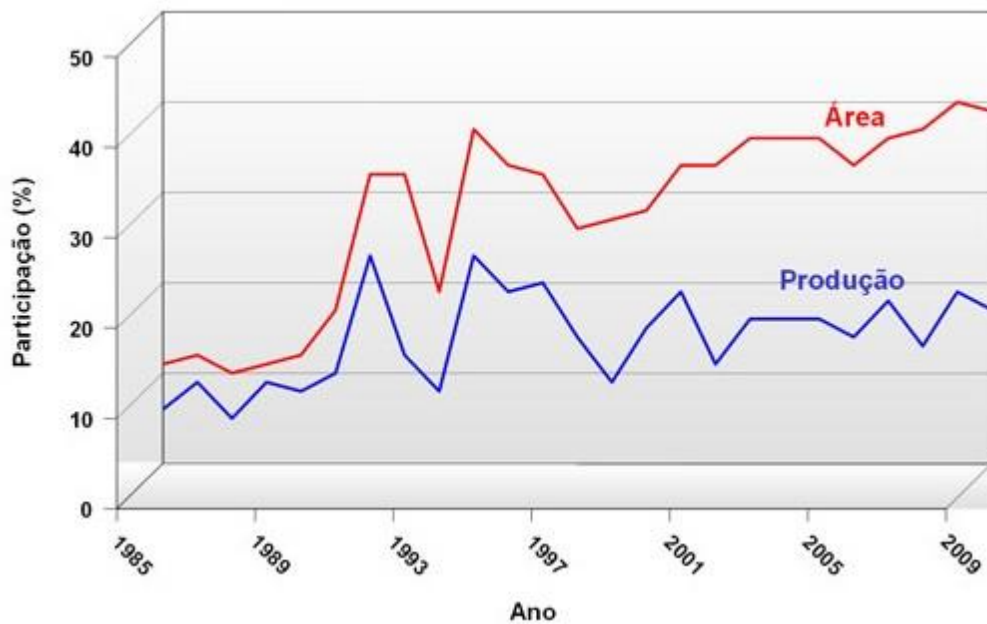


Figura 2 - Contribuição do feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) para a produção de feijão no Brasil, no período de 1985 a 2009.

Fonte: Embrapa Arroz e Feijão (2014).

Percebe-se por meio dos dados das figuras apresentadas que tanto a área de plantio, quanto produção (Figura 4) e produtividade tiveram uma redução nos anos de 2012 e 2013. Vale ressaltar que muito da produção de feijão-caupi não entra no cômputo da produção nacional, uma vez que grande parte da produção ainda é realizada na região nordeste onde pequenos agricultores realizam a prática da cultura para consumo próprio. Além disso, nessa região há uma grande procura pelo grão imaturo ou verde, sendo que este é vendido, principalmente, em feiras populares não sendo então computado, portanto, na apuração dos dados nacionais de produção. Esses fatores evidenciam que a estimativa de produção nacional de feijão-caupi tem sido subestimada ao longo dos anos, indicando que essa espécie possui uma demanda e uma produção muito maior do que a abordada na literatura.

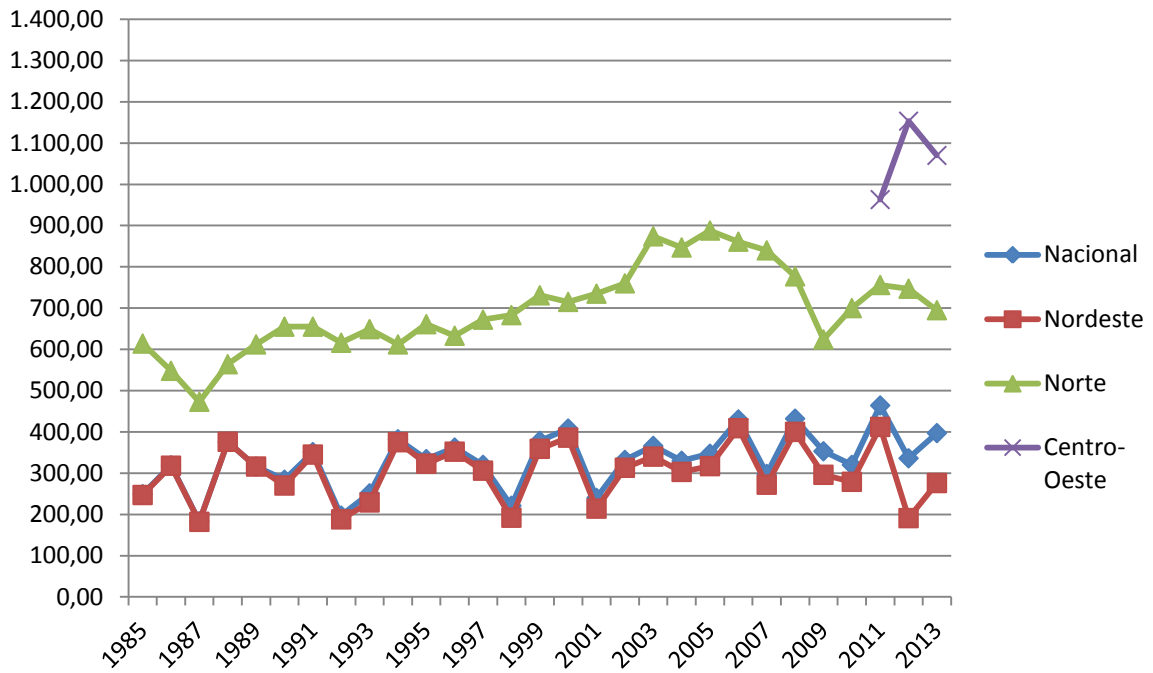


Figura 3 - Produtividade nacional de feijão-caupi e das diferentes regiões do país, no período de 1985 a 2013.

Fonte: Embrapa Arroz e Feijão (2014).

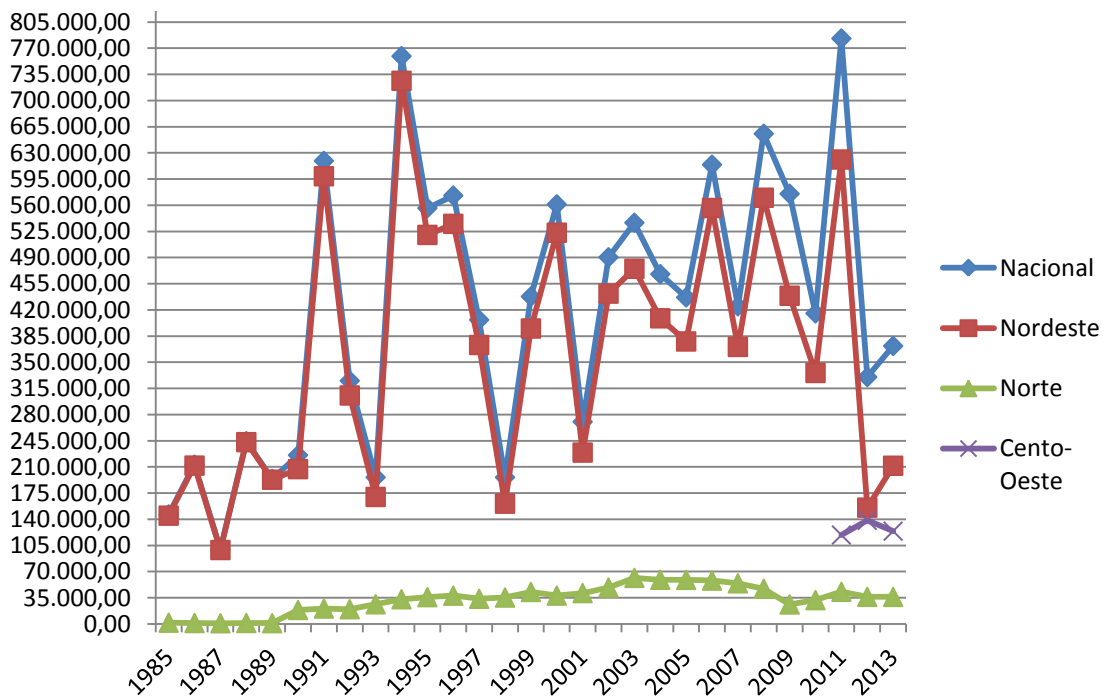


Figura 4 - Participação das diferentes regiões do país na produção nacional de feijão-caupi, no período de 2011 a 2013.

Fonte: Embrapa Arroz e Feijão (2014).

Na região Centro-Oeste do Brasil, no ano de 2011, o feijão-caupi ainda possuía uma participação pequena na produção nacional (15,20%) (Figura 4). Entretanto, deve-se destacar o crescente aumento da prática de cultivo dessa cultura na região, onde o feijão-caupi passou a ser cultivado em larga escala a partir de 2006, e a produção proveio principalmente de médios e grandes empresários que praticam uma lavoura tecnicada, incluindo a adoção de cultivares melhoradas, apresentando uma produtividade 1.070 kg ha^{-1} , no ano de 2013, superando à média nacional de 397 kg/ha , do mesmo ano (Figura 3).

Esses fatores, associados à incorporação de produtores com um novo perfil, e do mercado consumidor mais exigente, tem feito surgir novas demandas e, com isso, tem-se ampliado os objetivos do melhoramento genético da cultura (FREIRE FILHO et al., 2011). Esses aspectos têm gerado demanda por cultivares modernas que atendam às exigências de adensamento e de manejo dos sistemas tecnicados (BEZERRA et al., 2009).

O programa de melhoramento genético de feijão-caupi, liderado pela Embrapa Meio-Norte, tem desenvolvido cultivares para atender as exigências dos pequenos, médios e grandes produtores. E destaca-se como principais objetivos, a curto prazo, desenvolver cultivares de porte semiprostado, com arquitetura moderna, adequadas a agricultura familiar; desenvolver cultivares de portes ereto e semiereto com arquitetura moderna, adequadas ao cultivo totalmente mecanizado, para agricultura familiar e empresarial; e aumentar a adaptabilidade e a estabilidade da produção (DAMASCENO-SILVA, 2009; FREIRE FILHO et al., 2011).

Comparada a outras culturas, como soja, por exemplo, ainda há muito a ser explorado quanto ao potencial genético do feijão-caupi. No entanto já existem trabalhos que demonstram os avanços obtidos nessa cultura em várias áreas como biofortificação, resistência/tolerância a pragas, tolerância à seca, entre outros.

Embora os trabalhos de melhoramento genético do feijão-caupi para as Regiões Nordeste e Norte tenham sido iniciados há, aproximadamente 30 anos, se comparado a outras culturas, são poucas as cultivares recomendadas e lançadas comercialmente, já que de 1988 até 2010 foram lançadas somente 71 cultivares (FREIRE FILHO et al., 2011).

2.2 Parâmetros genéticos e fenotípicos

Ao conduzir um programa de melhoramento, o melhorista deve acompanhar sua população segregante, bem como as alterações, como mudanças fenotípicas e de frequências alélicas, que ela sofre em função do processo seletivo imposto. Isso é importante, uma vez que a seleção tem papel importante na manipulação de caracteres quantitativos, principalmente no que diz respeito a identificar, acumular e perpetuar alelos para estes caracteres, sendo esse o principal objetivo de um programa de melhoramento genético (MAURO et al., 1995; PASSOS et al., 2011; CRUZ et al., 2012).

O acompanhamento da população segregante possibilita ao melhorista o controle de sua população e de seus métodos. No entanto, a eficiência dos métodos adotados depende de informações que podem ser preditas por meio dos componentes de variância. Assim, a obtenção destes componentes tem sido de fundamental importância no melhoramento genético (MAURO et al., 1995; CRUZ et al., 2012).

2.2.1 Componentes genéticos da variância

O uso da variância no estudo dos caracteres quantitativos tem algumas vantagens, como, por exemplo, o fato de os efeitos individuais de cada loco ao serem elevados ao quadrado impossibilita que os efeitos de vários locos se cancelem caso os genes dominantes estejam agindo em sentidos contrários, e, isso faz com que se tenha uma ideia verdadeira do que realmente está ocorrendo, diferente do que ocorre com o uso da média.

Outra vantagem do uso da variância é possibilitar a estimativa de parâmetros genéticos e ambientais, permitindo identificar o tipo de ação gênica predominante no controle do caráter sob seleção e adotar estratégias de melhoramento mais eficientes, tanto para a obtenção de ganhos genéticos, como para manutenção de base genética mais adequada (RAMALHO et al., 1993; MAURO et al., 1995; RAMALHO et al., 2012b, Cruz et al., 2012). Somente com o conhecimento desses parâmetros, o melhorista pode tomar decisões acertadas sobre os métodos a serem seguidos (MORETI et al., 1994).

É sabido, também, que cada população apresentará, em cada ambiente, valores diferentes para os diversos parâmetros genéticos e estatísticos, pois esses parâmetros dependem da estrutura genética da população e das condições

ambientais. Sendo assim, pouco vale utilizar parâmetros estimados em outros locais e referentes a outras populações, para resolver problemas específicos, tais como fazer a previsão do progresso genético para certa população sob seleção. Neste caso, apenas parâmetros estimados na própria população e no próprio local têm valor (MORETI et al., 1994).

As variâncias genéticas aditivas e não-aditivas, coeficiente de variação genético, as correlações e as herdabilidades têm destaque entre os parâmetros de maior importância a serem estimados em um programa de melhoramento (ROSSMANN, 2001; ROCHA et al., 2003; CRUZ et al., 2012).

As estimativas das variâncias genéticas são obtidas com base em esperança matemática, onde são utilizados os quadrados médios da análise de variância realizada conforme o delineamento genético e experimental mais apropriado. A variância genética pode ser decomposta ainda em duas partes principais, a variância genética aditiva e variância genética não-aditiva, sendo essa última constituída pela variância genética de dominância e variância genética epistática (CRUZ et al., 2012; RAMALHO et al., 2012).

A fração herdável da variância genética é aquela referente aos alelos que são herdados, e é denominada variância aditiva, ou seja, a variância aditiva mede a variação dos efeitos que são transmitidos de uma geração para a próxima. A variância não-aditiva pode ser tanto resultante da combinação dos alelos em cada genótipo, dessa forma refere-se à interação intra-alélica e depende do tipo de combinação, assim não é herdada, nesse caso denominada variância atribuída aos efeitos de dominância. Ou pode, ainda, ser resultado da interação alélica entre dois ou mais locos diferentes, denominada nesse caso de variância atribuída a interações epistáticas (CRUZ et al., 2005; RAMALHO et al., 2012).

No melhoramento vegetal, tão importante quanto o genótipo de um indivíduo na população é a capacidade desse genótipo ser transmitido aos descendentes. Dessa forma, o conhecimento sobre a variabilidade genética existente na população e quanto dessa variabilidade é devido a cada um dos componentes da variância genética torna-se de fundamental importância no melhoramento, uma vez que a seleção realizada só será eficaz se recair sobre a parte herdável da variância total (CRUZ et al., 2005; RAMALHO et al., 2012b).

Rocha et al. (2009) estudando o controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi estimaram diferentes parâmetros, entre eles a

variabilidade genética aditiva (40,83) e dominante (10,83). E concluíram que o efeito gênico mais importante na determinação do comprimento do pedúnculo foi o de natureza aditiva, implicando maior facilidade no melhoramento com vistas à obtenção de genótipos com pedúnculos curtos.

Matos Filho et al. (2014) estudou o controle genético dos caracteres comprimento do ramo principal (CRP), número de nós no ramo principal (NNRP) e hábito de crescimento em feijão-caupi, a partir dos cruzamentos TE96-282-22G x TVX-5058-09C e TE96-282-22G x IT81D-1332. No cruzamento TE96-282-22G x TVX5058-09C, encontraram que a variância genética aditiva foi o componente mais importante da variância genética na geração F₂ para o CRP (87,22%), e no cruzamento TE96-282-22G x IT81D-1332, para o NNRP (57,56%). Já a variância atribuída à dominância, no cruzamento TE96-282-22G x TVX5058-09C, correspondeu a 12,78% da variância genética, para o CRP, e no cruzamento TE96-282-22G x IT81D-1332, correspondeu a 54,34% da variância genética para o NNRP.

2.2.2 Coeficiente de variação genético

Outra forma de estimar a variabilidade genética de uma população, principalmente em etapas mais avançadas de um programa de melhoramento, é através do uso do coeficiente de variância genético (CV_g).

