

Universidade Federal do Piauí

**Seleção de progênies de feijão-caupi com inflorescência composta
em geração precoce**

Karla Annielle da Silva Bernardo

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

Teresina

2015

Karla Annielle da Silva Bernardo
Licenciada em Ciências Biológicas

**Seleção de progênies de feijão-caupi com inflorescência composta
em geração precoce**

Orientador:
Dr. Francisco Rodrigues Freire Filho

Coorientador:
Dr. Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira

Coorientadora:
Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes

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

Teresina
2015

FICHA CATALOGRÁFICA

Serviço de Processamento Técnico da Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Comunitária Jornalista Carlos Castello Branco

B523s Bernardo, Karla Annielle da Silva.

Seleção de progênies de feijão-caupi com inflorescência composta em geração precoce / Karla Annielle da Silva Bernardo. – Teresina: 2015.

82 f.: il.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI, 2015.

Orientação: Prof. Dr. Francisco Rodrigues Freire Filho

Co-orientação: Prof. Dr. Paulo Fernando de M. Jorge Vieira

Co-orientação: Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes

1. *Vigna Unguiculata*. 2. Genética Quantitativa. 3. Melhoramento. I. Título.

CDD 635.659 2

**Seleção de progênies de feijão-caupi com inflorescência composta
em geração precoce**

**Karla Annielle da Silva Bernardo
Licenciada em Ciências Biológicas**

Aprovada em ____/____/____

Comissão julgadora:

Dra. Carlota Joaquina de Sousa Rosal Soares – SDR

Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes – CCA/UFPI

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

Dr. Francisco Rodrigues Freire Filho – Embrapa Amazônia Oriental
(Orientador)

A Deus

Senhor supremo.

Ofereço,

***Aos meus pais Francisco Bernardo Neto e Antônia Enilda da Silva Bernardo,
pelo amor, compreensão e apoio em todos os momentos da minha vida;***

Ao meu irmão Anielson da Silva Bernardo;

Ao meu amor Tobias Vieira Brito, pelo apoio;

***Ao meu Tio Hélio Simeão da Silva (in memoriam), pelos conselhos e aos
demais familiares e amigos, por sempre estarem comigo todo esse tempo e
acreditarem em mim.***

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por todos os momentos da minha vida e em especial, aqueles vivenciados durante o mestrado, pois com certeza os mesmos me fortaleceram e me fizeram compreender que os momentos difíceis existem para o amadurecimento;

À Universidade Federal do Piauí e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de realizar este curso;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa;

Ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelos recursos para a execução das pesquisas;

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

Aos bolsistas e estagiários da Embrapa Meio-Norte (caupi) pelo carinho e amizade, companheirismo e pela imensa ajuda nas longas tardes de sol no campo experimental, especialmente, Tayane Paula da Silva Santos, Caio Silva Medeiros, Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres, Akemi Suzuki Cruzio, Rosana Mendes de Moura;

Aos membros do CAUPI, em especial a: Antônio dos Reis França, Agripino Ferreira do Nascimento, Manoel Gonçalves da Silva e Paulo Sérgio Monteiro; às senhoras Francisca dos Santos Silva, Dona Maria das Graças Silva Costa e Dona Augustinha Rodrigues Santos e demais diaristas e empregados, por me acolherem e me auxiliarem;

Ao meu orientador Dr. Francisco Rodrigues Freire Filho por ser um exemplo de profissional pelo apoio, paciência e compreensão, que mesmo distante continuou a me acompanhar e me instruir nessa jornada;

Ao Dr. Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira pela orientação, paciência, amizade e apoio nessa jornada;

Ao Dr. Valdenir Queiroz Ribeiro pela calma e paciência com a qual me auxiliou na elaboração do esquema dos experimentos, na análise dos dados e elaboração das tabelas;

À Dra. Rosa Maria Cardoso Mota de Alcântara pelo seu apoio decisivo para a realização desse trabalho na Embrapa Meio-Norte.

À coorientadora Professora Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes e a professora Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes pela amizade, conselhos, incentivo e contribuição no trabalho;

À Dra. Maria do Socorro da Rocha Nogueira pelo apoio e amizade;

Aos meus pais, Antônia Enilda da Silva Bernardo e Francisco Bernardo Neto pelo apoio, amor, carinho incondicional e pela forma que me educaram;

Ao meu irmão Anielson da Silva Bernardo e a todos os demais familiares;

Ao meu amor, Tobias Vieira Brito pelo apoio, paciência, companheirismo e amor;

Aos amigos que conquistei no mestrado;

Aos meus amigos de longas datas;

A todos que de alguma forma se fizeram presentes nessa conquista.

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	10
LISTA DE TABELAS	11
1 INTRODUÇÃO	13
2 REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1 Origem, classificação botânica, introdução no Brasil.....	15
2.2 Genética do porte da planta.....	15
2.3 Melhoramento genético para a arquitetura da planta.....	17
2.4 Comprimento do pedúnculo.....	18
2.5 Inflorescência composta em algumas culturas leguminosas.....	20
2.6 Inflorescência composta em feijão-caupi.....	21
2.7 Teste em geração precoce.....	22
3 MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1 Local de execução do trabalho.....	25
3.2 Genitores utilizados, cruzamentos e gerações.....	25
3.2.1 Avaliação das progênies F _{2:3}	27
3.2.2 Avaliação das progênies F _{3:4}	30
3.2.3 Avaliação das progênies F _{4:5} e F _{4:6}	31
3.3 Análises estatístico-genéticas.....	31
3.3.1 Avaliação das progênies F _{2:3} e F _{3:4}	31
3.3.2 Avaliação das progênies F _{4:5} e F _{4:6}	32
3.3.3 Análise conjunta.....	33
3.3.4 Estimativas dos parâmetros genéticos a partir das análises individuais das progênies F _{4:5} e F _{4:6}	34
3.3.5 Estimativas dos parâmetros genéticos a partir da análise conjunta das famílias F _{4:5} e F _{4:6}	36
3.3.6 Herdabilidade realizada.....	37
3.3.7 Ganho realizado.....	37
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	39

4.1	Análise de variância do ensaio com progênes $F_{2:3}$	39
4.2	Análise de variância do ensaio com progênes $F_{3:4}$	40
4.3	Análise de variância individual dos ensaios com progênes $F_{4:5}$ e $F_{4:}$	42
4.4	Análise de variância conjunta dos ensaios com progênes $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$	44
4.5	Comparação de médias entre progênes na gerações $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$	46
4.6	Estimação dos parâmetros genéticos a partir da análise individual em progênes $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$	50
4.7	Estimação dos parâmetros genéticos a partir da análise conjunta das dos ensaios com progênes $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$	55
4.8	Herdabilidade e ganho com a seleção realizado com base na análise conjunta das progênes $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$	57
5	CONCLUSÕES	60
6	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	61
	ANEXOS	69

RESUMO

BERNARDO, K. A. S. **Seleção de progênies de feijão-caupi com inflorescência composta em geração precoce.** 82 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – UFPI, Teresina, 2015.

O aumento da produtividade é um dos maiores desafios do melhoramento do feijão-caupi. Uma alternativa promissora é melhorar os caracteres componentes da produtividade e da arquitetura da planta. Em outras leguminosas anuais, com maior potencial genético produtivo, as plantas têm inflorescência composta. No feijão-caupi, todas as cultivares possuem inflorescência simples. Entretanto, há acessos com inflorescência composta. Objetivou-se no presente trabalho, obter progênies de inflorescência composta, com pedúnculo curto, ciclo precoce e boa arquitetura de planta. A partir de 10 cruzamentos, foram obtidas 440 progênies $F_{2:3}$, avaliadas em um delineamento de blocos aumentados de Federer. Após seleção entre e dentro de progênies, obteve-se 432 progênies $F_{3:4}$, avaliadas novamente em delineamento aumentado. Destas, selecionaram-se 60 progênies às quais foram adicionadas quatro testemunhas, realizando-se, em sequência, dois experimentos em látice 8 x 8. A seleção precoce é eficiente para fixar os caracteres avaliados. Há uma ampla variabilidade genética entre progênies. Os ganhos genéticos estimados e realizados nas progênies $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$ indicam que é possível, por meio de seleção, obter progênies com inflorescência composta precoces, com pedúnculo curto, tão e até mais produtivas que as cultivares comerciais utilizadas como testemunhas.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, genética quantitativa, melhoramento.

ABSTRACT

BERNARDO, K. A. S. Selection, in early generation, of cowpea's progenies with compound inflorescence. 82 p. Dissertation (Master / Genetics and Breeding) - UFPI, Teresina, 2015.

One of the biggest challenges of the cowpea is increasing yield. A promising alternative to do it is to improve yield components traits and the plant architecture. In other annual leguminous, with a higher genetic yield potential, the plants has compound inflorescence. In cowpea, the cultivated material has simple inflorescence. However, there are accesses with compound inflorescence. The objective of the present work is to obtain progenies with compound inflorescence, short peduncle, early maturity and good plant architecture. From 10 crossings, were obtained 440 progenies $F_{2:3}$, which were evaluated in a Federer augmented blocks design. Was made selection among and within progenies, obtaining 432 progenies $F_{3:4}$, which were evaluated too in Federer augmented blocks design. From these 432 progenies, were selected 60 progenies and added four control cultivars, which were evaluated, in sequence, in two experiments in 8 x 8 lattice design. The early generation selection was efficient for fix the evaluated characters. There is a wide genetic variability among progenies. The estimated and realized genetic gains, in the progenies $F_{4:5}$ and $F_{4:6}$, indicate that it is possible, through selection, to obtain early maturing progenies, with short peduncle length and as and even more productive than commercial cultivars used as control.

Keywords: *Vigna unguiculata*, quantitative genetics, breeding

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Linhagens utilizadas como parentais.....	26
Tabela 2 - Cruzamentos utilizados no estudo.....	26
Tabela 3 - Características das cultivares utilizadas como testemunha nos ensaios .	28
Tabela 4 - Quadro da análise de variância de um ensaio em blocos aumentados de Federer.....	32
Tabela 5 - Esquema da análise de variância individual de um ensaio látice.....	33
Tabela 6 - Esquema da análise de variância conjunta da análise do látice utilizando as médias ajustadas dos tratamentos com recuperação da informação intrablocos e tendo como quadrado médio do resíduo a média dos resíduos das análises individuais	34
Tabela 7 - Resumo da análise de variância para o número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para o início da maturidade (NDIM) e para produção de grãos por parcela (PROD) avaliados em progênies $F_{2:3}$ de feijão-caupi. Teresina-PI, 2012.....	39
Tabela 8 - Resumo da análise de variância individual das progênies $F_{3:4}$ de feijão-caupi referentes aos caracteres número de dias para floração (NDIF), número de dias para maturidade (NDIM), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), produção de grãos secos por parcela (PROD). Teresina - PI, 2013.....	41
Tabela 9 - Resumo da análise de variância individual correspondentes a 60 progênies e quatro testemunhas para progênies $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$ referente aos caracteres número de dias para início da floração (NDIF), número de dias para o início da maturidade (NDIM), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), comprimento do pedúnculo (CPP), número de pedúnculos com vagem por planta (NPP), número médio de vagens por pedúnculo (NVPP), produção de grãos secos por parcela (PROD). Teresina, PI, 2013 e 2014.	43
Tabela 10 - Resumo da análise de variância conjunta ao nível de parcela correspondentes a 60 progênies e quatro testemunhas referente aos caracteres número de dias para início da floração (NDIF), número de dias para o início da maturidade (NDIM), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), comprimento do pedúnculo (CPP), número de pedúnculos com vagem por planta (NPP), número médio de vagens por pedúnculo	

(NVPP), produção de grãos secos por parcela (PROD). Teresina, PI, 2013 e 2014..	45
Tabela 11 - Estimativas da variância genética (V_g), variância fenotípica (V_p), coeficiente de herdabilidade (h^2), limite inferior e superior das estimativas de herdabilidade (LI; LS), diferencial de seleção (DS), ganho genético obtido por meio de seleção direta em progênes (GS_G), ganho com a seleção em relação à média geral (GS%), ganho com a seleção em relação à média da melhor testemunha (%GST) correspondente a 60 progênes $F_{4:5}$ de feijão-caupi. Teresina, PI, 2013.	52
Tabela 12 - Estimativas da variância genética (V_g), variância fenotípica (V_p), coeficiente de herdabilidade (h^2), limite inferior e superior das estimativas de herdabilidade (LI; LS), diferencial de Seleção (DS), ganho genético obtido por meio de seleção direta em progênes (GS_G), ganho com a seleção em relação à média geral (GS%), ganho com a seleção em relação à média da melhor testemunha (%GST) correspondente a 60 progênes $F_{4:6}$ de feijão-caupi. Teresina, PI, 2014	54
Tabela 13 - Estimativas da variância genética (V_g), variância fenotípica (V_p), coeficiente de herdabilidade (h^2), limite inferior e superior das estimativas de herdabilidade (LI; LS), diferencial de Seleção (DS), ganho genético obtido por meio de seleção direta em progênes (GS_G), ganho com seleção em relação à média geral (GS%), ganho com a seleção em relação à média da melhor testemunha (%GST) correspondente à análise conjunta de 60 progênes nas $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$ de feijão-caupi. Teresina, PI, 2013 e 2014.....	56
Tabela 14 - Herdabilidade e ganho com a seleção estimados versus realizados em progênes $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$ de feijão-caupi. Teresina, PI, 2013 e 2014.....	58

1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma leguminosa com ampla adaptabilidade, tolerante a climas quentes, cultivado em regiões tropicais, subtropicais e semi-áridas. Por se tratar de uma cultura com grande variabilidade genética e com elevado valor nutricional, possibilita seu uso em diversos arranjos produtivos. É de fundamental importância para a subsistência de milhões de pessoas como alimento, fonte de emprego e renda (FREIRE FILHO et al., 2011).

O cultivo do feijão-caupi é realizado em 45 países, ocupando uma área de 14,5 milhões de hectares, com produtividade média de 450 kg/ha (ABATE et al., 2012). Esta estimativa exclui o Brasil, que no período de 2005 a 2009 obteve uma produtividade média de 369 kg/ha e produção média anual de 513.619 toneladas, numa área de 1.391.386 hectares (FREIRE FILHO et al., 2011). Conforme Singh (2010), nas últimas décadas, a produção mundial da cultura aumentou seis vezes, comparada com a produção de outras leguminosas. Atualmente, em maior ou menor escala, seu cultivo é difundido por quase todo o País (FREIRE FILHO et al., 2012).

O aumento da produtividade é um dos maiores desafios do melhoramento de feijão-caupi. Além disso, os programas de melhoramento procuram incorporar simultaneamente resistência à pragas e doenças, tolerância à ambientes desfavoráveis e redução do ciclo da cultura. Uma das alternativas para aumentar a produtividade é a melhoria dos caracteres componentes da produtividade e da arquitetura de planta (FREIRE FILHO et al., 2005).

Em outras leguminosas anuais, que atualmente exibem maior potencial genético produtivo que o feijão-caupi, foi dada grande atenção à arquitetura da planta, como exemplo, tem-se o feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) (ACQUAAH; ADAMS; KELLY, 1991; ADAMS, 1982; COYNE, 1980; KELLY, 2001; PAREDES; HOSFIELD, 1989; TEIXEIRA; RAMALHO; ABREU, 1999); soja (*Glicine Max* (L.) Merrill) (CHAUDHARY; YADAVA; YADAV, 1980; HARTUNG; SPECHT; WILLIAMS, 1981) e o grão-de-bico (*Cicer arietinum* L.) (GAUR; GOUR, 2002). Praticamente todos os genótipos cultivados dessas espécies tem inflorescência composta, em forma de cacho.

No feijão-caupi, todas as cultivares, do Brasil, possuem inflorescência simples. Entretanto, há acessos com inflorescência composta, os quais têm sido estudados (ARAÚJO et al., 1981; FAWOLE; AFOLABE, 1983; SEN; BOWAL, 1961). Nos

programas de melhoramento ainda têm sido pouco explorados e apenas uma cultivar na Nigéria foi lançada com essa característica (FAWOLE; AFOLABE; RAJI, 1985).

A inflorescência composta em feijão-caupi é condicionada pela herança monogênica recessiva (ARAÚJO et al., 1981; FAWOLE; AFOLABE, 1983; MACHADO et al., 2007), sendo, portanto mais simples de fixar o caráter mesmo quando a população apresenta segregação. Esta herança contribui para a prática do teste em geração precoce, especialmente a seleção de plantas na geração F₂. Com isso, pode-se antecipar a abertura de linhas, e a eliminação de plantas, linhas, ou populações que não tenham mérito para continuar o processo de endogamia e seleção (FEHR; FEHR; JESSEN, 1987).

O presente trabalho teve como objetivo obter progênies de inflorescência composta, com pedúnculo curto, ciclo precoce e boa arquitetura de planta, que possam ser usadas em programas de melhoramento, para a futura obtenção de cultivares comerciais com essas características.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Origem, classificação botânica e introdução do Feijão-caupi no Brasil

Padulosi; Ng (1997), assinalam que, provavelmente, a região de Transval, na República da África do Sul, seja a região de especiação de *Vigna unguiculata* (L.) Walp. É uma espécie *Dicotyledonea*, pertencente à ordem *Fabales*, família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae*, tribo *Phaseoleae*, subtribo *Phaseolinae*. A classificação atual para gênero e espécie é a seguinte: gênero *Vigna*, subgênero *Vigna*, secção *Catyang*, espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp. e subespécie *unguiculata* Verdc. (MARÉCHAL; MASCHERPA; STAINIER, 1978; PADULOSI; NG, 1997; VERDCOURT, 1970).

Feijão-caupi tem a Nigéria como o centro primário de diversidade (NG; MARÉCHAL, 1985; STEELE; MEHRA, 1980). Encontra-se amplamente difundido e cultivado em diversas regiões do mundo. De acordo com Freire Filho (1988b), a introdução do feijão-caupi no Brasil deu-se na segunda metade do século XVI, pelos colonizadores portugueses no estado da Bahia e posteriormente disseminado para todo o País. Embora seu cultivo tenha se difundido para praticamente todas as regiões do país, as principais regiões produtoras são a Norte e a Nordeste e atualmente está expandindo-se para as regiões Centro-oeste e Sudeste, principalmente para o estado de Mato Grosso (FREIRE FILHO et al., 2012).

Na região Centro-Oeste, a produção advém principalmente de grandes e médios empresários, que praticam um cultivo altamente tecnificado, contrastando com as regiões Norte e Nordeste, onde a produção é feita principalmente por agricultores familiares, que ainda efetuam algumas práticas manualmente, tais como plantio e colheita, e em menor frequência por produtores empresariais (FREIRE FILHO et al., 2012).