O CV_g representa a razão entre o desvio-padrão genético e a média da população, ou seja, ele expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter e se constitui em um bom referencial, pelo fato de ser um parâmetro adimensional e diretamente proporcional à variância genética (RANGEL et al., 2000; FERRÃO et al., 2008). A sua importância é verificada pois permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente na população em diferentes caracteres, possibilitando comparar os níveis de variabilidade genética presente em diferentes genótipos, ambientes e caracteres (RESENDE et al., 1991; FERRÃO et al., 2008).

Outra vantagem de estimar coeficiente de variação genética é o fato de ser um indicador da grandeza relativa das mudanças que podem ser conseguidas em cada característica por meio da seleção, ou seja, um indicador do ganho genético (RANGEL et al., 2000).

De forma geral, a produção está entre as características mais focadas em um produto final de um programa de melhoramento. Dessa forma, o conhecimento sobre a sua variabilidade, bem como dos componentes de produção se torna

importante, uma vez que se pretende aumentar seu valor com ganhos significativos. Dessa forma, Silva e Neves (2011), avaliando 20 genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado, quanto ao potencial de rendimento e seus componentes, obtiveram valores de coeficiente de variação genético para o caráter índice de grãos, em regime de sequeiro de 3,59, para os caracteres peso de cem grãos de 14,99, produção 15,05 e valor de cultivo de 15,64, e no regime irrigado de 3,83 10,98, 15,20 e 29,09 respectivamente para os mesmos caracteres.

Matos Filho et al. (2009), estudando os componentes de rendimento e tentando identificar genótipos promissores quanto a produtividade de grãos e arquitetura da planta obtiveram-se valores de coeficiente de variação genético variando de 2,28 e 46,18 para o caráter número de dias para floração e comprimento do ramo principal, respectivamente.

Em um estudo realizado por Corrêa et al. (2012) com 19 genótipos de feijão-caupi procedentes do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, obtiveram-se maiores estivas para CVg os caracteres massa de 100 grãos (13,21), massa de cinco vagens (13,78), número de grãos em cinco vagens (13,82) e produtividades de grãos secos (31,49).

Nwofia et al. (2013) avaliaram sete genótipos de feijão-caupi, provenientes do Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA), tentando avaliar a influência da época do ano nas estimativas parâmetros genéticos obtiveram altos valores de CVg para as características peso de vagem (18,67), número de sementes por plantas (18,73), número de sementes por vagem (19,55) e peso de 100 sementes (20,97), indicando dessa forma variabilidade genética e possíveis ganhos para essas características por meio da seleção.

Regis et al. (2014), estimaram parâmetros genéticos de interesse agrônomico em uma população composta de 16 genótipos de feijão-caupi de porte ereto e semiereto, em Aquidauana-MS, e obtiveram altos valores de CVg para os caracteres produção (28,44) e massa de 100 grãos secos (12,48).

Shanko et al. (2014), estudando a variabilidade genética e herdabilidade dos componentes de produção em 49 acessos de feijão-caupi de diferentes áreas e localidades, na Etiópia, destacaram que os caracteres que apresentaram maiores estimativas de CVg foram produção por planta (17,54), número de vagens por planta (17,70), produtividade de grão (19,57) e peso de 100 grãos (22,23), indicando a possibilidade de melhoria desses caracteres por meio da seleção.

Santos et al. (2014), estudando os efeitos diretos e indiretos dos componentes de produção sobre o rendimento de grãos de 20 genótipos de feijão-caupi, obtiveram os maiores valores de CVg para os caracteres rendimento de grãos (10,58), peso de 100 grãos (10,84) e número de vagens por planta (11,73).

Almeida et al. (2014), desenvolvendo um trabalho para verificar o efeito da interação genótipos x ambientes sobre a contribuição relativa dos componentes de produção e o rendimento final em 22 genótipos de feijão-caupi, em quatro ambientes no estado do Ceará, obtiveram valores de CVg diferentes com os diferentes ambientes. No entanto, o caráter número de vagem por planta foi o que apresentou mais alta estimativa para esse parâmetro em todos os ambientes, variando de 21,84 (Quixadá) a 68,51 (Cascavel).

2.2.3 Coeficiente de determinação genético

Outro parâmetro de grande utilidade para os melhoristas é a estimativa da herdabilidade (h^2). Este representa a proporção da variação fenotípica total que é devida a diferenças genéticas (RAMALHO et al., 2012).

Em geral é útil saber quanto da variação de uma característica quantitativa é devido a diferenças genéticas e quanto é devido a diferenças ambientais. (RAMALHO et al., 2012; PIERCE et al., 2013). Vale ressaltar que em termos de modelos estatísticos, quando os genótipos são considerados fixos, ou seja, passaram por etapas de seleção, a herdabilidade é denominada de coeficiente de determinação genético.

A herdabilidade é importante por ser uma medida da hereditariedade de qualquer caráter; ela estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo, ou o grau de correspondência entre valor fenotípico e valor genético (FALCONER. 1987; NYQUIST, 1991; RAMALHO et al., 2012).

Dentre as utilidades do conhecimento sobre a herdabilidade do caráter, a que tem maior destaque num programa de melhoramento é a possibilidade de estimar o ganho com a seleção antes que esta seja realizada. A importância dessa estimativa é devido ao fato de permitir, entre outras coisas, que o melhorista escolha o método de seleção mais eficiente e as possíveis alternativas para se conduzir o processo seletivo (RAMALHO et al., 2012a, 2012b).

Existem dois tipos de herdabilidade, a herdabilidade no sentido amplo e a herdabilidade no sentido restrito. A herdabilidade no sentido restrito envolve apenas

a variância genética aditiva, ou seja, aquela que é fixada pela seleção. Assim, a herdabilidade no sentido restrito é a razão entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica e, devido a isso, na maioria dos casos, é a mais importante para os melhoristas. Já a herdabilidade no sentido amplo considera a variância genética total e tem maior importância em casos de plantas que apresentam reprodução vegetativa onde o genótipo é integralmente herdado (PIERCE et al., 2013; RAMALHO et al., 1993, 2012b). Para Cruz (2005), a herdabilidade sendo alta, haverá alta correlação entre o valor fenotípico e o valor genético.

Caracteres controlados por uma grande quantidade de genes e dessa forma bastante influenciados pelo ambiente apresentam uma diminuição de valor na relação entre a variância genética e ambiental. Um exemplo de caráter que apresenta baixa herdabilidade é a produtividade de grãos. Alguns trabalhos realizados em feijão-caupi (MATOS FILHO et al., 2009; OMOIGUI et al. 2006; SHIMELIS; SHIRINGANI, 2010), confirmam essa afirmação.

Os componentes primários de produção são caracteres que podem apresentar herdabilidade com valores mais elevados, uma vez que uma menor quantidade de genes os controlam, quando comparados com a produção, facilitando, dessa forma, a seleção visando o aumento de produção. Por isso, o conhecimento sobre a herdabilidade dos caracteres é de suma importância no melhoramento genético.

O caráter peso de 100 grãos, ao contrário da produção, é relatado em diversos trabalhos como apresentando uma herdabilidade alta, variando de 84% a 98% (BERTINI et al., 2009; MANGGOEL et al., 2012; NWOSU et al., 2013; OMOIGUI et al., 2006; SANTOS et al., 2014; SHANKO et al., 2014; TEXEIRA et al., 2007).

Bertini et al. (2009), Idahosa et al. (2010a, 2010b), Barros et al. (2011), Adeigbe et al. (2011), Nwofia et al. (2012), Nwofia et al. (2013), Shanko et al. (2014) e Degefa et al. (2014), obtiveram estimativas de herdabilidade variando de 88,01% a 99,38%, para o caráter comprimento de vagem, demonstrando que o mesmo também apresenta alta herdabilidade.

Para o caráter peso de vagem, Ajayi et al. (2014), Chattopadhyay et al. (2014), Vidya et al. (2002) e Vavilapalli et al. (2013) obtiveram estimativas variando entre 79,27% a 99,55%, indicando que possivelmente esse caráter apresenta alta herdabilidade.

Já o caráter número de grãos por vagem possui herdabilidade com estimativas variando entre média a alta, ou seja, de 61% a 97,94% (AJAYI et al., 2014; ALMEIDA et al., 2014; DEGEFA et al., 2014; MANGGOEL et al., 2012; NWOSU et al., 2013; OMOIGUI et al., 2006; SANTOS et al., 2014).

2.3 Seleção simultânea de caracteres

Na obtenção de genótipos superiores aos já existentes no mercado, é necessário que o material selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que lhe confira rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaçam as exigências do consumidor (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

No entanto, desenvolver cultivares nem sempre é uma tarefa fácil, uma vez que a correlação negativa entre as principais características de valor econômico dificulta a seleção de genótipos de interesse para o melhoramento e torna necessário o emprego de procedimentos genético-estatísticos que permitam minimizar ou, mesmo, tornar inócuos os efeitos deletérios da resposta correlacionada (SANTOS et al., 2007).

Uma maneira de aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento é por meio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os métodos de seleção simultânea podem ser agrupados em três metodologias: Método *Tandem* também conhecido como “Método unitário” e Seleção em Turno; Método dos níveis independentes de eliminação; e Método do índice de seleção (BERNARDO, 2010; FALCONER, 1987; PEREIRA, 2008).

O método em *tandem* requer que a seleção de um caráter seja feita por várias gerações até que a mesma atinja o nível de melhoramento desejado, pelo melhorista. E esse é o maior problema do uso deste método, uma vez que o tempo gasto para a sua efetivação, em alguns casos, pode penalizar o ganho genético anual. Esse método baseia-se na seleção de um caráter por vez. Uma vez melhorada e atingido o nível desejável para um determinado caráter, inicia-se o processo de melhoramento para o segundo caráter e, assim, sucessivamente. Aqui é esperado que os caracteres que não são alvos da seleção permaneçam constantes. Assim, a eficiência deste método depende, em grande parte, da correlação genética entre os caracteres de interesse econômico; se os caracteres apresentam correlação negativa ou não são geneticamente correlacionados e,

portanto, independentes um dos outros, a eficiência do método unitário, ou "*tandem*", é pequena. Outra desvantagem desse método está na possibilidade de que após algumas gerações de seleção em apenas um caráter, possam ocorrer mudanças nas exigências do mercado consumidor que acabam por interromper o processo seletivo e desencorajar o melhorista (PEREIRA, 2008). Esse método praticamente não tem sido usado pelos melhorista devido às complicações que podem ocorrer (RAMALHO et al., 2012a).

O método dos níveis independentes de eliminação consiste no estabelecimento de valores mínimos e máximos para cada caráter, onde o indivíduo deve atingir em cada caráter o nível de interesse do melhorista. Os indivíduos que não atingem os patamares mínimos fixados para cada caráter são descartados (PEREIRA, 2008). Segundo Ramalho et al. (2012a), esse método é bastante utilizado em programas de melhoramento, embora a seleção seja feita de forma intuitiva.

Outro método bastante utilizado e que vem sendo um dos procedimentos indispensáveis em programas de melhoramento é o método do índice de seleção, isso porque esse método permite obter ganhos simultâneos mesmo para caracteres com efeitos adversos, que podem ter origem na ligação gênica ou na pleiotropia, mesmo quando a seleção é para caracteres quantitativos simultaneamente (RESENDE; OLIVEIRA; HIGA, 1990; SANTOS et al., 2007).

Segundo Garcia e Sousa Júnior (1999), o índice de seleção é a combinação linear de valores fenotípicos em um único valor. Como resultado, tem-se uma medida que concentra os méritos e deméritos de cada genótipo para vários caracteres.

Segundo Sampaio (2002), quando a seleção é praticada com base em um índice, combinando uma série de informações referentes aos indivíduos candidatos à seleção, esperam-se respostas máximas nos valores genéticos desses indivíduos e, conseqüentemente, maior precisão na seleção. Assim o índice de seleção constitui-se num caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres, que permite efetuar, com eficiência, a seleção simultânea e otimizar os ganhos por seleção (CRUZ et al., 2012).

Existem várias opções de índices de seleção apresentados na literatura, tais como: índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), índice-base de Williams (1962), índice de soma de postos ou "ranks" de Mulamba e Mock (1978), índice

multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), índice por ganhos desejados (PESEK; BAKER, 1969), índice livre de pesos e medidas, distância genótipo-ideótipo (CRUZ; CARNEIRO, 2006), índice Z (Ramalho et al., 2012a), entre outros.

Segundo Silva e Viana (2012), os índices de seleção disponíveis já citados, podem ser divididos em não paramétricos ou não lineares, devido ao fato de não levarem em consideração nenhum parâmetro populacional em sua composição, e os chamados índices paramétricos ou lineares, que levam em sua composição medidas de parâmetros populacionais em combinação linear para sua estimação. O emprego dos índices paramétricos é apropriado quando os genótipos formam uma amostra aleatória, já os não paramétricos podem ser aplicados tanto a amostras aleatórias, quanto a genótipos selecionados (LESSA et al., 2010).

O método do índice de seleção tem sido pouco utilizado em feijão-caupi (SANTOS; ARAÚJO, 2001; DIAS, 2011; OLIVEIRA, 2014;) e, segundo esses estudos, os índices que proporcionaram melhores ganhos foram: índice base, índice de soma de postos, índice multiplicativo e índice livre de pesos e medidas.

O primeiro índice de seleção utilizado no melhoramento de plantas foi desenvolvido por Smith (1936), onde combinava covariâncias genéticas e fenotípicas com os caracteres e seus respectivos valores econômicos, obtendo e introduzindo assim o termo valor genético. Posteriormente, esse índice sofreu modificações por Fisher (1936), em um trabalho conhecido como índice otimizado, em que, as modificações sugeriam, basicamente, que o valor genético do indivíduo poderia ser estimado através de combinações lineares de valores fenotípicos observáveis. (LIN, 1978; HAZEL; DICKERSON; FREEMAN, 1994; GARCIA; SOUSA JÚNIOR, 1999; LESSA et al, 2010). Em seguida, Hazel (1943) adaptou o método para que seu uso no melhoramento animal fosse possível, dessa forma o método ficou conhecido como Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943).

Segundo Cruz et al. (2012), o índice clássico consiste é um índice paramétrico, resultante da combinação linear dos valores fenotípicos dos vários caracteres economicamente importantes, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar correlação entre o índice de seleção e o agregado genotípico. Este é estabelecido por outra combinação linear, que envolve os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos. Para a obtenção de estimativas de índices de seleção eficientes é necessário dispor de matriz de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas bem estimadas, e de

pesos econômicos, relativos a vários caracteres, bem estabelecidos. Para Ramalho et al. (2012a), a obtenção dos valores dos pesos para o caráter é a principal dificuldade da aplicação desse índice.

Outra limitação do índice clássico é que a seleção possibilita a maximização de ganhos simultâneos gerais, assim o ganho genético para um determinado caráter não pode ser particularizado, uma vez que não é feita nenhuma restrição na função maximização derivada (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Informações mais detalhadas sobre essa metodologia e o emprego dela podem ser encontradas nos trabalhos de Lin (1978), Garcia e Sousa Júnior (1999), Cruz e Carneiro (2006) e Ramalho et al. (2012).

O índice proposto por Williams (1962) denominado de índice-base se caracteriza por evitar a interferência de imprecisões das matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, na estimação dos coeficientes que constituem o índice. Esse método utiliza apenas os pesos econômicos associados aos caracteres envolvidos para ponderar a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres e é mais eficiente quando as correlações entre os caracteres são baixas (CRUZ; CARNEIRO, 2006; LA GIOGIA, 2006; RAMALHO et al., 2012). Segundo Cruz e Carneiro (2006), devido a essa característica, este índice tem apresentado boa aceitação pelos melhoristas e tem revelado resultados satisfatórios quando utilizado como critério de seleção em vários trabalhos científicos.

Mulamba e Mock (1978) propuseram o índice com base na soma de postos ou "ranks", que consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. O cálculo para obtenção desse índice depende apenas das médias fenotípicas dos genótipos onde as mesmas são ajustadas para cada caráter de acordo com o interesse do melhorista. Dessa forma são obtidos os postos que se referem à posição dos genótipos depois de efetuado o ordenamento. Vale ressaltar que, no uso desse índice, pode-se atribuir pesos econômicos aos caracteres de interesse. Uma vez classificados, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012).

Tendo em vista um mercado cada vez mais exigente, o uso de índices de seleção em programas de melhoramento tem sido uma estratégia vantajosa. Isso

pode ser verificado, principalmente, no que diz respeito aos caracteres adequados a esse mercado e ao tempo necessário para o lançamento de uma nova cultivar, pois permite ganhos significativos não apenas em um, mas em vários caracteres ao mesmo tempo.

2.4 Ganho genético

O progresso genético direcionado em qualquer espécie está diretamente associado à existência de variabilidade de natureza genética, a processos de seleção natural e/ou artificial e a forma como os genótipos se ajustam aos ambientes existentes. Depois de comprovada a presença da variabilidade genética e, sobretudo, o valor desta em relação à variação não-genética, a seleção assume grande importância no progresso genético (REIS et al., 2004).

A possibilidade de predição dos ganhos obtidos por uma estratégia de seleção constitui-se uma das principais contribuições da genética quantitativa. No entanto, a quantificação do progresso genético em programas de melhoramento é de fundamental importância em vários aspectos, principalmente por possibilitar a avaliação do programa em si, uma vez que por meio dessas informações é possível orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento. Isso porque é possível ter certeza se o esquema seletivo adotado está possibilitando a obtenção dos ganhos genéticos antes preditos, além de possibilitar ao melhorista decidir, com base científica, por técnicas alternativas que possam ser mais eficazes (CARVALHO et al., 1997; CRUZ et al., 2012). Dessa forma, o acompanhamento desse progresso fornece subsídios importantes para a avaliação e o planejamento das atividades de melhoramento (ALLIPRANDINI et al., 1993).

A resposta esperada com a seleção ou ganho genético estimado é produto da herdabilidade e diferencial de seleção, este por sua vez é a diferença entre a média dos genótipos selecionados e a média da população inicial,. Fica evidente que maior será o ganho genético predito quando maior for a intensidade de seleção utilizada, pois maior será a diferença entre a média selecionada e média inicial, ou quanto maior for a herdabilidade. Ademais é necessária a presença de variabilidade genética para obtenção de ganhos desta mesma natureza (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012;).

Para o acompanhamento do progresso genético é necessário não apenas estimar o ganho genético esperado para a próxima geração, uma vez que alguns

dos genótipos selecionados podem ter sido beneficiados pelo ambiente e a herdabilidade não é 100%. Também é necessário verificar quanto desse ganho estimado foi realmente efetivo, ou seja, é preciso calcular quanto desse ganho é real.

Frey e Horner (1955) desenvolveram uma metodologia para o cálculo do ganho real em que selecionam os melhores genótipos de uma geração inicial, geração F_i , onde estes irão compor a próxima geração, geração F_j e faz-se o mesmo na geração F_j obtendo-se genótipos que comporão a geração F_k . A média dos genótipos em F_i selecionados em F_j para compor F_k é denominada M_{sj} , já a média dos genótipos de F_j é denominada de M_{gi} . Assim, o ganho real é obtido pela diferença entre o M_{sj} e o M_{gi} .

Uma das atribuições mais importantes do melhorista de plantas é identificar critérios de seleção capazes de promover alterações, no sentido desejado, nos caracteres de interesse dentro de um programa de melhoramento (REIS et al., 2004).

Na literatura estão disponíveis vários métodos de seleção, destacando-se o método de seleção trucada, onde o melhorista seleciona para obter ganhos em apenas um caráter. Esse método é também conhecido como seleção direta, e vem sendo pouco eficaz em vista de um mercado consumidor mais criterioso que exige que o produto apresente não uma, mas várias características apropriadas ao consumo. Caso haja uma resposta correlacionada entre os caracteres, ou seja, a seleção visando obtenção em um caráter altere os ganhos em outro caráter, pode-se adotar o método de seleção indireta ou resposta correlacionada; para isso são necessárias as estimativas de correlações entre os caracteres avaliados. Segundo Paula et al. (2002), devido a necessidade de realizar seleção visando um conjunto de características de interesse para obter ganhos no sentido favorável a todas elas, simultaneamente, fez com que critérios de seleção, que não fossem baseados em apenas uma característica ou na seleção indireta, fossem implementados. Dessa forma outro método bastante utilizado é o método de seleção simultânea, já comentado.

Santos e Araújo (2001) avaliando 52 genótipos de feijão-caupi praticaram seleção simultânea com base em diferentes métodos para a obtenção de genótipos com a melhor combinação para produção de grãos, comprimento do ramo principal, maior peso de 100 grãos, menor tempo para maturação, maior número de

sementes/vagem e tolerantes ao oídio e ao potyvirus. Esses autores concluíram que os índices soma de “ranks”, o multiplicativo e o livre de pesos e parâmetros fora os que apresentaram progresso satisfatório em seu estudo.

A seleção simultânea para produção, biofortificação e culinária em populações segregantes de feijão-caupi via índices de seleção foi realizada por Oliveira (2014). Os resultados desse estudo evidenciaram que o índice soma de postos ou “ranks” de Mulamba; Mock (1978) apresenta-se como a melhor alternativa em relação ao índice clássico e multiplicativo, para a estimação dos ganhos genéticos esperados com a seleção simultânea dos referidos caracteres.

Em um estudo em linhagens de feijão-caupi tipo comercial fradinho, de porte ereto com base na seleção simultânea da produtividade e seus componentes em dois ciclos de seleção, Silva (2014) concluiu que o índice de soma de postos ou “ranks” de Mulamba e Mock (1978) proporcionou os maiores percentuais de ganho realizado em relação ao predito para o caráter produção de grãos.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

O material genético utilizado correspondeu a linhagens obtidas a partir de hibridações realizadas entre os anos de 2004 e 2005 no programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte (Tabela 1). As populações segregantes foram conduzidas pelo método SPD (*Single Pod Descent*), a partir da geração F₂ até a geração F₆, onde se procedeu a abertura de linhas/famílias.

O estudo envolveu as linhagens componentes dos Ensaios Preliminar, Ensaios Intermediários e Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

Após a implantação dos ensaios, realizou-se um desbaste aos 15 dias, com compensação das falhas, deixando-se duas plantas por cova. O suprimento de água nos períodos de deficiência hídrica foi mantido por irrigações suplementares, com lâminas de aproximadamente 6 mm por dia, semanalmente, exceto nas áreas conduzidas no bioma cerrados. O controle de ervas daninha, pragas e doenças foi realizadas de acordo com os tratamentos culturais recomendados para a cultura do feijão-caupi (ANDRADE JÚNIOR et al., 2002).

3.2 Ensaio preliminar

Foi realizado um ensaio preliminar com as linhagens de feijão-caupi abertas na geração F₆, correspondendo à avaliação inicial, em experimentos, das linhagens endogâmicas. Foi conduzido em apenas um local em função do elevado número de linhagens e da pouca quantidade de sementes por linhagem nessa fase. Este teve como objetivos testar de forma preliminar as linhagens e identificar as mais produtivas e com boa adaptação para serem incluídas nos ensaios intermediários.

O ensaio foi conduzido em condições irrigadas na área experimental da Embrapa Meio-Norte, localizada no município de Parnaíba, PI, em novembro de 2011. Foram avaliadas 600 linhagens F_{6:7}, provenientes de 25 cruzamentos e 4 testemunhas (BR 17-Gurguéia, BRS Xiquexique, BRS Guariba e BRS Novaera), totalizando 604 genótipos (Tabela 1).

O delineamento experimental utilizado foi o de Blocos aumentados de Federer, com oito blocos, cada um contendo 79 parcelas experimentais, sendo 75 tratamentos regulares e quatro testemunhas. Cada parcela constou de uma linha de 3,0 m, espaçadas por 1,0 m e com espaçamento entre plantas de 0,30 metros.

Tabela 1 - Relação dos cruzamentos e seus respectivos parentais.

Código de cruzamento	Parentais
MNC04-762	TE96-282-22G X (TE96-282-22G X Vita 7)
MNC04-768	TE97-321G-2 X CE-315
MNC04-769	CE-315 X TE97-304G-12
MNC04-774	TE97-309G-18 X TE97-304G-4
MNC04-782	(TE97-309G-24 X TE96-406-2E-28-2) X TE97-309G-24
MNC04-792	MNC00-553D-8-1-2-3 X TVx5058-09C
MNC04-795	MNC99-518G-2 X IT92KD-279-3
MNC04-796	TE96-299G-24 X IT92KD-279-3
MNC04-797	MNC02-652D X CE-315
MNC05-798	(MNC99-518G-2 X IT92KD-279-3) X BR17-Gurguéia
MNC05-799	TE97-309G-24 X BR17-Gurguéia
MNC05-800	(TE96-282-22G X BR 14-Mulato) X CE-315
MNC05-801	(CE-315 X TE97-321G-2) X CE-315
MNC05-802	(CE-315 X TE97-304G-4) X CE-315
MNC05-803	(CE-315 X TE97-309-G-18) X CE-315
MNC05-804	CE-315 X (TE97-391G-2 X TE97-309G-18)
MNC05-805	TE97-309G-24 X CE-315
MNC05-806	BRS-Marataoã X CE-315
MNC05-807	CE-315 X MNC01-631F-20
MNC05-808	MNC02-649E-1 X MNC02-652E
MNC05-809	MNC02-652E X MNC02-649E-2
MNC05-810	(MNC02-652D X CE-315) X MNC02-604F-22
MNC05-813	Patativa X IT93K-93-10
MNC05-814	IT93K-93-10 X MNC99-518F-2
MNC05-816	IT93K-93-10 X IT92KD-279-3

Foram avaliados os seguintes caracteres:

- Número de dias para o início da floração (NDIF) – número de dias do plantio até a fase em que 50% das plantas da parcela florescer;
- Porte da planta (PP) - classificado em 1: Ereto, 2: Semiereto, 3: Semiprostrado e 4: Prostrado);

- Acamamento (ACAM) - escala de notas visuais com valores de 1 (nenhuma planta na área útil acamada), 2 (1 a 4 plantas da área útil acamadas), 3 (de 5 a 8 plantas da área útil acamadas), 4 (de 9 a 16 plantas da área útil acamadas) e 5 (acima de 16 plantas da área útil acamadas);
- Valor de cultivo (VC) - escala de notas visuais baseada no aspecto geral da planta (arquitetura, vagem, grão, produção e aspecto fitossanitário), variando de 1 (linhagem sem características adequadas ao cultivo comercial) a 5 (linhagem com excelentes características para o cultivo comercial);
- Peso de 100 grãos (P100G) - peso de 100 grãos retirados de uma amostra aleatória da produção da parcela, em gramas;
- Produtividade de grãos (PG) - produção de grãos da parcela, transformada para kg ha^{-1} .

Em cada experimento foi realizada a seleção das linhagens, com base nos caracteres avaliados, para compor os ensaios subsequentes. Inicialmente foram selecionadas as linhagens que apresentaram as maiores notas de VC, menores notas de ACAM, melhores notas de PP, dentro de cada grupo de porte, menor nota de NDIF e por último a seleção para produção de semente. Vale ressaltar que todo o processo de seleção levou em consideração a qualidade de semente, sendo que este um fator crucial de eliminação. Em seguida foi realizada uma segunda seleção nas linhagens remanescentes, com os mesmos critérios da primeira, quando foi possível, até completar o número de indivíduos que comporiam o próximo ensaio.

3.3 Ensaios intermediários

Foram conduzidos dois ensaios intermediários de linhagens de feijão-caupi em condições irrigadas, um na área experimental da Embrapa Meio-Norte UEP Parnaíba, no município de Parnaíba, PI, (latitude de 3°5' S, longitude de 41°47' W e altitude de 46,8 m) em Neossolo Quartzarênico Órtico Típico, e outro na área experimental da Embrapa Meio-Norte, no município de Teresina, PI, (latitude 5° 5' S, longitude 49° 48' W e 72 m de altitude) em solo Aluvial Eutrófico moderado textura média, ambos no ano de 2012.

Cada ensaio constou de 164 linhagens $F_{6:8}$, selecionadas do ensaio preliminar, e cinco testemunhas (BR 17 Gurguéia, BRS Xiquexique, BRS Guariba, BRS Novaera e Bico de Ouro), totalizando 169 genótipos.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos incompletos do tipo látice simples 13x13. Cada tratamento foi representado por uma parcela constituída de duas linhas de 3m, espaçadas por 0,80 metros e com espaçamento entre plantas de 0,30 metros.

Tratos culturais utilizados e os caracteres avaliados conforme descrito no item 3.2, exceto para o carácter floração que não foi avaliado.

3.4 Ensaio de valor de cultivo e uso (VCU)

Esse ensaio representa a fase final de avaliação em rede experimental e são exigidos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA para efeito de registro e lançamento de cultivares.

A partir dos ensaios intermediários foram selecionadas as melhores linhagens e separadas em dois grupos, com base no porte da planta, que compuseram os VCU de portes ereto/semiereto (VCUPE) e de porte semiprostrado (VCUPP).

Foram conduzidos VCU dos dois grupos de porte em dois anos consecutivos. No ano de 2013, foram conduzidos ensaios nos municípios de Mata Roma-MA, São Raimundo das Mangabeiras-MA, Teresina-PI e Uruçuí-PI e no ano de 2014 foram conduzidos ensaios nos municípios de Mata Roma-MA e Uruçuí-PI.

O ensaio de VCUPE constou de 20 genótipos, sendo 15 linhagens e cinco cultivares (testemunhas). Já os ensaios de VCUPP constou de 20 genótipos, sendo 16 linhagens e quatro cultivares (testemunhas).

O delineamento experimental utilizado para ambos os ensaios foi o de blocos casualizados com quatro repetições. O ensaio de VCUPE teve uma parcela com as dimensões de 2,0m x 5,0m com quatro fileiras e área útil com duas fileiras centrais; espaçamento de 0,50m entre fileiras de 0,25m dentro da fileira. Para o ensaio de VCUPP, a parcela continha as dimensões de 3,20m x 5,0m e constou de quatro fileiras de 5,0 m de comprimento, tendo como área útil as duas fileiras centrais; o espaçamento entre fileiras foi de 0,80m e de 0,25 dentro da fileira.

Tratos culturais utilizados, exceto a compensação de falhas das covas, e os caracteres avaliados conforme descrito no item 3.3.

3.5 Análises estatístico-genéticas

3.5.1 Ensaio preliminar

Para a análise de variância do ensaio preliminar, adotou-se o modelo estatístico conforme a equação (1):

$$Y_{ij} = m + \tau_i + b_j + e_{ij} \quad (1)$$

em que,

Y_{ij} : é a observação associada ao i -ésimo genótipo do j -ésimo bloco;

m : é a média geral;

τ_i : é o efeito do i -ésimo genótipo, que pode ser decomposto em T_i : efeito da testemunha i ($i = 1, 2, \dots, 4$) e G_i : efeito da linhagem i ($i = 1, 2, \dots, 600$);

b_j : efeito do bloco j ($j = 1$ e 8);

e_{ij} : erro experimental médio.

3.5.2 Ensaio intermediário

3.5.2.1 Análises de variância individual

Para as análises de variância individuais dos ensaios intermediários, utilizou-se o modelo estatístico conforme a equação (2):

$$Y_{ijk} = m + \tau_i + r_j + b_{(k)j} + e_{ijk} \quad (2)$$

em que,

Y_{ijk} : é a observação referente ao i -ésimo genótipo no k -ésimo bloco, dentro da j -ésima repetição

m : é a média geral;

τ_i : é o efeito fixo dos tratamentos ($i = 1, 2, 3, \dots, 169$)

r_j : é o efeito da j -ésima repetição ($j = 1, 2$)

$b_{(k)j}$: é o efeito do k -ésimo bloco, na j -ésima repetição;

e_{ijk} : erro experimental médio.

3.5.2.2 Análises de variância conjunta

Posteriormente às análises de variância individuais, realizou-se uma análise para verificar a homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos, pelo teste de Pearson e Hartley (1956), conhecido como F máximo, conforme a expressão (3):

$$H = \frac{\max(s_l^2)}{\min(s_l^2)} \quad (3)$$

em que,

s_l^2 : é a estimativa de σ^2 e corresponde ao quadrado médio do erro (QME) do experimento realizado no ambiente l . Dessa forma para obter o valor de H toma-se o maior QME e divide-se pelo menor.

Quando a homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos não se apresentava adequadas para realização da análise conjunta, utilizou-se a metodologia proposta por Cochran (1954). No entanto, quando as discrepâncias entre os quadrados médios residuais eram grandes, optou-se por eliminar alguns ensaios para obtenção da análise conjunta.

Foi adotado o modelo estatístico para a análise de variância conjunta dos dois ensaios intermediários) conforme a equação (4):

$$Y_{ijq} = m + g_i + l_q + b_{(q)j} + (gl)_{iq} + e_{(q)ij} \quad (4)$$

em que:

m : é a média geral;

g_i : é o efeito do genótipo i ($i = 1, 2, 3, \dots, 169$);

l_q : é o efeito do ambientes q ($q = 1$ e $2, 3$);

$b_{(q)j}$: é o efeito do bloco j dentro do ambientes q ($j = 1$ e 2)

$(gl)_{iq}$: é o efeito da interação genótipos i e ambientes q ;

$e_{(q)ij}$: é o erro experimental médio.