2.2 Genética do porte da planta

Na cultura do feijão-caupi, verifica-se que, independentemente do hábito de crescimento determinado ou indeterminado, ocorrem os seguintes tipos de porte, cada um apresentando pequenas variações, em função da arquitetura da planta (FREIRE FILHO et al., 2005):

Tipo 1 – Ereto: ramos principais e secundários curtos, ramo principal ereto, com os ramos secundários formando um ângulo que pode variar de reto a agudo com o ramo

principal; contudo, a partir do terço médio, os ramos secundários tornam-se paralelos ao ramo principal. Este tipo de porte facilita a colheita mecanizada.

Tipo 2 – Semi-ereto: ramos principais e secundários de tamanho curto a médio, ramo principal ereto com os ramos secundários formando um ângulo reto com o ramo principal, geralmente sem tocar o solo.

Tipo 3 – Semi-prostrado: ramos principais e secundários de tamanho médio, ramo principal ereto com os ramos secundários inferiores tocando o solo; a partir de seu terço médio, os ramos apresentam tendências de se apoiar em suportes verticais.

Tipo 4 – Prostrado: ramos principais e secundários longos, ramo principal curvado com os ramos secundários inferiores tocando o solo em quase toda a sua extensão e apresentando pouca tendência de se apoiar em suportes verticais.

Brittingham (1950), refere-se ao hábito de crescimento enramador (semi-prostrado e prostrado) como sendo dominante sobre o hábito arbustivo (ereto e semi-ereto), controlado por um gene segregando na proporção de 3:1. Entretanto, Singh e Jindla (1971), mencionam que, pelo menos três pares de genes denominados de Vi-1, Vi-2 e Vi-3 controlam o porte da planta em feijão-caupi. Sugerem que Vi-1 e Vi-2 são complementares e que Vi-3 tem ação independente, expressando-se quando Vi-1 e Vi-2 estão em homozigose recessiva. Informam ainda que os genótipos Vi-1--Vi-2--Vi-3-, Vi-1--Vi-2--vi-3--vi-3, vi-1vi-1vi-2vi-2Vi-3--, produzem plantas enramadoras.

Na planta do feijão-caupi com hábito de crescimento determinado, o caule produz um número limitado de nós, cessando o crescimento quando emite a inflorescência terminal. E, no crescimento indeterminado, o caule não cessa o crescimento. Os ramos continuam crescendo e emitindo novas folhas e novas gemas florais, sendo este tipo, predominantemente, o mais cultivado no Brasil (ARAÚJO et al., 1981; MACHADO et al., 2007).

As cultivares de feijão-caupi para o futuro, poderiam combinar altas produtividades com porte ereto, crescimento determinado, ciclo de maturidade precoce, médios a longos pedúnculos, mantendo as vagens acima do dorsel foliar (SINGH; SHARMA, 1996). Esse relato, com exceção de pedúnculos longos, corresponde à tendência que se observa atualmente (BARROS et al., 2011; MACHADO, 2008).

Kahn; Stoffella (1989) realizaram avaliações de variabilidade para vários caracteres que compõem a arquitetura de planta em feijão-caupi, e sugeriram que o ideotipo proposto por Adams (1982) para o feijão-comum, com 12 a 15 nós no ramo

principal e três a cinco ramos basais, pode ser adequado também para o porte da planta no feijão-caupi.

A relação da influência do porte da planta sobre a resposta do feijão-caupi ao adensamento populacional, em consequência do aumento da população de plantas por hectare pode ser maior nos genótipos de porte enramador, do que nos de porte ereto (BARROS et al., 2011; RIBEIRO, 2012).

2.3 Melhoramento genético para a arquitetura da planta

O melhoramento do feijão-caupi no Brasil começou na segunda metade do século XVI, com as primeiras introduções de germoplasma. O primeiro registro das pesquisas referente à cultura data de 1903, quando Gustavo R. P. D'Utra, em São Paulo, publicou o trabalho “Os feijões de macassar” (D' UTRA, G. Os feijões de macassar. Bol. Agr. v.4, p. 153-151,1903), citado por Magalhães (1988). Em 1925, Lôbe publicou um trabalho referente à avaliação de 12 cultivares (LOBBE, 1925). Até 2010, foram lançadas 71 cultivares com inflorescência simples (FREIRE FILHO et al., 2011).

Um dos objetivos dos melhoristas e pesquisadores para a cultura do feijão-caupi é a obtenção de linhagens modernas, que melhor se adaptem às atuais formas de cultivo e demanda de consumo. Dentre as mudanças visadas para esta adaptação, se destaca a necessidade do desenvolvimento de uma arquitetura da planta moderna, com a obtenção de plantas mais eretas, de porte mais compacto, com ramos mais curtos e resistentes ao acamamento (FREIRE FILHO et al., 2005).

Ross (1981) conceitua a arquitetura de planta como “conjunto de características que delineiam a forma, o tamanho, a geometria e a estrutura externa da planta”. E, Huyghe (1998) destaca que, a arquitetura pode ser modificada pela genética e pelo melhoramento e que este, pode modificar a estrutura de cada planta. Com base no conceito de Ross (1981), a arquitetura da planta no feijão-caupi é o resultado da interação do hábito de crescimento e do tipo de porte. Este, por sua vez, resulta da interação dos caracteres comprimento do hipocótilo, do epicótilo, dos entrenós dos ramos principal e secundários, do pedúnculo e das vagens, da disposição dos ramos laterais em relação ao ramo principal, em relação à copa da planta, tipo de inflorescência e disposição das vagens na inflorescência (FREIRE FILHO et al., 2005). Portanto, fica evidente que em feijão-caupi, uma boa arquitetura de planta resulta de uma combinação equilibrada de todos esses caracteres.

Os caracteres componentes da arquitetura da planta, também têm sido estudados quantitativamente e têm apresentado uma grande variação na herdabilidade no sentido amplo (KORNEGAY; WHITE; CRUZ, 1992). Estes autores obtiveram herdabilidades baixas e médias para altura de planta (0,17 a 0,55) e número de nós no ramo principal (0,17 a 0,60).

Para alguns dos melhoristas que pesquisam a cultura e o desenvolvimento de cultivares com arquitetura moderna, o ideótipo do feijão-caupi seria próximo ao das cultivares modernas de soja (SANTOS et al., 2007).

Matos Filho et al. (2009) comprovam que genótipos eretos, com crescimento determinado, e menor comprimento do ramo principal têm a maturidade mais uniforme, o que possibilita a realização de apenas uma colheita, e com maior rendimento por área. Destacaram ainda, a importância de considerar o comprimento e o número de nós do ramo principal como critérios de seleção, pois os mesmos interferem na arquitetura da planta, podendo proporcionar uma maior produção de grão por planta, vislumbrando um aumento de produtividade, fator essencial em programa de melhoramento genético.

2.4 Comprimento do pedúnculo

O melhoramento, desde seu início, foi voltado principalmente, para seleção em relação a produtividade de grãos, qualidade de grão e arquitetura da planta (FREIRE FILHO et al., 2014). A arquitetura da planta em feijão-caupi é formada pelos caracteres: hábito de crescimento e comprimento do hipocótilo, dos entrenós, dos ramos principais e secundários e do pedúnculo. O melhoramento do caráter comprimento do pedúnculo pode propiciar o desenvolvimento de genótipos com menor acamamento, que permitem a colheita mecânica ou facilitem na colheita manual (ROCHA et al., 2009).

O grupo de ligação III, em feijão-caupi, contém locos gênicos relacionados ao controle do tipo de pedúnculo (simples ou ramificado), porte da planta (ereto e semiereto) e hábito de crescimento (determinado e indeterminado) (GITHIRI; KIMANI; PATHAK, 1996). Enquanto que, genes ou blocos gênicos são os responsáveis pelo controle do pedúnculo ramificado no grupo de ligação II (KEHINDE; MYERS; FAWOLE, 1997). O número de genes que controlam o comprimento do pedúnculo em feijão-caupi é igual a cinco, segundo Rocha et al. (2009). Tal estimativa é um indicador

da natureza poligênica do caráter e fornece subsídios para o estabelecimento de uma estratégia de seleção.

Matos Filho (2006), em estudo sobre a herança dos caracteres comprimento do pedúnculo e número de nós no ramo principal, obteve dados que mostraram que a variância devido aos efeitos de dominância era superior à aditiva em ambos os caracteres. Por outro lado, Rocha et al. (2009), em outro estudo, detectaram alta proporção da variância aditiva e relatam que a existência de poucos genes condicionando esses caracteres e, desse modo, a baixa influência de efeitos ambientais sobre os mesmos indicam a possibilidade de sucesso no melhoramento com vistas à obtenção de genótipos com pedúnculos curtos e maior número nós no ramo principal.

Estudos sobre avaliações de correlação e variabilidade do comprimento do pedúnculo como os de Lal et al. (2007); Lopes et al. (2001); Singh et al. (2003), mostraram que existe grande variabilidade para o caráter, com variações de 19 a 50 cm. Lopes et al. (2001), sugerem que o comprimento do pedúnculo apresenta correlação positiva com o número de grãos por vagem, e negativa com o número de vagens por planta e peso de 100 grãos. Sousa (2008) relatou em sua pesquisa, que a produtividade de grãos é afetada tanto pelo número, como também pelo comprimento de pedúnculos, número de ramificações por planta e número de vagens por pedúnculo.