3.5.3 Ensaio de valor de cultivo e uso

3.5.3.1 Análises de variância individual

Para as análises de variância individuais dos ensaios de VCU, adotou-se o modelo estatístico conforme equação (5):

$$Y_{ij} = m + l_i + b_j + e_{ij} \quad (5)$$

em que,

Y_{ij} : é a observação associada ao i -ésimo genótipo do j -ésimo bloco;

m : é a média geral;

l_i : é o efeito do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, 20$);

b_j : efeito do bloco j ($j = 1, 2, \dots, 4$);

e_{ij} : erro experimental médio.

3.5.3.2 Análises de variância conjunta

Posteriormente às análises de variância individuais, realizou-se os mesmos procedimentos descritos no item 3.5.2.2 para verificar e realizar a correção da homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos e em seguida foram realizadas as análises de variância conjunta.

O modelo estatístico adotado para a análise de variância conjunta dos dois ensaios preliminares foi o proposto por Cruz (2012), conforme a equação (6):

$$Y_{ijq} = m + g_i + l_q + b_{(q)j} + (gl)_{iq} + e_{(q)ij} \quad (6)$$

em que:

Y_{ijq} : é o efeito do i -ésimo tratamento do j -ésimo bloco dentro do local q

m : é a média geral;

g_i : é o efeito do genótipo i ($i = 1, 2, 3, \dots, 20$);

l_q : é o efeito do ambiente q ($q = 1$ e $2, \dots, 6$);

$b_{(q)j}$: é o efeito do bloco j dentro do local q ($j = 1, 2, 3$ e 4)

$(gl)_{iq}$: é o efeito da interação genótipos i e locais q ;

$e_{(q)ij}$: é o erro experimental médio.

3.5.4 Estimativas de parâmetros genéticos

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos, utilizando-se as seguintes expressões:

a) Variância fenotípica: $\hat{\sigma}_f^2 = (QM_g / k)$

b) Variância ambiental média: $\hat{\sigma}_e^2 = (QM_r / k)$

c) Variância genotípica média: $\hat{\sigma}_g^2 = (QM_g - QM_r) / k$

d) Coeficiente de determinação genotípico: $H^2 = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_f^2$

e) Coeficiente de variação genético: $CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{m} \times 100$

f) Coeficiente de variação experimental: $CV_e = 100(\sqrt{QM_e} / m)$

g) Quociente $b(CV_g / CV_e) = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_e^2}}$

em que, $\sum_{i=1}^g r_i$ e $k = \{N - (1/N \sum_{i=1}^g r_i)\} / g - 1$, em que r_i é o número máximo de repetição do i -ésimo genótipo.

3.5.5 Coeficiente de correlação entre caracteres

Foram estimados os coeficientes de correlação entre caracteres de acordo com as expressões citadas por Falconer (1987) e Ramalho et al. (1993):

a) Correlação Fenotípica: $r_{F(xy)} = \frac{COV_{F(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F_x}^2 \hat{\sigma}_{F_y}^2}}$

b) Correlação Ambiental: $r_{E(xy)} = \frac{COV_{E(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}^2_{Ex}\hat{\sigma}^2_{Ey}}}$

c) Correlação Genética: $r_{G(xy)} = \frac{COV_{G(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}^2_{Gx}\hat{\sigma}^2_{Gy}}}$

em que,

r_{xy} = correlação entre os caracteres X e Y;

COV_{xy} = covariância entre os caracteres X e Y;

$\hat{\sigma}^2_x$ e $\hat{\sigma}^2_y$ = variância dos caracteres X e Y, respectivamente.

3.5.6 Método dos níveis independentes de eliminação

Foi utilizado o método dos níveis independentes de eliminação (NIE). Esse método consiste no estabelecimento de valores máximas e mínimas, que as linhagens deveriam apresentar, para cada um dos caracteres, para serem selecionadas para compor os próximos ensaios, como descrito no item 2.3.

3.5.7 Índice de seleção

Foram utilizados três índices de seleção, conforme apresentado por Dias (2009) e Ramalho et al. (2012).

a) Índice clássico ou Índice de Smith e Hazel (ISH): a obtenção dos valores do índice para todas as linhagens foi realizada de forma matricial, uma vez que a eficiência desse índice está associada à obtenção de estimativas fidedignas de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas dos diferentes caracteres, e por meio da seguinte expressão (7):

$$I_{SH} = M \times w \quad (7)$$

em que,

M = é a matriz v x n das médias fenotípicas ajustadas das v linhagens associadas aos n caracteres;

w = é vetor n x 1 dos valores de coeficientes de ponderação ou peso para o caráter k.

b) Índice da soma de postos (IMM): índice proposto por Mulamba e Mock (1978), onde a seleção foi realizada com base na classificação ou ordenação das linhagens para os múltiplos caracteres. O cálculo depende apenas das médias fenotípicas, podendo-se, também, atribuir pesos econômicos aos caracteres. O índice foi obtido pela seguinte expressão (8):

$$I_{MM} = R x u \quad (8)$$

em que,

R = é a matriz v x n dos postos associados às médias fenotípicas ajustadas dos v genótipos relativos aos n caracteres;

u = é o vetor n x 1 de pesos econômicos.

c) Índice Multiplicativo (IMULT): índice proposto por Subandi et al. (1973) onde foi realizada a multiplicação dos valores padronizados de cada caráter, por genótipo. O índice foi obtido pela seguinte expressão (9):

$$I_{MULT} = Y_1^{k_1} Y_2^{k_2} Y_{31}^{k_3} \quad (9)$$

em que,

Y_j = refere-se ao valor médio do caráter j ;

$k_j = 1$, ser for considerada a relação direta do índice com a variável;

$k_j = -1$, se for considerada a relação inversa do índice com a variável.

3.5.8 Ganho genético

3.5.8.1 Ganho genético esperado

Para o ganho esperado com a seleção foram feitas duas estimativas, envolvendo dois diferenciais obtidos de duas formas diferentes. Primeiro foi estimado o ganho com a seleção através do método dos níveis independentes de eliminação e depois foi realizada uma simulação do ganho de seleção com base nos índices de seleção. O ganho esperado com a seleção usando o índice de seleção foi obtido segundo a equação apresentada por Ramalho et al. (2012), considerando-se o efeito de linhagens como fixo, conforme estudo de Santos; Araújo (2001):

$$GS = ds \cdot h^2 \quad (10)$$

em que,

GS = é o ganho esperado com a seleção;

ds = é o diferencial de seleção com base na seleção pelo índice, ou seja, média das linhagens selecionadas menos a média geral das linhagens relativo ao ordenamento efetuado a partir do índice;

h^2 = é o coeficiente de determinação genotípica.

A obtenção do ganho esperado com a seleção em termos percentuais foi estimado da seguinte forma:

$$GS\% = \frac{GS}{M_0} \times 100 \quad (11)$$

em que:

GS%: percentual do ganho esperado com a seleção, baseado na média geral das linhagens de cada experimento (geração F_j);

GS: ganho esperado com a seleção na geração F_j ;

M_0 : média geral das linhagens na geração F_j .

3.5.8.2 Ganho genético realizado

O ganho genético realizado com a seleção, para o primeiro ciclo de seleção, foi estimado apenas pelo método dos níveis independentes de eliminação.

Nesse trabalho foi utilizada a metodologia de Frey e Horner (1955) para o cálculo do ganho real. Nesta metodologia selecionam-se os melhores genótipos de uma geração inicial, geração F_i , onde estes irão compor a próxima geração, geração F_j e faz-se o mesmo na geração F_j obtendo-se genótipos que comporão a geração F_k . A média dos genótipos em F_i selecionados em F_j para compor F_k é denominada M_{sj} . E a média dos genótipos de F_j é denominada de M_{gj} . Assim a expressão adotada para obtenção o ganho realizado foi:

$$GS_r = (M_{sj} - M_{gj}) \quad (12)$$

em que,

GS_r: ganho genético realizado com a seleção;

M_{sj} : média dos genótipos em F_i selecionados em F_j para compor F_k ;

M_{gj} : Média da geração F_j .

As médias dos genótipos foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. As análises dos dados foram realizadas utilizando-se os programas estatísticos Genes (CRUZ, 2013) e Selegen (RESENDE, 2002).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Ensaio Preliminar

4.1.1 Análises de variância individual

Os quadrados médios das fontes de variação blocos e genótipos, com o desdobramento em linhagens, testemunhas e o contraste entre linhagens vs. testemunhas estão apresentados na Tabela 2. Foram observadas diferenças significativas para o efeito de genótipos ($P \leq 0,01$) para os caracteres NDIF e P100G. A decomposição da fonte de variação genótipos em linhagens mostrou que também ocorreram diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para estes caracteres, ou seja, existência de variabilidade entre as linhagens, evidenciando a possibilidade de ganhos com a seleção para precocidade e aumento do tamanho do grão. Já para os caracteres VC, PP, ACAM e PG as linhagens não apresentaram diferenças significativas, o que indica a existência de baixa variabilidade para esses caracteres e, conseqüentemente, reduz-se a probabilidade de sucesso com a seleção.

O contraste “testemunhas vs linhagens” apresentou diferenças significativas para os caracteres PP ($P \leq 0,5$) e NDIF ($P \leq 0,01$). Essas diferenças são um indicativo de que as linhagens avaliadas diferiram das testemunhas quanto ao porte da planta e a floração, sendo que para o primeiro caráter as linhagens apresentaram média maior que a média das testemunhas, o que não é o adequado, pois o que se busca são linhagens que apresentem um porte mais ereto, já para o caráter NDIF as linhagens apresentaram média menor que a média das testemunhas, e isso é importante, pois o que se busca são linhagens que floresçam mais cedo e favoreçam um ciclo menor. Para os demais caracteres, as linhagens apresentaram comportamentos semelhantes às testemunhas.

As estimativas dos coeficientes de determinação genotípica (H^2), para os caracteres estudados variaram bastante, apresentando extremos entre ACAM (0,784%) e P100G (84,933%). Essa primeira estimativa, em um primeiro momento pode ser indicativo de grande influência ambiental, mas vale lembrar que o H^2 é consequência da razão entre a variação genética e fenotípica e que o mesmo apresentou variação fenotípica de apenas 2,15%, sendo um indicativo de que a proporção de variação genética é ainda menor, já que a variação fenotípica é resultante da variação ambiental e genética. O caráter P100G (84,933%), seguido do NDIF (53,990%) foram os que apresentaram as maiores estimativas para H^2 , e

Tabela 2 – Resumo das análises de variância, com os coeficientes de variação e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais de feijão-caupi, para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), número de idas para o início da floração (NDIF), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtido a partir da avaliação de 561 genótipos de feijão-caupi. Parnaíba, PI, 2011.

Fonte de Variação	GL	QM					
		VC ⁽¹⁾ (nota)	PP ⁽¹⁾ (nota)	ACAM ⁽¹⁾ (nota)	NDIF (dia)	P100G (g)	PG (kg ha ⁻¹)
Blocos	7	0,036	0,006	0,017	5,714	1,151	484346,500
Genótipos	560	0,029 ^{ns}	0,024 ^{ns}	0,002 ^{ns}	10,315 ^{**}	8,289 ^{**}	342367,946 ^{ns}
Linhagens (L)	556	0,028 ^{ns}	0,023 ^{ns}	0,002 ^{ns}	9,575 ^{**}	6,791 ^{**}	344027,300 ^{ns}
Testemunhas (T)	3	0,019 ^{ns}	0,155 ^{**}	0,0141 ^{ns}	30,833 ^{**}	288,254 ^{**}	109996,160 ^{ns}
L vs. T	1	0,103 ^{ns}	0,076 [*]	0,024 ^{ns}	360,312 ^{**}	1,274 ^{ns}	116875,780 ^{ns}
Resíduo	21	0,042	0,017	0,008	3,476	0,909	282343,400
H ² (%)	-	2,238	37,380	0,784	53,990	84,933	29,276
CVg (%)	-	1,600	5,483	0,319	5,548	12,666	24,711
CVg/CVe (%)	-	0,151	0,727	0,104	1,299	2,375	0,643
Média das Linhagens	-	1,657	1,747	1,229	43,859	18,937	1239,223
Média Testemunhas	-	1,600	1,696	1,258	40,375	19,143	1301,597
C.V. (%)	-	10,557	7,537	3,615	4,269	5,332	38,407

^{**}, ^{*} Significativo pelo teste F, respectivamente, ao nível de 1% e 5% de probabilidade. CVg: coeficiente de variação genética (%), H²: Coeficiente de determinação genotípico (%), CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genética e experimental, CV (%): coeficiente de variação experimental (%).

⁽¹⁾ Dados transformados para $\sqrt{x + 0,5}$.

estas, confirmaram a presença de variabilidade genética e pouca influência ambiental, resultando em indicativos de ganhos favoráveis por meio da seleção. Silva (2014) obteve resultados superiores para o caráter P100G (97,04%).

As estimativas do coeficiente de variação genético (CVg), para todos os caracteres avaliados corroboraram com as estimativas de H^2 , onde a menor estimativa de CVg foi para o caráter ACAM (0,319), o que indica baixa variação genética desse caráter. As estimativas mais altas de CVg foram observadas para os caracteres PG (24,71%), seguida de P100G (12,66%) e NDIF (5,54%), evidenciando que estes apresentam maiores proporções de variação genética além de maior probabilidade de obtenção de ganhos com a seleção. Resultados semelhantes foram encontrados por Silva (2014).

A relação CVg/CVe é um indicativo da superioridade dos componentes genéticos em relação aos componentes ambientais. Quando $CVg/CVe \geq 1,0$, representa grande possibilidade de obtenção de ganhos com a seleção. Tendo em vista essa informação, os caracteres P100G (2,375) e NDIF (1,299) são os que indicaram maiores possibilidades de ganho com a seleção.

As estimativas de coeficiente de variação experimental variaram de 3,615% (ACAM) a 38,407% (PG). Esse coeficiente é usado para comparar a variabilidade de experimentos obtida por pesquisadores que trabalham com material semelhante (BANZATO; KRONKA, 2006). Segundo Pimentel-Gomes (2009), nos casos de ensaios agrícolas de campo, os valores de CV podem ser considerados baixos ($CV \leq 10\%$), médios ($10\% < CV \leq 20\%$), altos ($20\% < CV \leq 30\%$) e muito altos ($CV > 30\%$), e quanto menor o coeficiente de variação, maior a precisão experimental. Entretanto, Garcia (1989) afirma que mesmo sendo bastante utilizada, essa classificação é abrangente e não considera a natureza do ensaio quanto à cultura estudada e, principalmente, quanto à variável utilizada, o que pode ser importante para interpretação das magnitudes dessa medida.

Os resultados obtidos, para os caracteres avaliados, foram semelhantes aos encontrados na literatura (BENVINDO, 2007; BEZERRA et al., 2009; MACHADO et al., 2008; MANGGOEL et al., 2012), indicando boa precisão experimental, exceto para o caráter PG, valor este, explicado pela natureza do caráter, uma vez que se trata de um caráter quantitativo, sendo este mais influenciável pelo ambiente.

Das 557 linhagens avaliados na geração F_{6:7}, foram selecionadas as 164 mais promissoras, pelo método dos níveis independentes de eliminação, para serem novamente avaliadas no ano de 2012 (Tabela 3).

Tabela 3 – Média das linhagens no ensaio preliminar, média das linhagens selecionadas para compor o ensaio intermediário, e intensidade de seleção.

Caráter	Níveis independentes de eliminação (NIE)		
	(i%)	(Mo)	(Ms)
PP	27,33	1,74	1,75
VC	27,33	1,66	1,74
ACAM	27,33	1,23	1,22
P100G	27,33	18,94	18,82
PROD	27,33	1239,22	1384,91

i%: porcentagem de selecionados; Mo: média das linhagens no ensaio; (Ms): média das linhagens selecionadas para compor o próximo ensaio.

4.2 Ensaio intermediário

4.2.2 Análises de variância conjunta

Verificou-se que a relação entre o maior e menor quadrado médio do erro e constatou-se que esta foi menor que sete para todos os caracteres, exceto para PP. Isso indica que os experimentos apresentaram homogeneidade de variâncias. Para o caráter PP, a análise foi realizada usando o método proposto por Cochran (1954), esse método consiste em fazer ajuste nos números de graus de liberdade. Com isso, foi possível a realização da análise conjunta para todos os caracteres.

Pela análise de variância conjunta, é possível observar a presença de diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para a fonte de variação genótipos (Tabela 4). O seu desdobramento em linhagens, testemunhas e L vs T mostrou que a fonte de variação linhagens apresentou diferenças significativas para todos os caracteres, ou seja, existe variabilidade entre as linhagens avaliadas, o que possibilita a seleção e o melhoramento das linhagens para esses caracteres.

O contraste L vs. T apresentou diferenças significativas para os caracteres VC, PP, ACAM e P100G (Tabela 4). Para o primeiro caráter, as médias das testemunhas foram maiores que a média das linhagens, no entanto, esse contraste dá ideia de desempenho médio, e dentro de uma média pode existir uma gama de variabilidade, existindo assim linhagens com desempenho médio individual superior às

Tabela 4- Resumo das análises de variância conjunta dos ensaios intermediários, com os coeficientes de variação e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtido a partir da avaliação de 169 genótipos de feijão-caupi. Teresina, PI e Parnaíba, PI, 2012.

Fonte de Variação	GL	QM				GL	QM
		VC ⁽¹⁾ (nota)	ACAM ⁽¹⁾ (nota)	P100G (g)	PG (kg ha ⁻¹)		PP ^(1,2) (nota)
Genótipos	168	0,069**	0,121*	21,890**	167475,192**	168	0,046**
Linhagens (L)	163	0,067**	0,122*	20,883**	167953,915**	163	0,041*
Testemunhas (T)	4	0,102 ^{ns}	0,077 ^{ns}	67,514**	187726,567 ^{ns}	4	0,200 ^{ns}
L vs. T	1	0,337**	0,061**	11,559**	8437,864 ^{ns}	1	0,285**
Ambientes (A)	1	0,017 ^{ns}	14,022*	276,582*	53993369,658*	1	6,160 ^{ns}
G x A	168	0,030*	0,092**	1,657 ^{ns}	112156,075**	168	0,031 ^{ns}
L x A	163	0,030 ^{ns}	0,093**	1,655 ^{ns}	112548,201**	163	0,031 ^{ns}
T x A	4	0,029 ^{ns}	0,070 ^{ns}	1,495 ^{ns}	121957,664 ^{ns}	4	0,033 ^{ns}
(L vs. T) x A	1	0,083 ^{ns}	0,042 ^{ns}	2,680 ^{ns}	9033,087 ^{ns}	1	0,002 ^{ns}
Resíduo	336	0,024	0,660	1,400	77669,250	192	0,040
H ²	-	53,236	24,466	87,612	33,083	-	20,560
CVg (%)	-	5,705	5,727	11,632	8,907	-	2,765
CVg/CVe (%)	-	0,616	0,335	1,850	0,422	-	0,243
Médias Geral	-	1,690	1,499	18,800	1320,592	-	1,756
Média das Linhagens	-	1,686	1,501	18,824	1321,209	-	1,759
Média das Testemunhas	-	1,818	1,445	18,053	1300,358	-	1,638
C.V. (%)	-	9,237	17,132	6,293	21,103	-	11,387

** , * Significativo pelo teste F, respectivamente, ao nível de 1% e 5% de probabilidade. CVg: coeficiente de variação genética (%), H²: Coeficiente de determinação genotípico (%), CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genética e experimental, CV (%): coeficiente de variação experimental (%).

⁽¹⁾ Dados transformados para $\sqrt{x+0,5}$. ⁽²⁾ Ajuste de grau de liberdade, de acordo com o método proposto por Cochran (1954).

testemunhas. Dessa forma, havendo variabilidade genética e, esta, associada com ferramentas estatísticas computacionais adequadas, é possível a obtenção de ganhos nas linhagens com desempenho médio igual ou superior as testemunhas.

Para o caráter PG, o contraste L vs. T não apresentou diferenças significativas (Tabela 4). Isso indica que para esse caráter existem linhagens com potencial para concorrer com as cultivares comerciais, usadas como testemunhas.

O efeito de ambientes apresentou diferenças significativas para os caracteres ACAM, P100G e PG, o que indica que os ambientes se comportaram de maneira diferenciada para esses caracteres, e, que a seleção de linhagens promissoras para compor os próximos ensaios deve ser realizada de forma criteriosa, e deve levar em conta o efeito da interação L x A, pois segundo Cruz (2005), a interação pode dificultar o reconhecimento de linhagens superiores, igualando diferentes e distinguindo idênticos.

A interação L x A apresentou diferenças significativas para os caracteres ACAM e PG. Esses resultados podem dificultar o trabalho do melhorista, pois uma vez que uma linhagem ou mais apresentaram comportamento diferenciado nos ambientes avaliados para esses caracteres, este comportamento diferenciado pode muitas vezes indicar a presença de genótipos com adaptação específica o que pode restringir a recomendação de cultivares a uma região mais específica, tornando o lançamento desta cultivar mais oneroso.

O contraste L vs. T x A indica que o desempenho médio das linhagens em relação às testemunhas nos diferentes ambientes, permaneceu constante em ambos os ambientes, ou seja, em termos de comportamento médio em relação às testemunhas, as linhagens não apresentaram comportamento diferenciado entre os ambientes avaliados (Teresina-PI e Parnaíba-PI).

Foram obtidas altas estimativas de coeficientes de determinação genotípica (H^2), sendo que o caráter que apresentou o maior valor foi o P100G (87,612%), VC (53,236%), seguido dos caracteres PG (33,083%), ACAM (24,466%) e PP (20,560%) (Tabela 2). Segundo Vasconcelos et al., (2012), o H^2 é um parâmetro que tem relação com a herdabilidade, no entanto, as inferências são válidas para genótipos com efeito fixo, já a herdabilidade faz inferência sobre a proporção de variação genética a nível de população (efeito aleatório). Assim o H^2 dos caracteres P100G e VC, é indicativo de variabilidade genética disponível, indicando possíveis ganhos com a seleção. Essas estimativas corroboram com trabalhos disponíveis na

literatura (ANDRADE et al., 2010; CORREA et al., 2012). Já os demais caracteres apresentaram H^2 inferior a 50,0%, indicando, segundo Vasconcelos et al., (2012), que de toda a variação fenotípica observada, menos da metade é de origem genética e o restante provavelmente está relacionado a desvios ambientais.

As maiores estimativas do coeficiente de variação genético (CVg) foram obtidos para os caracteres P100G (11,630%) e PG (8,907%), indicando a presença de variabilidade, o que possibilita o uso de seleção para obtenção de ganhos.

Dentre as estimativas de CVg/CVe, a que apresentou maior magnitude foi o caráter P100G (1,850%). Esse resultado juntamente com as estimativas de CVg são boas indicadoras de ganhos com seleção para este caráter uma vez que na literatura, estimativas iguais ou acima de 1,0 são consideradas boas indicadoras de situação favorável para o processo de seleção. As demais estimativas apresentaram valores inferiores a 1,0. Isso indica que o processo de seleção deve ser realizado de forma criteriosa, fazendo-se uso de processos estatístico-genéticos com boa sensibilidade assim como comenta Yokomiso e Farias Neto (2003). As baixas estimativas de CVg/CVe podem ser explicadas pelas estimativas elevadas de CVe, que podem estar ocorrendo devido ao número de repetições reduzido, duas repetições, prova disso é que mesmo transformados os dados dos caracteres VC, ACAM e PP ainda apresentam estimativas altas de CVg.

Quanto à precisão experimental, as estimativas de CV encontradas foram relativamente baixas, sendo menor para o caráter P100G (6,293%) e maior para o caráter PG (21,103%). Esses resultados indicam melhor precisão experimental quando comparado com as estimativas obtidas por Idahosa et al. (2010a) e Passos et al. (2011).

Das 164 linhagens avaliadas na geração $F_{6:8}$ foram selecionadas 15 linhagens mais promissoras para compor os ensaios de VCUPE e 16 linhagens para compor os ensaios de VCUPP (Tabela 5). Ambos os ensaios de VCU foram avaliados em seis ambientes da região Meio-Norte (Piauí e Maranhão).

Tabela 5 - Intensidade de seleção, média das linhagens no ensaio intermediário, média das linhagens selecionadas para compor o ensaio VCUPE e VCUPP.

SELEÇÃO VCU-PE				SELEÇÃO VCU-PP			
Método dos Níveis Independentes de Eliminação (NIE)							
Caráter	(i%)	(Mo)	(Ms)	Caráter	(i%)	(Mo)	(Ms)
PP		1,76	1,64	PP		1,76	1,76
VC		1,68	1,81	VC		1,68	1,68
ACAM	9,15	1,50	1,43	ACAM	9,75	1,50	1,54
P100G		18,82	18,29	P100G		18,82	19,5
PROD		1.321,21	1.474,80	PROD		1.321,21	1.544,37
Índice de Smith Hazel (ISH)							
Caráter	(i%)	(Mo)	(Ms)	Caráter	(i%)	(Mo)	(Ms)
PP		1,76	1,65	PP		1,76	1,66
VC		1,68	1,81	VC		1,68	1,80
ACAM	9,15	1,50	1,47	ACAM	9,75	1,50	1,46
P100G		18,82	17,61	P100G		18,82	17,66
PROD		1.321,21	1.563,61	PROD		1.321,21	1.561,09
Índice de Mulamba e Mock (IMM)							
Caráter	(i%)	(Mo)	(Ms)	Caráter	(i%)	(Mo)	(Ms)
PP		1,76	1,73	PP		1,76	1,80
VC		1,68	1,79	VC		1,68	1,74
ACAM	9,15	1,50	1,43	ACAM	9,75	1,50	1,43
P100G		18,82	20,62	P100G		18,82	21,28
PROD		1.321,21	1.550,95	PROD		1.321,21	1.526,11
Índice Multiplicativo (MULT)							
Caráter	(i%)	(Mo)	(Ms)	Caráter	(i%)	(Mo)	(Ms)
PP		1,76	1,69	PP		1,76	1,77
VC		1,68	1,81	VC		1,68	1,75
ACAM	9,15	1,50	1,36	ACAM	9,75	1,50	1,38
P100G		18,82	20,60	P100G		18,82	20,59
PROD		1.321,21	1.506,73	PROD		1.321,21	1.546,45

i%: porcentagem de selecionados; Mo: média das linhagens no ensaio; (Ms): média das linhagens selecionadas para compor o próximo ensaio.

4.3 Ensaio de valor de cultivo e uso (VCU)

4.3.1 Ensaio de VCU de porte ereto/semiereto (VCUPE)

4.3.1.1 Análises de variância conjunta

O resumo das análises de variância conjunta dos 20 genótipos avaliados em seis ambientes é apresentado na Tabela 6. Deve-se ressaltar que o caráter PP foi avaliado em apenas dois ambientes, já que esse caráter foi o único que não

Tabela 6 - Resumo das análises de variância conjunta dos ensaios de valor de cultivo e uso de porte ereto/semiereto, com os coeficientes de variação e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi em seis ambientes da região Meio-Norte do Brasil.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio				GL	QM
		VC ⁽¹⁾ (nota)	P100G (g)	ACAM ⁽¹⁾ (nota)	PG (kg ha ⁻¹)		PP ⁽¹⁾ (nota)
Genótipos (G)	19	0,136466 ^{ns}	88,814 ^{**}	0,519 ^{**}	474514,748 ^{**}	19	0,076 [*]
Linhagens (L)	14	0,162129 ^{ns}	60,954 ^{**}	0,502 ^{**}	568419,672 ^{**}	14	0,063 [*]
Testemunhas (T)	4	0,009983 ^{ns}	2,233 ^{ns}	0,162 ^{ns}	160136,699 ^{ns}	4	0,024 ^{ns}
L vs. T	1	0,283131 ^{ns}	825,175 ^{**}	2,189 [*]	417358,000 ^{ns}	1	0,468 ^{**}
Ambientes (A)	5	0,891075 ^{**}	13,414 ^{ns}	4,019 ^{**}	27424189,617 ^{**}	1	1,932 ^{**}
G x A	95	0,115766 ^{**}	8,065 ^{**}	0,168 ^{**}	181612,4752 ^{**}	19	0,027 [*]
L x A	70	0,104589 ^{**}	7,522 ^{**}	0,166 ^{**}	160773,671 ^{**}	14	0,021 ^{ns}
T x A	20	0,066934 ^{**}	9,610 ^{**}	0,156 ^{**}	180177,195 ^{**}	4	0,034 ^{ns}
(L vs. T) x A	5	0,467572 ^{**}	9,496 ^{**}	0,248 ^{**}	479096,847 ^{**}	1	0,084 [*]
Resíduo	342	0,022185	2,552	0,043	85187,109	114	0,015
H ²	-	42,164	60,162	64,738	85,908	-	55,314
CVg (%)	-	2,926	7,944	7,643	8,206	-	4,622
CVg/CVe (%)	-	0,328	0,934	0,569	0,446	-	0,600
Média das Linhagens	-	1,673	18,781	1,549	1588,129	-	1,570
Média das Testemunhas	-	1,729	21,809	1,393	1520,032	-	1,445
C.V. (%)	-	8,827	8,176	13,766	18,577	-	7,891

^{**}, ^{*} Significativo pelo teste F, respectivamente, ao nível de 1% e 5% de probabilidade. CVg: coeficiente de variação genética (%), H²: Coeficiente de determinação genotípico (%), CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genética e experimental, CV (%): coeficiente de variação experimental (%). ⁽¹⁾ Dados transformados para $\sqrt{x + 0,5}$;

apresentou homogeneidade das variâncias dos quadrados médios do erro, segundo o teste de Pearson e Hartley (1956), onde a razão entre o maior e menor quadrado médio do erro foi muito alta, e segundo Pimentel-Gomes (2009) quando essa razão é muito elevada a eficiência do ajuste do grau de liberdade do erro é reduzida. .

A fonte de variação genótipos apresentou diferenças significativas ($P \leq 0,05$) para todos os caracteres, exceto VC. Observou-se que o desdobramento dessa fonte de variação em linhagens também apresentou diferenças significativas ($P \leq 0,01$ ou $P \leq 0,05$) para todos os caracteres, exceto VC evidenciando a presença de variabilidade genética e a possibilidade de ganhos com a seleção. Esses resultados estão, em parte, de acordo com os obtidos por Matos Filho et al. (2009), que encontraram diferenças significativas para o caráter PG e diferenças não significativas para o caráter P100G.

A interação genótipos x ambientes foi significativa ($P \leq 0,05$) para todos os caracteres, bem como o seu desdobramento em L x A, exceto para o caráter PP. Esse resultado sugere que as linhagens apresentaram comportamento diferenciado com os ambientes avaliados para maioria dos caracteres avaliados, estando de acordo com os trabalhos de Valadares et al. (2010), Almeida et al. (2014). A interação genótipos x ambientes existe quando as diferenças entre genótipos dependem do ambiente em que estes estão alocados, correspondendo assim, à alteração do valor relativo dos genótipos em diferentes ambientes (CAROLINO; GAMA; ESPADINHA, 2007). A presença de desempenho diferenciado das linhagens de feijão-caupi diante dos diferentes ambientes indica a existência de genótipos com adaptação específica a determinado ambiente e, isso torna dificultosa a indicação de cultivares. O contraste L vs. T indicou que o comportamento médio das linhagens diferiu das testemunhas para os todos os caracteres ($P \leq 0,05$), exceto para VC e PG.

O contraste L vs. T x A apresentou diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para todos os caracteres. Isso indica que, para todos os caracteres, o comportamento médio das linhagens em relação às testemunhas não se manteve constante e variou nos diferentes ambientes, demonstrando quem em termos de comportamento médio todos os caracteres mantiveram-se instáveis. Fica evidente a forte influência do

ambiente em termos de comportamento médio tanto para as linhagens como para testemunhas avaliadas.

As estimativas de coeficiente de determinação genotípico (H^2) foram maiores para os caracteres PG (85,908%), ACAM (64,738%), P100G (60,162%) e PP (55,314%) indicando que para esses caracteres a maior parte da variação é de natureza genética. Para o caráter VC os resultados indicam que menos da metade das variações que ocorreram são de natureza genética. O coeficiente de variação genético (CVg) apresentou estimativas que variou de 2,926% (PP) a 8,206%(PG), confirmando a presença de variabilidade genética para esses caracteres e possíveis ganhos com a seleção destes.