A herdabilidade alta associada a herança relativamente simples, favorece a prática da seleção e ganhos satisfatórios para a seleção do caráter comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. O valor positivo para a estimativa indica que a dominância ocorre em direção à manifestação fenotípica de maior grandeza do caráter, ou seja, pedúnculos longos foram parcialmente dominantes sobre pedúnculos curtos (ROCHA et al., 2009).

Enquanto, outros estudos evidenciam que o comprimento do pedúnculo é um dos caracteres que influenciam diretamente a arquitetura da planta de feijão-caupi (ROCHA et al., 2009). Em que, genótipos de porte prostrado apresentam pedúnculos mais compridos, comparados aos genótipos de porte ereto e semi-ereto. Sendo assim, os genótipos de porte ereto e semi-ereto por apresentarem pedúnculos mais curtos, são mais propícios para o ideótipo de arquitetura moderna visado pelo melhoramento da cultura (ROCHA et al., 2009).

Os sistemas agrícolas atuais exigem cultivares com arquitetura moderna, produtiva, com porte ereto e pedúnculos curtos, objetivando diminuir o acamamento da cultura e possibilitar que todas as operações do processo de cultivo sejam realizadas mecanicamente (BARROS et al., 2011).

2.5 Inflorescência composta em algumas culturas leguminosas

Estudos indicam que a característica inflorescência composta proporciona um aumento nos níveis de produtividade de grãos de algumas espécies, devido à associação com o aumento do número de flores e frutos produzidos (GAUR; GOUR, 2002).

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) pertencente à família *Fabaceae*, é uma planta anual, herbácea e autógama, com flores perfeitas e órgãos masculinos e femininos protegidos dentro da corola. Sua inflorescência é composta, produz flores em cacho, em pedúnculos relativamente finos e pequenos que estão associados ao racemo (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 1999). A planta pode emitir até 800 flores, com taxa de fertilização em torno de 13% a 57%, conforme o genótipo e condições ambientais. O fruto é do tipo vagem, podendo, por inflorescência, produzir de 2 a 20 vagens e chegar a 400 vagens por planta, o número de grãos pode variar de 1 a 5 por vagem (SEDIYAMA, 2013).

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) tem inflorescência composta e produz flores normalmente em cachos, porém existem dois tipos de inflorescência, com as flores isoladas ou em cachos, com duas a seis flores. Nas cultivares brasileiras, esses cachos tem de duas a seis flores, são compostos por um pedúnculo, ou pequena haste, que sustenta os botões florais, formando a inflorescência (SANTOS; GAVILANES, 2006). Contudo, Guilherme (2014), relata que, em linhagens exóticas, a inflorescência é formada por um ou poucos cachos, situados na extremidade da planta, com um grande número de flores em cada cacho. O número de vagens por planta é um dos componentes primários da produtividade de grãos e depende do número de flores produzidas e do vingamento floral. Assim, para se aumentar a produtividade, uma das alternativas é ter maior número de flores por planta.

O grão de bico (*Cicer arietinum* L.) possui plantas com inflorescência simples e plantas com inflorescência composta. As que têm inflorescência composta produzem mais que duas flores no eixo floral, podendo chegar até nove flores em um único

pedúnculo, enquanto que, as de inflorescência simples, em cada eixo do pedúnculo, produzem entre uma e duas flores (GAUR; GOUR, 2002). Estudos mostram que a característica inflorescência composta possibilita um incremento produtivo de 6 a 18% (KUMAR; SINGH; JOSHI, 2000).

A ervilha é uma das plantas de domesticação mais antiga que se tem conhecimento, pertencente à família *Fabaceae* (leguminosae). Trata-se de uma trepadeira com flores gâmicas, hermafroditas, de caracteres bem distintos, de ciclo curto e de fácil cultivo (SUSSMILCH, 2014). As inflorescências podem apresentar uma única flor ou serem multifloras. A característica de inflorescência composta apresenta uma ramificação extra de inflorescência chamada de secundária. A formação de inflorescências secundárias sugere uma funcionalidade genética no desenvolvimento da espécie maiores (BERBEL et al., 2012). A arquitetura da inflorescência composta desta espécie também é importante porque condiciona uma maior produção de flores e frutos e, portanto, o maior rendimento da cultura. Historicamente, a ervilha é uma das plantas que tem sido um modelo popular de legume para estudos de floração, muitas vezes em estudos relacionados à caracterização de mutantes de floração e de inflorescência (BERBEL et al., 2012).

2.6 Inflorescência composta em feijão-caupi

A inflorescência da cultura do feijão-caupi é formada a partir de um eixo central, que consiste de um racemo modificado (o pedicelo da flor se insere em diversos níveis no eixo comum), constituído de seis a oito pares de gemas florais; podendo ser simples, apresentando apenas uma inflorescência, ou composta, com mais de uma inflorescência (ROCHA et. al., 2009).

Ao descrever a inflorescência presente na cultivar Poona, na Índia, Sen; Bowal (1961) citam que um cacho de flores se desenvolve na axila de uma folha, de onde brotam três ramos, um central e dois laterais. O central floresce primeiro, em seguida os ramos secundários se desenvolvem produzindo ramos terciários e esses produzem quaternários, propuseram o gene recessivo *Ci* (*composite inflorescence*), em homozigose recessiva, responsável por condicionar esse caráter em feijão-caupi.

Fawole; Afolabe (1983), na Nigéria, encontraram uma planta com inflorescência composta na cultivar *Ife Brown*. Propuseram o gene recessivo *Bp* (*branched peduncle*), em homozigose recessiva, controlando a formação desta inflorescência, a qual pode produzir até 10 vagens. Esses autores revelam ainda que, os botões florais

são arranjados em pares alternados, ao longo do pedúnculo e na extremidade, e que esses pedúnculos se desenvolvem a partir de uma estípula trifoliolada. A primeira cultivar melhorada com inflorescência composta foi denominada *Ife branched peduncle cowpea* ou Ife BPC, localmente conhecida como *Ife bimpe* (FAWOLE; AFOLABE; RAJI, 1985). Vale mencionar que foi a única citação encontrada na literatura de uma cultivar melhorada com inflorescência composta.

No Brasil, segundo dados contidos no livro de registro de germoplasma de feijão-caupi do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará (LIVRO..., 1963), em 1974, foi coletada, no estado do Ceará, a cultivar Cacheado que recebeu o código de CE-28. Material semelhante, com mesmo nome, também foi coletado no Piauí, no Município de São Miguel do Tapuio, por Antônio Gomes de Araújo, em 1978 (FREIRE FILHO et al., 2005). Essa inflorescência foi descrita por Araújo et al. (1981), em que, o pedúnculo floral, a certa altura, produz uma folha lanceolada axilar pequena, diferente das demais folhas e na axila dessa folha bifurca-se produzindo uma ramificação lateral, ambos os ramos produzem flores e frutos. Machado et al. (2007) estudaram a herança da inflorescência composta, na cultivar Caheado, de feijão-caupi e constaram que o caráter também tem herança monogênica e é condicionado por um gene recessivo em homozigose.

Constata-se, com base nas descrições morfológicas do caráter, apresentadas por diferentes autores, em diferentes países e diferentes continentes, que as mesmas são muito semelhantes. Desse modo, possivelmente trata-se da expressão de um mesmo gene, em diferentes backgrounds genéticos.

Os resultados de Sousa (2008), ao estudar a variação nos caracteres relacionados à produtividade e ao pedúnculo, entre progênies com inflorescência simples e composta em dois cruzamentos, mostraram que o efeito genético aditivo é o de maior relevância no controle da maioria dos caracteres estudados. Assim, como a variância aditiva foi o componente mais importante para todos os caracteres em ambos os cruzamentos. Observou também que, o número de vagens por planta e a produção por planta, embora não diferindo significativamente, geralmente foram maiores na classe com inflorescência composta. As herdabilidades estimadas foram de baixa ou de média magnitude. Foi um resultado importante porque evidenciou a possibilidade de se obter ganhos de produtividade por meio de seleção em populações segregantes.

2.7 Teste em geração precoce

O teste em geração precoce pode ser usado em espécies autógamas e alógamas, para estimar o potencial de uma planta, linha ou população, nos estágios iniciais de endogamia. O objetivo é eliminar plantas, linhas ou populações que não tenham mérito para continuar o processo de endogamia e seleção (FEHR; FEHR; JESSEN, 1987).

Em espécies autógamas, o teste em geração precoce corresponde à avaliação de famílias ou progênies derivadas de plantas F_2 nas gerações $F_{2:3}$ ou $F_{2:4}$ ou derivadas de plantas F_3 nas gerações progênies $F_{3:4}$ ou $F_{3:5}$, em experimentos com repetições. A partir do desempenho das progênies nesses experimentos em relação ao caráter ou caracteres sob seleção, as progênies com baixo desempenho são descartadas (BERNARDO, 2003; FEHR; FEHR; JESSEN, 1987).

St. Martin; Geraldi (2002), avaliaram três alternativas para a aplicação da seleção precoce em soja, e recomendam o teste em famílias derivadas de F_2 e que seleção em linhas derivadas de F_3 só é recomendada se não houver gasto adicional de tempo. Do ponto de vista genético, a seleção em geração precoce é eficiente, mas pode tornar-se ineficiente se os efeitos não genéticos forem grandes. Desse modo, fica evidente que em testes de geração precoce, deve-se ter o máximo de eficiência possível no controle ambiental (BERNARDO, 2003).