A relação CVg/CVe apresentou estimativas inferiores a 1,0 para todos os caracteres e variou de 0,328 para o caráter VC a 0,934 para o caráter P100G. Esses resultados indicam forte influência do ambiente sobre os caracteres avaliados e que o caráter P100G é o mais próximo de uma situação favorável a seleção, podendo proporcionar aumento do tamanho do grão, uma demanda atual dos produtores, empacotadores e consumidores do mercado nacional e internacional.

4.3.1.2 Agrupamento de médias

As médias dos genótipos para produtividade são apresentadas na Tabela 7. Pelo teste de agrupamento de médias foi possível observar diferenças significativas entre os genótipos, corroborando com a análise de variância.

A média geral da produtividade dos genótipos variou entre 1291,92 (kg ha⁻¹) para a linhagem MNC04-769F-30 e 1892,50 (kg ha⁻¹) para a linhagem MNC04-795F-153. Também foi possível observar que a média geral das linhagens 1.588,12 (kg ha⁻¹) foi maior que a média geral das testemunhas 1.520,03 (kg ha⁻¹) e que a BRS Cauamé foi a testemunhas que apresentou a maior média geral (1.619,64 kg ha⁻¹) e 40% das linhagens apresentaram média maior que a mesma.

Observando-se a média dos ambientes foi possível verificar que as menores médias de produtividade dos genótipos 920,00 (kg ha⁻¹), linhagens 1.003,77 (kg ha⁻¹) e testemunhas 671,00 (kg ha⁻¹) ocorreram em MR-2014, e em SRM-2013 ocorreram as maiores médias de produtividade genótipos 2.529,24 (kg ha⁻¹), linhagens 2.560,10 (kg ha⁻¹) e testemunhas 2.436,37 (kg ha⁻¹).

Tabela 7 – Médias de produtividade de grãos (kg.ha⁻¹) de 20 genótipos de feijão-caupi de porte ereto e semiereto avaliados em seis ambientes da região Meio-Norte do Brasil.

Código das Linhagens	Produtividade de grãos (kg ha ⁻¹)						Média Geral (kg ha ⁻¹)
	2013				2014		
	MR	SRM	THE	URÇ	MR	URÇ	
MNC04-762F-3	1.058,50a	2.600,00a	1.268,00a	1.795,00a	810,00b	1.375,00b	1.484,42
MNC04-762F-9	1.172,50a	2.905,00a	1.396,00a	1.885,00a	965,00a	1.660,00a	1.663,83
MNC04-769F-30	843,00b	2.215,00b	1.478,50a	1.370,00a	835,00b	1.010,00b	1.291,92
MNC04-769F-48	915,50b	2.570,00a	1.323,50a	1.654,68a	1.095,00a	1.345,00b	1.483,95
MNC04-792F-146	1.012,50b	2.605,00a	1.293,50a	2.065,00a	1.025,00a	1.370,00b	1.561,83
MNC04-769F-62	1.223,00a	2.805,00a	1.737,50a	1.930,00a	1.060,00a	1.290,00b	1.674,25
MNC04-782F-104	1.213,54a	2.630,00a	1.418,50a	1.840,04a	1.055,00a	1.940,00a	1.682,85
MNC04-792F-143	969,50b	2.115,00b	1.523,50a	1.790,00a	965,00a	1.785,00a	1.524,66
MNC04-792F-144	1.124,00a	1.790,00b	1.461,00a	1.750,00a	1.025,00a	1.540,00b	1.448,33
MNC04-792F-148	1.217,50a	2.260,00b	1.350,50a	1.765,00a	976,50a	1.485,00b	1.509,08
MNC04-795F-153	1.204,50a	2.900,00a	1.550,50a	2.185,00a	1.370,00a	2.145,00a	1.892,50
MNC04-795F-154	1.285,50a	2.659,41a	1.445,50a	1.815,00a	920,00a	1.625,00a	1.625,07
MNC04-795F-155	862,00b	2.565,00a	1.150,00a	1.730,00a	1.295,00a	1.610,00a	1.535,33
MNC04-795F-159	1.484,00a	2.770,00a	1.783,50a	2.015,00a	1.215,00a	1.880,00a	1.857,91
MNC04-795F-168	1.001,00b	3.025,00a	1.554,50a	2.080,00a	445,00b	1.410,00b	1.585,92
Média das linhagens	1.105,77	2.560,10	1.449,00	1.844,65	1.003,77	1.564,67	1.588,12
Testemunhas							
BRS Guariba	1.188,36a	2.430,00a	1.442,50a	2.010,00a	765,00b	1.720,00a	1.592,64
BRS Tumucumaque	1.059,50a	2.010,00b	1.297,50a	2.010,00a	745,00b	1.680,00a	1.467,00
BRS Novaera	634,00b	2.580,00a	1.465,00a	2.020,00a	475,00b	1.420,00b	1.432,33
BRS Itaim	525,00b	2.435,00a	1.358,00a	2.243,25a	700,00b	1.670,00a	1.488,54
BRS Cauamé	1.309,00a	2.728,34a	1.485,50a	1.725,00a	670,00b	1.800,00a	1.619,64
Média das testemunhas	943,17	2.436,67	1.409,70	2.001,65	671,00	1.658,00	1.520,03
Média Geral	1.065,12	2.529,24	1.439,17	1.883,90	920,57	1.588,00	1.571,00

Médias seguidas de mesma letra, não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Observando-se todos os ambientes e todos os genótipos a produtividade variou entre 445,00 (kg ha⁻¹) para a linhagem MNC04-795F-168 no ambiente MR-2014 e 3.025,00 (kg ha⁻¹) para a mesma linhagem no ambiente SRM-2013.

Em quatro dos seis ambientes avaliados o teste de Scott-Knott agrupou os genótipos avaliados em dois grupos. Em THE-2013 e URÇ-2013 não houve diferenças significativas entre os genótipos avaliados, entretanto a linhagem MNC04-795F-159 se destacou no primeiro ambiente com produtividade de 1.783,50 (kg ha⁻¹) e a linhagem MNC04-795F-153 se destacou com produtividade de 2.185,00 (kg ha⁻¹) no segundo ambiente citado. Nos demais ambientes foi possível observar a ocorrência de dois grupos, merecendo destaque as linhagens MNC04-762F-9, MNC04-782F-104, MNC04-792F-143, MNC04-795F-153, MNC04-795F-154, MNC04-795F-155 e MNC04-795F-159 que apresentaram as maiores médias sendo alocadas no primeiro grupo nos ambientes MR-2013, SRM-2013, MR-2014 e URÇ-2014.

A produtividade média das linhagens avaliadas (1.588,12 kg ha⁻¹) foi superior às produtividades médias encontradas por Santos et al. (2012), que obtiveram média de 1.205,72 kg ha⁻¹. No trabalho destes autores, a linhagem que apresentou maior produtividade foi a MNC03-737F-5-9, com produção média de 1.519,74 kg ha⁻¹. Esse valor é inferior a 67% da média das linhagens avaliadas no presente trabalho.

4.3.2 Ensaio de VCU de porte prostrado/semiprostrado (VCUPP)

De acordo com o teste de Pearson e Hartley (1956), verificou-se que todos os caracteres, exceto PP e PG, apresentavam homogeneidade de variâncias dos quadrados médios dos erros, condição para a realização da análise conjunta. Nos casos em que a mesma não ocorreu, utilizou-se a metodologia de Cochran (1954), com ajuste dos graus de liberdade.

4.3.2.1 Análises de variância conjunta

O resumo da análise de variância conjunta do ensaio de VCUPP é apresentado na Tabela 8. Observaram-se diferenças significativas ($P \leq 0,05$) para a fonte de variação genótipos e sua decomposição em linhagens também apresentou diferenças com o mesmo grau de significância para os caracteres VC, ACAM e P100G. Isso indica que existe variabilidade entre as linhagens avaliadas,

Tabela 8 - Resumo das análises de variância conjunta dos ensaios de valor de cultivo e uso de porte prostrado/semiprostrado, com os coeficientes de variação e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi de porte prostrado/semiprostrado em cinco ambientes da região Meio-Norte do Brasil.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio			GL	QM		GL	QM
		VC ⁽¹⁾ (nota)	ACAM ⁽¹⁾ (nota)	P100G (g)		PG ⁽²⁾ (kg ha ⁻¹)	PP ^(1,2) (nota)		
Genótipos (G)	19	0,174**	0,402**	58,970**	19	254737,869*	19	0,073*	
Linhagens (L)	15	0,163**	0,416**	47,247**	15	218913,325 ^{ns}	15	0,086 ^{ns}	
Testemunhas (T)	3	0,283 ^{ns}	0,323**	134,971**	3	276240,293 ^{ns}	3	0,003 ^{ns}	
L vs. T	1	0,016 ^{ns}	0,427 ^{ns}	7,082 ^{ns}	1	727598,764 ^{ns}	1	0,081 ^{ns}	
Ambientes (A)	4	0,669**	6,382**	178,290 ^{ns}	4	34852390,729**	4	0,370**	
G x A	76	0,052**	0,109**	6,725**	56	129717,628 ^{ns}	56	0,041**	
L x A	60	0,047**	0,124**	6,722**	44	127812,931 ^{ns}	44	0,047**	
T x A	12	0,087**	0,046 ^{ns}	8,406**	9	87405,600 ^{ns}	9	0,005 ^{ns}	
L vs. T x A	4	0,015 ^{ns}	0,067*	1,730 ^{ns}	3	285224,167 ^{ns}	3	0,053*	
Resíduo	285	0,021	0,026	3,503	193	119849,005	192	0,0140	
H ²	-	66,212	72,623	68,722	-	35,762	-	53,395	
CVg (%)	-	4,480	7,356	7,606	-	4,603	-	2,421	
CVg/CVe (%)	-	0,523	0,740	0,760	-	0,195	-	0,373	
Média das Linhagens	-	1,696	1,643	18,714	-	1466,247	-	1,823	
Média das Testemunhas	-	1,680	1,725	19,047	-	1572,871	-	1,859	
C.V. (%)	-	8,586	9,846	9,966	-	23,272	-	6,461	

** , * Significativo pelo teste F, respectivamente, aos níveis de 1% e 5% de probabilidade. CVg: coeficiente de variação genética (%), H²: Coeficiente de determinação genotípico (%), CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genética e experimental, CV (%): coeficiente de variação experimental (%).

⁽¹⁾ Dados transformados para $\sqrt{x + 0,5}$. ⁽²⁾ Ajuste de grau de liberdade, de acordo com o método proposto por Cochran (1954).

possibilitando a seleção de pelo menos uma linhagem superior às testemunhas que passará depois a ser indicada como cultivar para a região Meio-Norte do Brasil, especialmente para os agricultores familiares, que preferem cultivares deste grupo de porte.

A interação genótipos x ambientes e linhagens x ambientes apresentaram diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para todos os caracteres avaliados, exceto para PG. Isso indica um comportamento diferencial dos genótipos/linhagens frente às variações de ambientes para esses caracteres.

A ausência de interação G x A e L x A para PG indica que os genótipos/linhagens de uma forma geral apresentaram comportamento produtivo previsível nos ambientes avaliados, essa informação é importante, pois facilita o trabalho do melhorista ao indicar uma cultivar para uma determinada região.

No entanto os demais caracteres apresentaram interação LxA e segundo Cruz (2006), quando o ambiente interfere em grande magnitude, a eficácia de predição do valor genotípico por meio do valor fenotípico é reduzida, ademais a existência de interação genótipo x ambiente influencia o ganho a ser obtido com a seleção. Assim, faz-se necessário o conhecimento desta interação para que a variância genética utilizada na predição do ganho não seja confundida com a interação, caso o objetivo do programa de melhoramento seja o lançamento de cultivares com ampla adaptação.

O contraste L vs. T não apresentou diferenças significativas para nenhum dos caracteres avaliados, ou seja, as linhagens apresentaram comportamento médio semelhante às testemunhas, indicando o potencial dessas linhagens para competir com as testemunhas, que foram representadas por cultivares comerciais.

É importante ressaltar que o resultado da fonte de variação L vs. T dá ideia do comportamento médio do grupo de linhagens em relação ao grupo de testemunhas, ou seja, esse contraste informa se a média das 16 linhagens é igual, ou diferente, estatisticamente, da média das quatro cultivares testemunhas. Assim, para obter informações individuais sobre a média de cada uma das linhagens em relação a cada uma das testemunhas, e, verificar se existem linhagens superiores a testemunha faz-se necessário o uso de teste de comparações múltiplas.

4.3.2.2 Agrupamento de médias

As médias do caráter produtividade dos 20 genótipos de feijão-caupi de porte prostrado/semiprostrado avaliados em 5 ambientes estão dispostas na Tabela 9, estes genótipos foram agrupados por meio da aplicação do teste de agrupamento de médias de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Foi possível verificar que a média geral dos genótipos variou entre 1.250,53 (kg ha⁻¹) para a linhagem MNC04-774F-78 a 1.659,56 (kg ha⁻¹) para testemunha BRS Marataoã.

Observando-se a média por ambiente verificou-se que as menores médias para linhagens, 891,26 (kg ha⁻¹), e testemunhas, 940,30 (kg ha⁻¹), ocorreram em MT-2013. E a maiores médias 2.484,18 (kg ha⁻¹) e 2.549,85 (kg ha⁻¹) ocorreram em SRM-2013 respectivamente para linhagens e testemunhas.

Embora as testemunhas tenham apresentado médias maiores que as linhagens em 4 dos 5 ambientes avaliados o teste de agrupamento de média só agrupou os genótipos em dois grupos em apenas 1 dos 5 ambientes avaliados.

Observando-se todos os ambientes e todos os genótipos a produtividade dos genótipos variou de 628,12 (kg ha⁻¹) para a linhagem MNC04-769F-31 no ambiente MT-2013 a 2.840,62 (kg ha⁻¹) para a linhagem MNC04-768F-25 no ambiente SRM-2013. O ambiente SRM-2013 foi o único que pelo teste de agrupamento foram formados três grupos, merecendo destaque a linhagem MNC04-768F-25 que com produtividade de 2.840,62 (kg ha⁻¹) ficou alocada no primeiro grupo fazendo parte dos 31,25% das linhagens alocadas neste grupo.

As médias de linhagens (1.466,24 kg ha⁻¹) e a média geral (1.487,57 kg ha⁻¹) obtidas apresentam valores superiores aos encontrados por Silva e Neves (2011), que obtiveram produtividades de 1.432,53 (kg.ha⁻¹) e 1487,65 (kg.há⁻¹), respectivamente.

Tabela 9 – Médias do caractere produtividade de grãos (PG) de 20 genótipos de feijão-caupi de porte prostrado/semiprostrado avaliados em cinco ambientes da região meio-norte.

Código das Linhagens	Produtividade de grãos (kg ha ⁻¹)					Média Geral (kg ha ⁻¹)
	2013				2014	
	MT	SRM	THE	URÇ	URÇ	
MNC04-768F-21	857,50a	2.609,37a	1.475,00a	1.053,12a	1.796,87a	1.558,36
MNC04-768F-16	982,81a	2.396,87b	1.218,75a	1.078,12a	1.665,62a	1.468,43
MNC04-768F-25	1.036,25a	2.840,62a	1.342,84a	1.071,87a	1.721,87a	1.602,69
MNC04-769F-26	890,00a	2.825,00a	921,56a	1.003,12a	1.993,75a	1.526,68
MNC04-769F-27	675,00a	2.351,59b	1.154,62a	934,37a	1.662,50a	1.355,61
MNC04-769F-31	628,12a	2.431,25b	1.000,31a	784,37a	1.556,25a	1.280,06
MNC04-769F-45	786,25a	2.534,28b	1.360,41a	1.012,50a	1.659,37a	1.470,55
MNC04-769F-46	750,31a	2.625,00a	1.270,00a	971,87a	1.634,37a	1.450,31
MNC04-769F-55	865,93a	2.445,18b	1.300,62a	1.143,75a	1.071,87a	1.365,47
MNC04-774F-78	729,37a	1.814,87c	1.005,31a	1.081,25a	1.621,87a	1.250,53
MNC04-774F-90	1.036,87a	2.421,87b	1.226,56a	1.103,12a	1.690,62a	1.495,80
MNC04-782F-108	1.152,50a	2.538,56b	1.063,43a	1.050,00a	1.746,87a	1.510,27
MNC04-792F-123	1.021,25a	2.634,37a	1.250,34a	1.196,87a	1.843,75a	1.589,31
MNC04-792F-129	911,25a	2.406,25b	1.246,18a	1.034,37a	1.684,37a	1.456,48
MNC04-769F-49	902,18a	2.478,12b	1.379,06a	1.281,25a	1.753,12a	1.558,75
MNC04-795F-158	1.034,68a	2.393,75b	1.221,18a	1.218,75a	1.734,37a	1.520,55
Média das linhagens	891,26	2.484,18	1.214,76	1.063,66	1.677,34	1.466,24
Testemunhas						
BRS Marataoã	1.031,87a	2.993,75a	1.472,18a	1.012,50a	1.787,50a	1.659,56
BRS Pajeú	1.094,06a	2.831,25a	1.202,18a	1.262,50a	1.890,62a	1.656,12
BRS Pujante	813,43a	2.659,37a	1.236,25a	918,75a	1.415,62a	1.408,67
BRS Xiquexique	821,87a	2.765,62a	1.319,30a	1.306,25a	1.621,87a	1.567,00
Média das testemunhas	940,30	2.812,50	1.182,63	1.125,00	1.678,90	1.572,83
Média Geral	901,07	2.549,85	1.208,33	1.075,93	1.677,65	1.487,65

Médias seguidas de mesma letra, não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

4.4 Ganho genético

4.4.1 Ensaio de VCU de porte ereto/semiereto (VCUPE)

As estimativas dos ganhos genéticos esperado e realizado nos dois ciclos de seleção obtidas com base na seleção individual e simultânea de caracteres nas linhagens do ensaio de VCUPE via métodos dos níveis independentes e três índices de seleção são apresentadas na Tabela 10.

No primeiro ciclo de seleção, as estimativas do ganho esperado, obtidas com uso do método dos níveis independentes de eliminação (NIE), foram baixas para todos os caracteres avaliados, variando de -0,54%, para o caráter P100G, a 3,44%, para o caráter PG. Essas baixas estimativas de GE são decorrentes dos baixos valores do diferencial de seleção e de H^2 . Os baixos valores do diferencial de seleção podem ser explicados pela pós-seleção para qualidade de sementes, assim embora o método de seleção estabeleça valores mínimos para cada um dos caracteres avaliados, como por exemplo, para o caráter PG, mesmos genótipos apresentando um valor alto para o caráter PG os que não apresentaram qualidade de semente, dentro da demanda do mercado atual, não foram selecionados.

Ademias, neste ciclo de seleção houve, também, uma forte seleção fenotípica para os caracteres VC, PP e ACAM. Os baixos valores do diferencial de seleção também podem estar relacionados ao baixo número de indivíduos que possuem simultaneamente frequência alélica alta favorável para os diferentes caracteres.

Já as baixas estimativas de H^2 podem estar relacionadas, principalmente, ao controle genético do caráter e ao delineamento utilizado, no caso os blocos aumentados de Federer. Segundo Ramalho (2012b), o maior controle sobre os erros experimentais proporciona menor efeito do ambiente, o que contribui para o aumento das estimativas de H^2 . Para Pereira (2008), o efeito favorável da seleção sob a população depende diretamente da existência de variação genética suficiente entre os indivíduos, da frequência alélica do caráter e da intensidade de seleção, maior ou menor, exercida sobre o caráter.

As estimativas de ganhos genéticos individuais realizados no primeiro ciclo de seleção pelo método NIE foram favoráveis para os caracteres VC, PP e ACAM, sendo estas maiores que as estimativas de ganhos genéticos esperados para os mesmos caracteres (Tabela 10).

Tabela 10 – Estimativas de ganhos genéticos esperado e realizado proporcionadas por diferentes critérios de seleção para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtidas a partir da avaliação de genótipos de feijão-caupi de porte ereto/semiereto.

1º Ciclo de seleção												
Tipo de seleção	Caracteres avaliados											
	VC		PP		ACAM		P100G		PG		TOTAL	
	(nota)		(nota)		(nota)		(g)		(kg ha ⁻¹)		(unidade)	
	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%
NIE	0,11	4,78	0,01	-5,64	-0,01	-19,16	-0,54	-3,91	3,44	-11,57	3,02	14,11
2º Ciclo de seleção												
Tipo de seleção	Caracteres avaliados											
	VC		PP		ACAM		P100G		PG		TOTAL	
	(nota)		(nota)		(nota)		(g)		(kg ha ⁻¹)		(unidade)	
	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%
NIE	4,02	8,68	-1,35	2,97	-1,08	-8,81	-2,46	-2,71	3,84	-4,05	2,62	7,75
ISH	3,77	0,22	-1,22	6,42	-0,51	-1,06	-5,62	-2,71	6,07	-4,45	5,61	-12,30
IMM	3,28	10,13	-0,33	4,14	-1,08	-13,87	8,36	0,33	5,75	-10,02	18,43	10,17
IMULT	3,83	12,82	-0,71	0,32	-2,22	-15,42	8,25	-4,74	4,64	-11,44	19,28	11,75

NIE: método dos níveis independentes de eliminação, ISH: índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), IMM índice de seleção de Mulamba e Mock (1978), IMULT: índice multiplicativo de Subandi (1973).

Esses resultados indicam que para estes caracteres a seleção realizada por meio desse método proporcionou o aumento da frequência de alelos favoráveis. Esses resultados foram diferentes dos encontrados por Moura (2013) e Silva (2014), que avaliando genótipos de feijão-caupi encontraram estimativas de ganhos esperados maiores que os realizados. Pereira (2008) afirma que o efeito genético da seleção é o aumento da frequência alélica desejável e o resultado líquido da seleção deve ser a mudança na média da população. O caráter ACAM apresentou a maior estimativa percentual de ganho realizado (-19,16%). Esse resultado é importante, pois segundo Machado et al. (2008) este caráter apresenta correlação genética negativa com a produtividade de grãos. Esses autores ainda afirmam que a baixa incidência de acamamento, juntamente com o porte ereto, melhor arquitetura da planta e alta produtividade de grãos possibilitará uma colheita totalmente mecanizada desta cultura, como de fato já ocorre no Brasil.

Para os caracteres P100G e PG, as estimativas de ganhos genéticos realizados após o primeiro ciclo de seleção foram negativas, respectivamente de -4,29% e -11,57%. Vale ressaltar que esses ganhos negativos estão relacionados ao caráter qualidade de grãos, citado anteriormente, e também ao fato desses caracteres apresentarem herança quantitativa e, portanto, sob maior influência do ambiente, o que pode levar a seleção de genótipos indesejáveis. Segundo Pereira (2008), uma das restrições mais perceptíveis do método NIE é o decréscimo que esse método provoca na intensidade de seleção de cada caráter individualmente. Assim, à medida que aumenta o número de caracteres envolvidos na seleção, ocorre diminuição na intensidade de seleção praticada na razão $1/\sqrt{n}$, e quando ocorrem correlações genéticas negativas entre os caracteres envolvidos na seleção, a intensidade de seleção decresce ainda mais.

De forma geral, verificou-se que a estimativa do ganho simultâneo realizado para todos os caracteres avaliados (14,11%) foi superior ao ganho esperado (3,02%). Isso se deve principalmente ao baixo valor de H^2 , já comentado. Esses resultados indicam que os genótipos selecionados possuem alelos que proporcionaram ganhos simultâneos efetivos, ou seja, a seleção através do método NIE foi eficiente para a maioria dos caracteres avaliados.

No segundo ciclo de seleção, as estimativas do ganho simultâneo esperado, em percentual, obtidos para os caracteres VC e PG foram relativamente

semelhantes, independente do método de seleção utilizado. No entanto, o ganho realizado para esses caracteres indica que os métodos de seleção que proporcionaram maior ganho para VC (12,82%) foi o IMULT, juntamente com o IMM (10,13%). Já para o caráter PG, embora todos os métodos utilizados tenham proporcionado ganhos negativos para este caráter, o método IMM (-10,02%), juntamente com o IMULT (-11,44%), proporcionaram os menores ganhos. Santos e Araújo (2001), avaliando genótipos de feijão-caupi, obtiveram ganhos negativos para o caráter produção quando utilizaram o índice de soma de postos ou “ranks” de Mulamba e Mock e o índice multiplicativo. Segundo Ramalho et al. (2012a) a eficiência do ISH é diretamente dependente da obtenção de estimativas fidedignas de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas dos diferentes caracteres. Dessa forma a diferença entre o ganho realizado (-4,5%) e o ganho estimado (6,07%) para o caráter PG pode estar associado à precisão experimental, uma vez que a obtenção de parâmetros genéticos e ambientais pode estar sub ou superestimada devido ao erro experimental associado.

Observou-se que o método de seleção ISH seguido do IMM apresentaram as maiores estimativas de ganhos realizado para o caráter PP, com valores de (6,42%) e (4,14%), respectivamente. Para o caráter ACAM as maiores estimativas de ganhos realizado foram proporcionadas pelo IMULT (-15,42%) seguido do IMM (-13,87%).

O IMM e o IMULT proporcionaram as maiores estimativas de ganhos simultâneos esperado com a seleção, respectivamente, 18,43% e 19,28%. Essas estimativas corroboram em parte com as encontradas por Oliveira (2014) ao selecionar simultaneamente caracteres de produção, biofortificação e culinária em populações segregantes de feijão-caupi por meio de índices de seleção. Segundo Cruz et al. (2012), esses índices são não paramétricos, ou seja, não dependem das covariâncias genéticas e fenotípicas entre os caracteres avaliados. O IMM e o IMULT também proporcionaram as maiores estimativas de ganhos simultâneos esperado com a seleção.

As estimativas de ganhos genéticos simultâneos realizados, de forma geral, foram maiores no primeiro ciclo de seleção, pelo método NIE, quando comparado às estimativas obtidas no segundo ciclo. Isso poderia indicar diminuição de variabilidade ao longo dos ciclos de seleção. No entanto, pode-se observar que o ganho realizado para o caráter VC, foi maior no segundo ciclo de seleção, indicando que para esse caráter, houve manutenção de variabilidade genética.

4.4.2 Ensaio de VCU de porte prostrado/semiprostrado (VCUPP)

As estimativas de ganhos genéticos esperados e realizados nos dois ciclos de seleção, obtidas com base na seleção individual e simultâneas de caracteres nas linhagens do ensaio VCUPP via métodos dos níveis independentes e três índices de seleção são apresentadas na Tabela 11.

As estimativas de ganhos individuais esperados para cada um dos caracteres obtidas no primeiro ciclo de seleção não foram altos pelo método dos níveis independentes de eliminação (Tabela 11). Este mesmo resultado foi observado para o ganho simultâneo esperado (3,01%), no entanto o ganho realizado apresentou estimativas altas tanto pela seleção individual como por meio da seleção simultânea (44,22%).

Esse resultado ocorreu provavelmente em decorrência das baixas estimativas de H^2 utilizadas para estimar o ganho esperado. Segundo Ramalho et al. (2012b), quando a herdabilidade for baixa, as estimativas de ganhos esperados podem estar sendo subestimadas.

No segundo ciclo de seleção, todos os métodos utilizados, exceto NI, proporcionaram estimativas de ganhos esperados positivos para o caráter VC, no entanto, todas as estimativas de ganhos realizados foram negativas, independentemente do método utilizado, exceto para o ISH que apresentou valor de ganho realizado positivo (2,85%). Para o caráter PP, a maior estimativa de ganho realizado foi obtida com uso do ISH e IMM. As maiores estimativas de ganhos realizados, favoráveis para o caráter ACAM, foram obtidas com uso do ISH (-12,53%) e IMM (-8,50%).

O método que proporcionou maiores estimativas de ganho real individual para o caráter P100G foi o dos níveis independentes de eliminação e o índice multiplicativo (13,51%). O método que apresentou menor estimativa do ganho realizado para este caráter foi o índice de Smith Hazel com estimativa negativa de (-2,09%). Para o caráter PG, o método que proporcionou maior estimativa de ganhos reais foi o índice de soma de postos ou “ranks” de Mulamba e Mock (8,62%), seguido do método dos níveis independentes de eliminação (7,83%).

Com relação às estimativas de ganhos simultâneos, no geral os ganhos esperados foram menores que os realizados, demonstrando que a seleção foi eficiente, discordando dos resultados obtidos por Moura (2013) e Silva (2014).

Tabela 11 – Estimativas de ganhos genéticos predito e realizado proporcionadas por diferentes critérios de seleção para os caracteres valor de cultivo (VC), porte da planta (PP), acamamento (ACAM), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG), obtidas a partir da avaliação de genótipos de feijão-caupi de porte prostrado/semiprostrado.

1º Ciclo de seleção												
Caracteres avaliados												
Tipo de seleção	VC		PP		ACAM		P100G		PG		TOTAL	
	(nota)		(nota)		(nota)		(g)		(kg ha ⁻¹)		(unidade)	
	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%
NI	0,11	7,62	0,01	-0,76	-0,01	-21,76	-0,54	4,04	3,44	10,04	3,01	44,22
2º Ciclo de Seleção												
Caracteres avaliados												
Tipo de seleção	VC		PP		ACAM		P100G		PG		TOTAL	
	(nota)		(nota)		(nota)		(g)		(kg ha ⁻¹)		(unidade)	
	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%	GE%	GR%
NI	-0,21	-4,15	0,00	-0,07	0,63	2,00	3,14	13,51	5,59	7,83	7,89	15,26
ISH	3,75	2,85	-1,16	-4,22	-0,68	-12,53	-5,75	-2,09	6,00	3,79	5,84	21,3
IMM	1,64	-1,15	0,44	-0,07	-1,21	-8,50	11,02	7,42	5,13	8,62	18,56	23,46
IMULT	2,03	-2,63	0,16	-1,41	-2,02	-4,15	8,24	13,51	5,64	5,18	17,39	21,62

NI: método dos níveis independentes de eliminação, ISH: índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), IMM: índice de seleção de Mulamba e Mock (1978), IMULT: índice multiplicativo de Subandi (1973).

O método que proporcionou as maiores estimativas de ganhos simultâneos realizados foi o índice de soma de postos ou “ranks” de Mulamba e Mock (23,46%), seguido do índice multiplicativo de Subandi (21,62%) e dos níveis independentes de eliminação (15,54%). Dias (2009), selecionando genótipos superiores em feijão-caupi com base em dez caracteres de importância agrônômica, avaliou o ganho genético esperado por diferentes índices de seleção e concluiu que os índices de base e o multiplicativo foram os mais eficientes. Já Oliveira (2014), comparando três índices de seleção em populações segregantes de feijão-caupi obteve maiores estimativas de ganhos ao utilizar o índice de soma de postos ou “ranks” de Mulamba e Mock.

5 CONCLUSÕES

O método dos níveis independentes de eliminação foi eficiente para a obtenção de ganho reais simultâneos.

A seleção simultânea de caracteres em genótipos de porte ereto/semiereto e prostrado/semiprostrado proporcionou maiores ganhos genéticos reais por meio do índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock e do índice Multiplicativo de Subandi.

REFERÊNCIAS

ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; MARTINS, L. A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões sul e alto Paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 105-112, 1994.

ADEIGBE, O. O.; ADEWALE, B. D.; FAWOLE, I. O. Genetic variability, stability and relationship among some Cowpea, *Vigna unguiculata* (L.) Walp breeding lines. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**. v. 3 n. 9, p. 203-208, 2011.

AJAYI A. T.; ADEKOLA M. O.; TAIWO B. H.; AZUH V. O. Character Expression and Differences in Yield Potential of Ten Genotypes of Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **International Journal of Plant Research**, v. 4, n. 3, p. 63-71, 2014.

ALLIPRANDINI, L.F.; TOLEDO, J.F.F. de; FONSECA JÚNIOR, N.S.; KIIHL, R.A. de S.; ALMEIDA, L.A. de. Ganho genético em soja no Estado do Paraná, via melhoramento, no período de 1985/86 a 1989/90. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28, p.489-497, 1993.

ALMEIDA, W. S.; FERNANDES, F. R. B.; TEÓFILO, E. M.; BERTINI, C. H. C. M. Correlation and path analysis in components of grain yield of cowpea genotypes. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 4, p. 726-736, 2014.

ANDRADE JÚNIOR, A. S.; SANTOS, A. A.; ATHAYDE SOBRINHO, C.; BASTOS, E. A.; MELO, F. B.; VIANA, F. M. P.; FREIRE FILHO, F. R.; CARNEIRO, J. S.; ROCHA, M. M.; CARDOSO, M. J.; SILVA, P. H. S.; RIBEIRO, V. Q. **Cultivo do feijão caupi** (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2002 (Sistemas de Produção 2).

ANDRADE, F. N.; ROCHA, M. de M.; GOMES, R. L. F.; FREIRE FILHO, F. R.; RAMOS, S. R. R. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi avaliados para feijão fresco. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 2, p. 253-258, 2010.