Avaliando a eficiência do teste em geração precoce, em feijão-caupi, Ntare et al. (1984a) obtiveram correlações positivas e significativas entre plantas F_3 e as gerações mais avançadas. Os resultados do estudo indicaram que o teste em geração precoce para produtividade em F_3 , pode ser eficiente em feijão-caupi. Mas, quando os recursos forem limitados em tempo e gastos para o uso do teste de geração precoce, esses autores, sugere adotar como método o *single seed descent*.

Ntare et al. (1984b) compararam quatro métodos de seleção para obtenção de plantas $F_{2:3}$, com um tratamento controle sem seleção, e constataram que a seleção de plantas individuais em F_2 , com o teste baseada na avaliação de progênies $F_{2:3}$ foi o mais eficiente do que a seleção em *bulk*, com correlações positivas e significativas com as gerações mais avançadas. Ressaltam também que esse resultado indica uma relativa superioridade da seleção pelo *pedigree* sobre a seleção em *bulk*.

Padi; Ehlers (2008) obtiveram resultados nos quais a seleção em geração precoce não foi eficiente para produtividade, sendo eficiente somente para caracteres de alta herdabilidades, como número de dias para o florescimento e tamanho de grão.

Por outro lado, Aremu (2011), constatou efetividade da seleção em gerações precoces para caracteres componentes de produtividade e para a produtividade em populações segregantes obtidas de dois cruzamentos de feijão-caupi.

Os resultados obtidos nos trabalhos citados indicam que a seleção em geração precoce não é eficiente em todas as situações e com base na afirmação de Bernardo (2003), fica evidente que ao se usar essa metodologia, deve-se buscar ter o máximo de eficiência no controle ambiental.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local de execução do trabalho

Os trabalhos foram realizados no campo experimental da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Meio-Norte, localizada em Teresina – PI, em uma altitude de 72 m, latitude 05° 5' (S) e longitude: 42° 8' (W). Os dados apresentados são provenientes de quatro ensaios, realizados desde a geração F₂ até a geração F_{4:6}.

3.2 Genitores utilizados, cruzamentos e gerações

O acesso cacheado-roxo é tardio, com pedúnculos longos e com inflorescência composta, advindo do cruzamento natural da cultivar Cacheado descrita por Araújo et. al. (1981), com a cultivar BRS-Guariba. A linhagem com inflorescência simples utilizada como parental, a AU94-MOB-816, originária da Universidade Auburn, Alabama, tem porte ereto e ciclo extra-precoce. Esses parentais constituíram então, o primeiro ciclo de cruzamentos e deram origem às primeiras linhagens com inflorescência composta (Tabela 1).

Os cruzamentos utilizados para obtenção das populações segregantes e seleção das progênies para o presente trabalho, correspondem ao segundo ciclo de cruzamentos, envolvendo como parentais, as linhagens com inflorescência composta advindas do primeiro ciclo e linhagens com inflorescência simples, com características promissoras para o melhoramento, como ciclo precoce, arquitetura de planta ereta, comprimento de pedúnculo curto e boa produtividade. Foram realizados 10 cruzamentos, a relação dos mesmos está apresentada na Tabela 2.

Os cruzamentos e o cultivo da geração F₁ foram realizados em condições de telado. A geração F₂ foi cultivada em campo, e composta por 900 plantas por cruzamento. Nessa geração coletou-se plantas individuais que apresentavam inflorescência composta e algumas plantas de inflorescência simples para serem utilizadas como referência nos ensaios de avaliação. Cada planta individual selecionada em F₂ constituiu uma progênie em F_{2:3}.

Tabela 1- Linhagens utilizadas como parentais

Linhagem	Parentais
Inflorescência composta	
MNC06-882-2-2C-10-2-8-1-1-1	(Cacheado-roxo x AU94-MOB-816) x AU94-MOB-816
MNC06-882-2-2C-10-2-3-1-1-1	(Cacheado-roxo x AU94-MOB-816) x AU94-MOB-816
MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-2	(Cacheado-roxo x AU94-MOB-816) x AU94-MOB-816
MNC06-882-2-2C-10-2-8-1-1	(Cacheado-roxo x AU94-MOB-816) x AU94-MOB-816
MNC06-882-2-2C-10-2-8-1-1-1	(Cacheado-roxo x AU94-MOB-816) x AU94-MOB-816
MNC06-882-2-2C-10-2-3-1-1-1	(Cacheado-roxo x AU94-MOB-816) x AU94-MOB-816
MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-1	(Cacheado-roxo x AU94-MOB-816) x AU94-MOB-816
Inflorescência simples	
MNC97-309G-9	CNC x 405-24F x CNC x 698-128G
F ₄ RC ₁ [(BRS Novaera x TE97-309G-9) x BRS Novaera]	

Tabela 2- Cruzamentos utilizados no estudo

Código do cruzamento	Parentais
MNC11-1074 MNC06-882-2-2C-10-2-8-1-1-1	x F ₄ RC ₁ [(BRS Novaera x TE97-309G-9) x BRS Novaera]
MNC11-1075 MNC06-882-2-2C-10-2-3-1-1-1	x F ₄ RC ₁ [(BRS Novaera x TE97-309G-9) x BRS Novaera]
MNC11-1076 F ₄ RC ₁ [(BRS Novaera x TE97-309G-9) x BRS Novaera]	x MNC06-882-2-2C-10-2-3-1-1-1
MNC11-1077 F ₄ RC ₁ [(BRS Novaera x TE97-309G-9) x BRS Novaera]	x MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-1
MNC11-1078 MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-2	x F ₄ RC ₁ [(BRS Novaera x TE97-309G-9) x BRS Novaera]
MNC11-1079 F ₄ RC ₁ [(BRS Novaera x TE97-309G-9) x BRS Novaera]	x MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-2
MNC11-1080 MNC06-882-2-2C-10-2-8-1-1	x MNC309G-9
MNC11-1081 MNC06-882-2-2C-10-2-8-1-1-1	x MNC309G-9
MNC11-1082 MNC06-882-2-2C-10-2-3-1-1-1	x MNC309G-9
MNC11-1083 MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-1	x MNC309G-9

A relação e algumas características das testemunhas são apresentadas na Tabela 3. O esquema para a obtenção das progênies e dos ensaios realizados está apresentado na Figura 1. No Anexo I estão o número de plantas selecionadas por cruzamento, número de identificação que essas plantas receberam em F_2 e o número de progênies selecionadas nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{3:4}$. No anexo II estão relacionados os números que uma mesma progênie recebeu desde a seleção na geração F_2 até a geração $F_{4:6}$.

3.2.1 Avaliação das progênies $F_{2:3}$

Considerando todos os cruzamentos, foram selecionadas 453 plantas F_2 , que resultaram em 453 progênies $F_{2:3}$ com inflorescência composta, que após seleção visual foram reduzidas para 414. A essas 414 progênies, acrescentaram-se 26 progênies com inflorescência simples, para constituir o ensaio, que foi realizado em delineamento de blocos aumentados de Federer (1956), sendo então, constituído de 440 tratamentos regulares, e dois tratamentos comuns, as cultivares BRS Guariba e BRS Cauamé.

As progênies de inflorescência simples nesse ensaio foram semeadas para servir como referência. O ensaio constou de 10 blocos, cada bloco reuniu 44 tratamentos regulares e dois comuns, resultando num total de 460 parcelas. Cada parcela foi representada por uma fileira de 2,0 m, com o espaçamento de 0,80 m entre fileiras e de 0,20 m entre plantas dentro da fileira, cultivando-se três a quatro sementes por cova. Após o desbaste foi deixada uma planta por cova.

Tabela 3- Características das cultivares utilizadas como testemunha nos ensaios

Características	BRS-Tumucumaque	BRS-Guariba	BRS-Cauame	BRS-Novaera	Bico de ouro
Porte	Semi-ereto	Semi-ereto	Semi-ereto	Semi-ereto	Ereto
Comprimento da vagem média (cm)	21,0	17,8	17,2	15,0	20,2
Número de grãos por vagem	15	12	12	10	12,6
Peso de 100 grãos (g)	19,5	19,5	17,0	20,0	18,24
Número de dias para floração (dia)	37	41	38	41	40
Ciclo (dia)	65-70	65-70	65-70	65-70	65-70
Cor do grão	Branco	Branco	Branco	Branco	Marrom