ARAUJO, A. H.; CARDOSO, P. C. B.; PEREIRA, R. A.; LIMA, L. M.; OLIVEIRA, A. S.; MIRANDA, M. R. A.; XAVIER-FILHO, J.; SALLES, M. P. In vitro digestibility of globulins from cowpea (*Vigna unguiculata*) and xerophitic algaroba (*Prosopis*

juliflora) seeds by mammalian digestive proteinases: a comparative study. **Food Chemistry**, v. 78, p. 143-147, 2002.

BANZATO, D.A.; KRONKA, S. do N. **Experimentação agrícola**. 4.ed. Jaboticabal: Funep, 2006. 237p.

BARROS, F. R.; FILHO, C. J. A.; ROCHA, M. M.; NUNES, J. A. R.; SILVA, K. J. D.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q. Potencial genético de progênies de feijão-caupi segregantes quanto ao tipo da inflorescência. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.46, n.2, p.182-189, 2011.

BENVINDO, R, N. **Avaliação de genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado em cultivo de sequeiro e irrigado**. 2007. 69f. Dissertação. (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2007.

OLIVEIRA, D. G. **Seleção simultânea para produção, biofortificação e culinária em populações segregantes de feijão-caupi**. 2014. 71f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2014.

BERNARDO, O. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2 ed. Wood burg: Stemma, 2010, 400p.

BEZERRA, A. A. C.; TÁVORA, F. J. A. F.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q. Características de dossel e de rendimento em feijão-caupi ereto em diferentes densidades populacionais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.10, p.1239-1245, 2009.

BERTINI, C. H. C. M.; TEÓFILO, E. M.; DIAS, F. T. C. Divergência genética entre acessos de feijão. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, n. 1, p. 99-105, 2009.

CARVALHO, L. P.; BARBOSA, M. H. P.; COSTA, J. N.; FARIAS, F. J. C.; SANTANA, J. C. F.; ANDRADE, F. P. Progresso genético do algodoeiro herbáceo no Nordeste. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 3, p.283-291, 1997.

CAROLINO, N.; GAMA, L.T.; ESPADINHA, P. Interações genótipo x ambiente em caracteres reprodutivos e de crescimento de bovinos Alentejanos. **Archivos de Zootecnia**, v.56, p.634-640, 2007.

CHATTOPADHYAY, A.; RANA, N. P.; SETH, T.; DAS, S.; CHATTERJEE, S.; DUTTA, S. Identification of selection indices and choosing of parents for vegetable cowpea (*Vigna unguiculata* cv-gr. Sesquipedalis) Breeding programme. **Legume research**, v. 37 n. 1, p.19-25, 2014.

COCHRAN, W. G. The combination of estimates of estimates from diferente experiments. **Biometrics**, v. 10, p. 101-29, 1954.

CORREA, A. M.; CECCON, G.; CORREA, C. M. A.; DELBEN, D. S. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. **Revista Ceres**, v. 59, n.1, p. 88-94, 2012.

COSTA, M. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊNDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.39, n 11, p.1095-1102, 2004.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4ª ed., v. 2, Viçosa: Editora UFV, 2006. 585p.

CRUZ, C. D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Editora UFV, Viçosa. 2005. 394p.

CRUZ C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao Melhoramento Genético**. 3ªed. Viçosa: Editora UFV, 2004. 585p.

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

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

DAMASCENO-SILVA, K. J. **Estatística da produção de feijão-caupi**. Grupo cultivar. <http://ww.grupocultivar.com.br/arquivos/estatistica.pdf>, 2009. Acesso em 15 de agosto de 2013.

DEGEFA, I.; PETROS, Y.; ANDARGIE, M. Genetic variability, heritability and genetic advance in Mung bean (*Vigna radiata* L. Wilczek) accessions. **Plant Science Today** v. 1, n. 2, p. 94-98, 2014.

DIAS, F. T. C. **Utilização de técnicas multivariadas e moleculares na caracterização e seleção de genótipos de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce**. 2009. 99f. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2009.

DI MAURO, A.O.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C.S. Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, p.667-672, 1995.

Embrapa Arroz e Feijão. Home Page, 2014. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/arroz-e-feijao/produtos-processos-e-servicos>>. Acesso em: 01/02/2015.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 2ª ed. Viçosa: UFV, 1987, 279p.

FAOESTAT. Home Page, 2013. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>>. Acesso em: 20/04/2015.

FERNANDES, J. S. C. **Estabilidade ambiental de cultivares de milho (*Zea mays* L.) na região Centro Sul do Brasil**. 1988. 94 f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiróz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1988.

FERRÃO, R. G.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, A. et al. Parâmetros genéticos em café *Conilon*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 1, p. 61-69, 2008.

FISHER, R. A. The use of multiple measurements in taxonomic problems. **Annals of Eugenics**, London, v. 7, n. 2, p. 179-188, 1936.

FERREIRA, M.A.J.F.; QUEIROZ, M.A.; BRAZ, L.T.; VENCOSKY, R. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas

implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, v. 21, n. 3, p. 438-442, 2003.

FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. de A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 519p.

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

FREY, K. J.; HORNER, T. Comparison of actual and predicted gains in barley selection experiments. **Agronomy Journal**, v. 47, n. 4, p. 186-188, 1955.

FROTA, K. M. G.; SOARES, R. A. M.; ARÊAS, J. A. G. Composição química do feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.), cultivar BRS-Milênio. **Ciência Tecnologia e Alimento**, Campinas, v. 28, n. 2, p. 470-476, 2008.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices não paramétricos para seleção de cultivares. **Bragantina**, Campinas, v. 58, n. 2, p. 253-267, 1999.

GRANGEIRO, T. B. Composição bioquímica da semente. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. de A.; RIBEIRO, V. Q. (Ed.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília, DF. Embrapa Informação Tecnológica; p. 338-365, 2005.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-490, 1943.

HAZEL, L. N.; BAKER, M. L.; REINMILLER, C. F. Genetic and environmental correlations between growth rates of pigs at different ages. **Journal Animal Science** v. 2, p. 118, 1943.

HAZEL, L. N.; DICKERSON G. E; FREEMAN, A. E. The selection index - then, now, and for the future. J. **Dairy science**. v.77. p. 3236-3251, 1994.

IDAHOSA, D. O.; ALIKA, J. E.; OMOREGIE, A. U. Genetic Variability, Heritability and Expected Genetic Advance as Indices for Yield and Yield Components Selection in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Academia Arena**, v. 2, n. 5, p. 22-26, 2010a.

IDAHOSA, D. O.; ALIKA, J. E.; OMOREGIE, A. U. Genotypic Variability for Agronomic and Yield Characters in Some Cowpeas (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Nature and Science**, v. 8, n. 3, p. 48-55, 2010b.

LA GIOIA, D.R. **As metodologias de índices de seleção aplicadas ao melhoramento de plantas forrageiras**. 2006. 142f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2006.

LIN, C. Y. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 52, p. 49-56, 1978.

LESSA L. S.; LEDO C. A. S.; SANTOS V. S.; SILVA S.; PEIXOTO C. P. Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. **Bragantia**, v. 69, p. 525-534, 2010.

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; ROCHA, M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, v.59, n.2, p.341-348, 2002.

MACHADO, C. F.; TEXEIRA, N. J. P.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; GOMES, R. L. F. Identificação de genótipos de feijão-caupi quanto à precocidade, arquitetura da planta e produtividade de grãos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 39, n. 01, p. 114-123, 2008.

MANGGOEL, W.; URUGU, M. I.; NDAM, O. N.; DASBAK, M. A. Genetic variability, correlation and path coefficient analysis of some yield components of ten cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] accessions. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**. v. 4, n. 5, p. 80-86, 2012.

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, R. R.; LOPES, A. C. A. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, v.39, n.2, p.348-354, 2009.

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F., FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; LOPES, A. C. A.; NUNES, J. A. R. Herança de caracteres relacionados à arquitetura da planta em feijão-caupi. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.44, n.4, p.599-604, 2014.

MAURO, A. O.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C. S. Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, p.667-672, 1995.

MORETI, D.; GONÇALVES, P. S.; GORGULHO, E. P.; MARTINS, A. L. M.; BORTOLETTO, N. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de caracteres juvenis em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, p.1099-1109, 1994.

MOURA, R. M. **Análise dialéctica e de famílias de feijão-caupi visando seleção para extraprecocidade**. 2013. 99f. Dissertação (Mestrado / Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, 2013.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, p. 40-51, 1978.

NEVES, L. G.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; VIANA, A. P.; BARELLI, M. A. A.; Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracurazeiro-amarelo. **Revista de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 33, n.4, p. 1322-1330, 2011.

NWOFIA, G. E.; OGBONNA, N. D.; AGBO, C. U. Variability and inter- relationships between yield and associated traits in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) as Influenced by plant populations. **World Journal of Agricultural Sciences**, v.8, n. 4, p. 396-402, 2012.

NWOFIA, G. E.; OGBONNA, N. D.; AGBO, C. U. Path analysis and heritability estimates of yield and yield components in vegetable cowpea as Influenced by planting season. **American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Science**, v. 13, n. 9, p.1283-1289, 2013.

NWOSU, D. J.; OLATUNBOSUN, B. D.; ADETILOYE, I. S. Genetic variability, heritability and genetic advance in cowpea genotypes in two agro-ecological

environments. **Greener Journal of Biological Sciences**. v. 3, n. 5, p. 202-207, 2013.

NYQUIST, W.E. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. **Critical Reviews in Plant Science**, v.10, p.235-322, 1991.

OLIVEIRA, D. G. **Seleção simultânea para produção, biofortificação e culinária em populações segregantes de feijão-caupi**. 2014. 71f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2014.

OMOIGUI, L. O.; ISHIYAKU, M. F.; KAMARA, A. Y.; ALABI, S. O.; MOHAMMED S.G. Genetic variability and heritability studies of some reproductive traits in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **African Journal of Biotechnology**, v. 5, n. 13, p. 1191-1195, 2006.

PAULA, R.C. de; PIRES, I.E.; BORGES, R. de C.G.; CRUZ, C.D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.159-165, 2002.

PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; PEIXOTO, C. P.; ROCHA, M. A. C.; CRUZ, E. M. O. Ganho por seleção direta e indireta em caupi considerando a interação GxE. **Revista da FZVA**. Uruguaiana, v.18, n. 1, p. 18-33. 2011.

PEARSON, E. S.; HARTLEY, H. O. **Biometrika tables for statisticians**. Cambridge: Um. Press., 1956.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5ª. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008. 617p.

PESEK, J., BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v.49, p.803-804, 1969.

PIERCE, B. A. **Genética: um enfoque conceitual**. 3ª. ed. Rio de Janeiro: Editora Guanabara Koogan, 2013. 774p.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15ª ed. Piracicaba: FEALQ, 2009, 451p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2ª. ed. Lavras: UFLA, 2012, 305p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1ª. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012a. 522p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**. 5ª. ed., Lavras: Ed. UFLA, 2012b. 565p.

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

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P. de; GUIMARÃES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.25, p.1595- 1604, 2000.

REGIS, J. A. V. B.; MOLINAS, V. S.; SANTOS A.; CORREA, A. M.; CECCON G. Estimativas de parâmetros genéticos em Genótipos de feijão-caupi de porte ereto e semiereto. **Revista Agrarian**, Dourados, v.7, n.23, p.11-19, 2014.

REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para a produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.34, n.3, p.685-692, 2004.

RESENDE, M. D. V. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias de populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 22/23, p. 61-77, 1991.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen – REML/BLUP**. Curitiba: Embrapa, 2002a. 67 p. (Documentos, 77).

RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E. B.; HIGA, A.R. Utilização de índices de seleção no melhoramento de eucalipto. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v.21, p.1-13, 1990.

RIBEIRO, N. D.; JOST, E.; POSSEBEN, S. B.; STORCK, L. Progresso genético em caracteres agrônômicos no melhoramento do feijoeiro. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, p. 629-633, 2003.

ROCHA, M. M.; CAMPELO, J. E. G.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V.Q.; LOPES, A. C. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural**, v. 8, n. 1, p. 135-141, 2003.

ROCHA, M. M; CARVALHO, K. J. M; FREIRE FILHO, F. R; LOPES, A. C. A; GOMES, R. L. F; SOUSA, I. S. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.3, p.270-275, 2009.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. **Pesquisa Agropecuária brasileira**, v. 37, p. 625-636, 2002.

SANTOS, A.; CECCON, G.; CORREA, A. M.; DURANTE, L. G. Y.; REGIS, J. A. V. B. Análise genética e de desempenho de genótipos de feijão-caupi cultivados na transição do cerrado-pantanal. **Cascavel**, v.5, n.4, p.87-102, 2012

SANTOS, A.; CECCON, G.; DAVIDE, L. M. C.; CORREA, A. M.; ALVES, V. B. Correlations and path analysis of yield components in cowpea. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, p. 82-87, 2014.

SANTOS, C. A.; ARAÚJO, F. P. Aplicação de índices para seleção de caracteres agrônômicos de feijão-de-corda. **Ciência Agrônômica**, v.32, p.78-84, 2001.

SANTOS, F. S.; JÚNIOR, A. T. A.; JÚNIOR, S. P. F; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. GONZAGA. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n.3, p.389-396, 2007.

SANTOS, P. F.; MALHADO, C. H. M. M.; CARNEIRO, P. L.S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVÊDO, D. M. M. R.; CUNHA, E. E.; SOUZA, J. C.; FERRAZ FILHO, P. B. Correlação genética, fenotípica e ambiental em características de crescimento de bovinos da raça nelore variedade Mocha. **Archives of Veterinary Science** v. 10, n. 2, p. 55-60, 2005

SHANKO, D.; ANDARGIE, M.; ZELLEKE, H. Genetic variability and heritability of yield and related characters in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Research in Plant Biology**, v. 4, n. 2, p. 21-26, 2014.

SHIMELIS, H.; SHIRIZGANI, R. Variance components and heritabilities of yield and agronomic traits among cowpea genotypes. **Euphytica**, v. 176, p. 383–389, 2010.

SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A. Componentes de produção e suas correlações em genótipos de feijão-caupi em cultivo de sequeiro e irrigado. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 3, p. 702-713, 2011.

SILVA, M. G. M.; VIANA, A.P. Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, SP, v. 34, n. 2, p. 525-531, jun. 2012.

SILVA, J. D. L. **Seleção simultânea para desenvolvimento de linhagens de feijão-caupi de porte ereto e do tipo fradinho**. 2014. 73f. Dissertação (Mestrado/Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2014.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, v. 13, p. 184-186, 1973.

TEÓFILO, E. M.; DUTRA, A. S.; PITOMBEIRA, J. B.; DIAS, F. T. C.; BARBOSA, F. de S. Potencial fisiológico de sementes de feijão-caupi produzidas em duas regiões do Estado do Ceará. **Revista Ciência Agronômica**, v. 39, n. 3, p. 443-448, 2008.

TEIXEIRA, N. J.P.; MACHADO, C. F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; GOMES, R. L. F. Produção, componentes de produção e suas interrelações em genótipos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] de porte ereto. **Revista Ceres**, v. 54, p.374-382, 2007.

VASCONCELOS, E. S. de.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.

VALADARES, R. N.; MOURA, M. C. C. L.; SILVA, A. F. A.; SILVA, L. S.; VASCONCELOS, M. C. C. A.; SILVA, R. G. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica em genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) de porte ereto/semi-ereto nas mesorregiões leste e sul maranhense. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 7, n. 2, p.21-27, 2010.

VAVILAPALLI, S.; CELINE, V. A.; DUGGI, S.; PADAKIPATIL, S.; MAGADUM, S. Genetic Variability and Heritability Studies in Bush Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Legume Genomics and Genetics**, v. 4, n. 4, p. 27-31, 2013.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A. R.; GARCIA, J. C.; TEXEIRA, N. M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 9., 1986, Belo Horizonte. **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa CNPMS, 1986. P. 300-307.

VIDYA, C.; OOMMEN, S. K.; KUMAR, V. Genetic variability and heritability of yield and related characters in yard-long bean. **Journal of Tropical Agriculture**, v. 40, p. 11-13, 2002.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v. 18, p. 375-393, 1962.

XAVIER, G.R.; MARTINS, L.M.V.; RUMJANEK, N.G.; FREIRE FILHO, F.R. Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, p.353-359, 2005.

YOKOMIZO, G.K.; FARIAS NETO, J.T. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de pupunheiras para palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Rio de Janeiro, v. 38, n.1, p. 67-72, 2003.