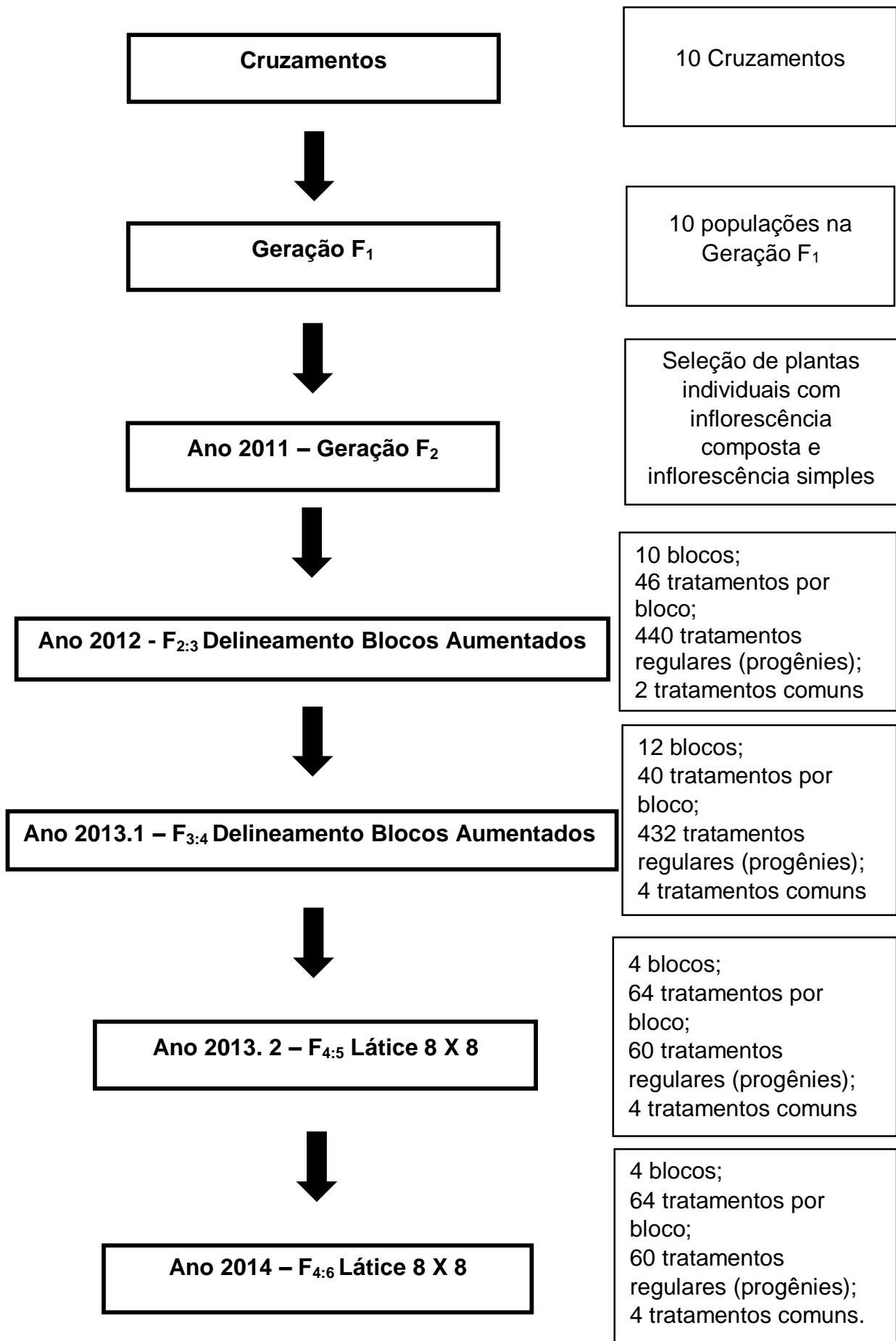


Figura 1 – Esquema de obtenção, avaliação e seleção de progênies de feijão-caupi com inflorescência composta

Destas progênies $F_{2:3}$, após o descarte de progênies com pouca quantidade de sementes, apenas 343 progênies foram incluídas na análise de variância, a qual foi realizada segundo a metodologia de Zimmermann (2014). Selecionaram-se 153 progênies e após a seleção dentro dessas progênies foram obtidas 432 plantas individuais. Essas constituíram 432 novas progênies $F_{3:4}$, todas com inflorescência composta.

Os caracteres analisados foram o número de dias para o início da floração (NDIF), que consiste no número de dias da semeadura ao surgimento da primeira flor aberta na parcela; número de dias para o início da maturidade (NDIM), número de dias decorridos entre a semeadura até o surgimento da primeira vagem na parcela, com mudança de cor, indicando o início da secagem; e a produção de grãos secos por parcela (PROD), obtida após colheita de todas as plantas da parcela.

3.2.2 Avaliação das progênies $F_{3:4}$

As 432 progênies foram avaliadas em um segundo ensaio, também no delineamento de blocos aumentados de Federer (1956), constituindo os tratamentos regulares, e quatro tratamentos comuns, as cultivares BRS Guariba, BRS Cauamé, BRS Novaera e BRS Tumucumaque. Esse ensaio conteve 12 blocos, cada bloco com 36 progênies e quatro testemunhas, portanto com 480 parcelas. Cada parcela foi representada por uma fileira de 2,0 m, com o espaçamento de 0,80 m entre fileiras e de 0,20 m entre plantas dentro da fileira, cultivando-se uma planta por cova.

Destas progênies $F_{3:4}$, devido a eliminações e perdas, apenas 332 foram incluídas na análise de variância, a qual foi realizada segundo a metodologia apresentado por Zimmermann (2014).

Os caracteres analisados foram o número de dias para início da floração (NDIF), número de dias para o início da maturidade (NDIM), comprimento de uma vagem escolhida aleatoriamente de cada planta (CPV), número de grãos de uma vagem, tomada aleatoriamente de cada planta (NGV), peso de 100 grãos, amostra de 100 grãos da produção da parcela (P100G) e produção de grãos secos por parcela (PROD).

3.2.3 Avaliação das progênies F_{4:5} e F_{4:6}

No ensaio anterior com progênies F_{3:4}, foram selecionadas 60 progênies de inflorescência composta, com base na arquitetura de planta ereta, precocidade para o início da floração e para a maturidade, comprimento de pedúnculo curto a mediano, número de vagens por pedúnculo e produtividade.

Nos dois experimentos seguintes, foi utilizado o delineamento látice 8 x 8, com quatro repetições. Os tratamentos foram compostos de 60 progênies nas gerações F_{4:5} e F_{4:6}, acrescidos de quatro testemunhas, tratamentos comuns: BRS Guariba, BRS Novaera, BRS Cauamé e a cultivar crioula Bico de Ouro. As parcelas corresponderam a uma fileira de 3,0 m de comprimento, espaçadas de 0,80 m entre fileiras e de 0,15 m entre plantas dentro da fileira, cultivando-se uma planta por cova, após o desbaste. Portanto, cada parcela tinha 20 plantas.

A avaliação dos caracteres foi realizada em plantas individuais, etiquetadas ao acaso, exceção feita aos caracteres peso de 100 grãos e produção, que foram avaliados a partir de toda a parcela. Desse modo, os caracteres avaliados nos experimentos com progênies F_{4:5} e F_{4:6} foram: número de dias para início da floração (NDIF); número de dias para o início da maturidade (NDIM); comprimento de vagem (CPV); número de grãos por vagem (NGV); peso de 100 grãos (P100G); comprimento do pedúnculo (CPP), que consiste na medida tomada da base à extremidade de todos os pedúnculos da planta individual etiquetada aleatoriamente em cada parcela; número de pedúnculos com vagem por planta (NPP), que no número total de pedúnculos com vagens de planta individual etiquetada aleatoriamente em cada parcela; número médio de vagens por pedúnculo (NVPP), ou seja, número total de vagens dividido pelo número total de pedúnculos e produção de grãos secos por parcela (PROD).

3.3 Análises estatístico-genéticas

3.3.1 Avaliação das progênies F_{2:3} e F_{3:4}

O modelo para análise de variância do delineamento de blocos aumentados (FEDERER, 1956) utilizado foi o apresentado por Zimmermann (2014):

$$y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

Em que,

y_{ij} : é a observação do i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco ;

$j=1, 2, \dots, b$

$i= 1, 2, \dots, p, p+1, p+2, \dots, p+t$

m : média geral ;

t_i : efeito do i -ésimo tratamento ($i= 1, 2, \dots, p, p+1, p+2, \dots, p+t$; sendo p o número de progênies ou tratamentos regulares, t o número de testemunhas e $p+t = v$, o número total de tratamentos);

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

e_{ij} : efeito aleatório distribuído normalmente $N(0, \sigma^2)$, e independente.

Tabela 4- Quadro da análise de variância de um ensaio em blocos aumentados de Federer

Fonte de variação ⁽¹⁾	G.L.
Blocos	$j-1$
Tratamentos(ajust.)	$p+ t -1$
Testemunhas	$t-1$
Tratamentos regulares(ajust)	$p-1$
Testemunhas vs tratamentos regulares	1
Resíduo	$(j-1)(t-1)$
Total	$jt + p -1$

⁽¹⁾Fontes de variação segundo Zimmermann (2014)

3.3.2 Avaliação das progênies $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$

A metodologia utilizada para a análise individual foi proposta por Pimentel-Gomes; Garcia (2002). O modelo matemático adotado para a análise foi:

$$Y_{ijk} = m + t_i + r_j + bk_{(j)} + e_{ijk}$$

Em que,

Y_{ijk} : valor observado do tratamento i , no bloco k , dentro da repetição j ;

m : média geral;

t_i : efeito do tratamento i , com $i=1,2,\dots,64$;

r_j : efeito da repetição j , com $j = 1,4$;

$bk_{(j)}$: efeito do bloco k dentro da repetição j , com $k= 1,2,\dots,8$;

e_{ijk} : erro experimental efetivo.

Tabela 5- Esquema da análise de variância individual de um ensaio látice

Fonte de variação	GL	SQ	QM
Repetições	r-1	SQ _{REP}	
Blocos/repetições	r (k-1)	SQ _{BL/REP}	
Tratamentos regulares	v-1	SQ _{TRAT}	<u>SQ_{TRAT}</u> (v-1)
Tratamentos comuns	c-1	SQ _{TRAC}	<u>SQ_{TRAC}</u> (c-1)
Tipos de tratamentos	1	SQ _{TIPOS}	SQ _{TIPOS}
Resíduo	(k-1) (rk-k-1)	SQ _{RES}	<u>SQ_{RES}</u> (k-1) (rk-k-1)
Total		SQ_{TOTAL}	

3.3.3 Análise conjunta:

A análise conjunta dos ensaios foi realizada com médias ajustadas, de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{ija} = m + t_i + l_a + (tl)_{ia} + e_{ija}$$

Em que,

Y_{ijkl} : valor observado do tratamento i , no local a ;

m : média geral;

t_i : efeito do tratamento i , com $i=1,2,\dots,64$;

l_a : efeito do local a , com $a = 1,2$;

$(tl)_{ia}$: efeito da interação entre o tratamento i e o local a ;

e_{ija} : erro experimental médio.

O esquema da análise de variância individual está representado na Tabela 5.

Para a análise conjunta dos experimentos (Tabela 6), foi utilizada a metodologia proposta por Ramalho et al. (2012b). As análises de variâncias individuais e conjuntas foram realizadas utilizando-se o programa SAS (SAS INSTITUTE, 2014).

Tabela 6- Esquema da análise de variância conjunta da análise do látice utilizando as médias ajustadas dos tratamentos com recuperação da informação intrablocos e tendo como quadrado médio do resíduo a média dos resíduos das análises individuais

Fonte de variação	GL	SQ	QM
Ensaio	g-1	SQ _{ENS}	$\frac{SQ_{ENS}}{(g-1)}$
Tratamento x ensaio	(v-1) (g-1)	SQ _{INT}	$\frac{SQ_{INT}}{(v-1) (g-1)}$
Tratamentos regulares	v-1	SQ _{TRAR}	$\frac{SQ_{TRAR}}{(v-1)}$
Erro médio		SQ _{RES}	
Total		SQ _{TOTAL}	

⁽¹⁾ g: número de experimentos; v: número de tratamentos regulares.

Nos experimentos com as progênes F_{4:5} e F_{4:6}, as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a nível de 5% de probabilidade, utilizando o programa Genes (2013)

3.3.4 Estimativas dos parâmetros genéticos a partir das análises individuais das progênes F_{4:5} e F_{4:6}

A estimação dos parâmetros genéticos relacionados as progênes F_{4:5} e F_{4:6} foram realizadas segundo a metodologia proposta por Cruz et al. (2012).

Variância fenotípica:

$$V_p = \frac{QMT}{r}$$

Variância genética:

$$V_g = \frac{QMT - QMR}{r}$$

Em que,

V_p: corresponde a variância fenotípica;

V_g: corresponde a variância genética;

QMT: quadrado médio de tratamentos regulares;

QMR: quadrado médio do resíduo;

r: número de repetições.

O coeficiente de herdabilidade estimada em nível de média de progênes é fornecido por:

$$h^2 = \frac{V_g}{V_p} = \frac{V_g}{\frac{QMT}{r}}$$

O ganho estimado com a seleção foi obtido por meio de duas fórmulas, uma com base no diferencial de seleção e a outra com base no índice de seleção. Neste caso, adotando-se uma intensidade de seleção de 25%, correspondendo à seleção das 15 melhores progênies, em cada caráter.

A estimativa do ganho com a seleção, utilizando o diferencial de seleção foi obtida por meio da seguinte fórmula:

$$GS = h^2 DS$$

Em que,

GS: ganho com a seleção;

DS: diferencial de seleção, sendo:

$$DS = (M_s - M_g)$$

Em que,

M_s: média das progênies selecionadas;

M_g: média geral das progênies.

O ganho com a seleção expresso em porcentagem foi obtido de duas maneiras, uma em relação à média geral da população GS_G (%) e outro em relação à testemunha superior GS_T para o respectivo caráter, de acordo com as seguintes fórmulas:

$$GS_G(\%) = \frac{GS \times 100}{M_G}$$

$$GS_T(\%) = \frac{GS \times 100}{M_T}$$

Em que,

M_G: média geral das progênies;

M_T: média da melhor testemunha para o caráter.

3.3.5 Estimativas dos parâmetros genéticos a partir da análise conjunta das famílias F_{4:5} e F_{4:6}

O estimador do componente da variância fenotípica entre as médias para a análise conjunta das progênes avaliadas é dado por:

Variância fenotípica:

$$V_p = \frac{QMT}{re}$$

Em que,

V_p: corresponde a variância fenotípica;

QMT: quadrado médio de tratamentos regulares;

r: número de repetições;

e: número de ensaios.

O estimador do componente da variância genética entre as médias para a análise conjunta das progênes é dado por:

$$V_g = \frac{QMT - QMR}{re}$$

Em que,

V_g: corresponde à variância genética;

QMT: quadrado médio de tratamentos regulares;

QMR: quadrado médio do resíduo;

r: número de repetições;

e: número de ensaios.

No caso da interação tratamento versus ensaio ser significativa, o QMR foi substituído pelo quadrado médio da interação (QMT*E) (PIMENTEL GOMES, 2009; RAMALHO et al., 2012b).

O coeficiente de herdabilidade estimada entre as médias para a análise conjunta das progênes avaliadas foi obtido segundo Ramalho et al. (2012a); Cruz et al. (2012):

$$h^2 = \frac{V_g}{V_p} = \frac{V_g}{QMT/re}$$

Em que,

h^2 : coeficiente de herdabilidade estimada;

QMT: quadrado médio de tratamento;

r : número de repetições;

e : número de ensaios.

As médias ajustadas dos tratamentos regulares e tratamentos comuns (testemunhas) foram comparadas utilizando-se o teste de Scott-Knott.

3.3.6 Herdabilidade realizada

A herdabilidade realizada foi obtida a partir do desempenho das progênes nas gerações F_i e F_j . O cálculo do coeficiente da herdabilidade realizada (h_r^2) foi obtido com base na fórmula proposta por (FEHR; FEHR; JESSEN, 1987) adaptada por Ramalho et al. (2012a).

$$h_r^2 = \frac{(M_{s_j} - M_{g_j}) / M_{g_j}}{(M_{s_i} - M_{g_i}) / M_{g_i}}$$

H_r^2 : coeficiente de herdabilidade realizada;

M_{s_j} : média na geração F_j , no caso, $F_{4:6}$, das progênes selecionadas em F_i , no caso, $F_{4:5}$;

M_{g_j} : média geral das progênes na geração F_j ;

M_{s_i} : média das progênes selecionadas na geração F_i ;

M_{g_i} : média geral das progênes na geração F_i .

3.3.7 Ganho realizado

O ganho realizado foi obtido segundo Frey; Horner (1955),

$$GS_r = (M_{s_j} - M_{g_j})$$

Em que,

GS_r : ganho realizado com a seleção;

Msj: média obtida na geração Fj ($F_{4.6}$) dos genótipos selecionados na geração Fi ($F_{4.5}$);
Mgj: média geral dos genótipos na geração Fi.

Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa GENES (2013) e o software estatístico SAS (SAS INSTITUTE, 2014).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de variância do ensaio com progênes F_{2:3}

Os valores dos quadrados médios para os caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para o início da maturidade (NDIM) e produção de grãos secos por parcela (PROD) apresentados na Tabela 7, mostram que não houve diferença significativa entre as progênes F_{2:3}. Contudo, existe diferenças significativas ($P < 0,01$) para o contraste progênes x testemunhas, ou seja, há diferenças entre tratamentos comuns e tratamentos regulares para os citados caracteres. A variabilidade genética entre as progênes é de essencial importância e deve ser explorada para a obtenção de resultados satisfatórios no melhoramento (IDAHOSA; ALIKE; OMOREGIE, 2010).

Como só foram utilizadas duas testemunhas comuns, os graus de liberdade do resíduo apresentaram-se muito baixos, superestimando o quadrado médio residual. Possivelmente isso, contribuiu para a não significância estatística entre progênes. E, por as testemunhas não apresentarem variação dentro, a estimativa do erro obtida não reflete o que ocorreu nos tratamentos regulares. Os coeficientes de variação obtidos, variaram de 3,01% no NDIM a 27,87% na PROD.

Neste ensaio, levando-se em conta, os caracteres relacionados à arquitetura da planta e ao ciclo, realizou-se seleção entre e dentro de progênes, a partir do mesmo foram selecionadas as progênes que constituíram no ensaio F_{3:4}.

Tabela 7- Resumo da análise de variância para o número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para o início da maturidade (NDIM) e para produção de grãos secos por parcela (PROD) avaliados em progênes F_{2:3} de feijão-caupi. Teresina-PI, 2012.

Fonte de variação	GL	Quadrados médios		
		NDIF ⁽¹⁾ (dia)	NDIM ⁽¹⁾ (dia)	PROD (g/1,6m ²)
Blocos (ig. trat.)	9	1,836**	0,3063**	15779,242**
Tratamentos (aj.)	344	0,072ns	0,0177ns	4425,592ns
Progênes F _{2:3} (F)	342	0,0566ns	0,0156ns	4272,0955ns
Testemunhas (T)	1	0,1561ns	0,0199ns	361,4200ns
F vs T	1	5,2566**	0,7366**	60985,583**
Erro	9	0,0546	0,0587	2894,075
CV(%)		3,46	3,01	27,87

(¹): Dados transformados para \sqrt{x} ;

* Significativo ($0,01 < p \leq 0,05$); ** Significativo ($p \leq 0,01$); ns Não Significativo ($p > 0,05$), pelo teste F.

4.2 Análise de variância do ensaio com progênies F_{3:4}

Os resultados da análise de variância mostram que houve diferenças significativas para os tratamentos regulares em todos os caracteres (Tabela 8). Esses resultados confirmam a existência de variabilidade entre as progênies e a possibilidade de sucesso na realização de seleção para aumento de produtividade e melhoria dos demais caracteres avaliados.

Verifica-se, também, que houve diferenças significativas entre tratamentos regulares F_{3:4} e testemunhas para todos os caracteres. Entre as testemunhas, houve diferença significativa em todos os caracteres observados, exceto no caráter produção de grãos secos por parcela (PROD), indicando o comportamento semelhante das mesmas para esse caráter.

Os coeficientes de variação experimental (CV) variaram de 0,99% no caráter NDIM a 24,40% para PROD. Com exceção do caráter PROD, segundo critérios de Pimentel Gomes (2009), constata-se que houve uma boa precisão experimental. O valor de CV mais elevado para o caráter PROD, de certo modo já era esperado, pelo fato do caráter ser controlado por muitos genes e sofrer maior influência dos fatores ambientais. Desse ensaio, selecionaram-se as progênies mais produtivas, utilizadas para compor os próximos ensaios, com progênies F_{4:5} e F_{4:6}.

Tabela 8- Resumo da análise de variância individual das progênies F_{3:4} de feijão-caupi referentes aos caracteres número de dias para floração (NDIF), número de dias para maturidade (NDIM), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), produção de grãos secos por parcela (PROD). Teresina - PI, 2013

Fonte de variação	GL	Quadrados Médios					
		NDIF ⁽¹⁾ (dia)	NDIM ⁽¹⁾ (dia)	CPV (cm)	NGV ⁽¹⁾	P100G (g)	PROD (g/1,6m ²)
Blocos (n/aj.)	11	0,3206**	0,2336**	3,2918**	0,0934**	8,0894**	12844,4709**
Tratamentos (ajust.)	335	0,0543**	0,0415**	8,0285**	0,112*	7,1294**	2037,82**
Testemunhas	3	0,6324**	0,335**	69,7387**	0,3658**	34,0341**	799,4102ns
Progênies (ajust.)	331	0,0396*	0,0241**	6,4066**	0,1082*	5,8161**	1430,5184**
Testemunhas vs Progênies	1	3,1926**	4,9387**	359,7565**	0,5924**	361,1486**	206767,84**
Resíduo	33	0,0211	0,0058	0,2927	0,0575	0,5158	597,4676
C.V. (%)		2,2879	0,9917	3,0957	7,0667	4,4171	24,4088

(¹): Dados transformados para \sqrt{x} ;

* Significativo (0,01 < p ≤ 0,05); ** Significativo (p ≤ 0,01); ns Não Significativo (p > 0,05), pelo teste F.

4.3 Análise de variância individual dos ensaios com progênes $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$

Na Tabela 9, são apresentados os quadrados médios e os coeficientes de variação experimental obtidos nas análises de variâncias individuais para nove caracteres nos experimentos referentes, as progênes $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$. Os somatórios de quadrados referentes aos tratamentos foram desdobrados em tratamentos regulares, tratamentos comuns e tipos de tratamentos. Os dados originais utilizados nessas análises são apresentados, respectivamente, nos Anexos III e IV.

Os quadrados médios da análise individual do ensaio com progênes $F_{4:5}$ mostraram resultados que, para tratamentos regulares, todos os caracteres avaliados apresentaram diferenças significativas, indicando a existência de variabilidade genética, que, conforme Ramalho et al. (2012b) é o fator determinante para o êxito de um programa de melhoramento.

Os tratamentos comuns também mostraram diferenças significativas para os caracteres NDIF, CPV, NGV, CPP, P100G e NPP e não diferiram para NDIM, NVPP e PROD, indicando semelhança nesses caracteres. A fonte de variação Tipo apresentou efeito significativo, indicando que houve diferenças entre os tratamentos regulares (progênes) e os tratamentos comuns (testemunha), para todos os caracteres, exceto para o caráter NGV.

Os coeficientes de variação experimental (CV) variaram de 1,27% para o caráter NDIM a 14,33% para o caráter NPP.

No ensaio com as progênes $F_{4:6}$, os tratamentos regulares apresentaram diferenças significativas para todos os caracteres estudados, exceto para o caráter NPP. A existência dessas diferenças indica que houve variabilidade entre as progênes. Os tratamentos comuns também mostraram-se significativos para a maioria dos caracteres e não significativos para os caracteres CPV, NGV e NPP.

Com relação ao efeito Tipo, houve diferença significativa para todos os caracteres, exceção feita ao NGV e ao NPP. Esse resultado indica que há diferença entre progênes e testemunhas para a maioria dos caracteres avaliados.

Tabela 9- Resumo da análise de variância individual correspondentes a 60 progênies e quatro testemunhas para progênies F_{4:5} e F_{4:6} referente aos caracteres número de dias para início da floração (NDIF), número de dias para o início da maturidade (NDIM), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), comprimento do pedúnculo (CPP), número de pedúnculos com vagem por planta (NPP), número médio de vagens por pedúnculo (NVPP), produção de grãos secos por parcela (PROD). Teresina, PI, 2013 e 2014.

Fonte de variação	GL	Quadrados Médios								
		NDIF ⁽¹⁾ (dia)	NDIM ⁽¹⁾ (dia)	CPV (cm)	NGV ⁽¹⁾	P100G (g)	CPP (cm)	NPP ⁽¹⁾	NVPP ⁽¹⁾	PROD (g/2,4m ²)
Progênies F_{4:5}										
Repetição	3	0,0519*	0,0362**	9,8661**	0,1959*	2,7067 ^{ns}	59,8755**	4,1793**	0,0309 ^{ns}	61094,270**
Bloco /Rep	28	0,0493**	0,0125 ^{ns}	3,1859**	0,1439**	7,1818**	49,6500**	0,6926**	0,0426**	54192,396**
Progênies	59	0,0518**	0,0453**	6,5888**	0,1787**	23,5117**	73,8430**	1,0744**	0,0378**	67053,674**
Testemunhas	3	0,0675**	0,0099 ^{ns}	5,7141**	0,1619*	19,5721**	86,3521**	1,3649**	0,0309 ^{ns}	4430,583 ^{ns}
Tipo	1	0,9418**	0,5838**	46,3086**	0,0027 ^{ns}	190,9017**	224,0069**	0,2279*	0,7818**	175954,815**
Resíduo	161	0,0138	0,0094	1,1337	0,0514	1,8917	6,9244	0,2275	0,0132	5255,784
CV(%)		1,88	1,27	5,81	6,49	7,83	6,11	14,33	7,62	14,27
Progênies F_{4:6}										
Repetição	3	0,0119**	0,0058*	3,0735*	0,2722**	7,3388*	20,6026 ^{ns}	2,6851**	0,1081**	25547,5666**
Bloco /Rep	28	0,0077**	0,0026*	5,1894**	0,1294**	9,9225**	58,0756**	0,4469**	0,0461**	15663,6282**
Progênies	59	0,0156**	0,0069**	5,4478**	0,2672**	17,1761**	60,1348**	0,3661 ^{ns}	0,0385**	6181,2639**
Testemunhas	3	0,0329**	0,0242**	0,2445 ^{ns}	0,0246 ^{ns}	17,6277**	87,5740**	0,1367 ^{ns}	0,0488*	8233,9718**
Tipo	1	1,2584**	0,5436**	133,8737**	0,0317 ^{ns}	62,1791**	92,9862**	1,7033 ^{ns}	1,8048**	20637,5039**
Resíduo	161	0,0021	0,0015	1,2014	0,0579	2,1998	10,9672	0,3141	0,0155	1241,82
CV(%)		0,71	0,5	6,37	7,39	8,37	7,95	16,26	7,89	10,18

⁽¹⁾: Dados transformados para \sqrt{x} ;

* Significativo (0,01 < p ≤ 0,05); ** Significativo (p ≤ 0,01); ns Não significativo (p > 0,05), pelo teste F.

Considerando os dois ensaios, avaliando-se os tratamentos regulares, constata-se que ocorreu diferença significativa para todos os caracteres. Esse resultado indica que há uma consistente variabilidade genética entre as progênies. Por outro lado, avaliando-se o efeito Tipo, verifica-se nos dois ensaios, diferenças significativas para quase todos caracteres, com exceção do NGV, em ambos os ensaios e de NPP, no ensaio com progênies $F_{4:6}$. Portanto, indicando, que há variabilidade genética entre progênies e que as progênies diferem das testemunhas.

No ensaio com progênies $F_{4:5}$, o coeficiente de variação (CV) variou de 1,27%, no caráter NDIM a 14,33%, no NPP e no ensaio com progênies $F_{4:6}$, de 0,50% a 16,26%, respectivamente nos mesmos caracteres. Os coeficientes encontrados no presente estudo, são menores do que os obtidos nos estudos de Cruzio (2014); Donça (2012); Moura (2013), com progênies de inflorescência simples avaliados em geração F_5 , para os caracteres NDIF, CPV, NGV, P100G e PROD. E, no estudo de Souza (2005), na avaliação do caráter CPP e NVPP, observou-se CV'S maiores do que, os do presente estudo. As magnitudes dos CV's indicam portanto, que houve uma boa precisão experimental.

4.4 Análise de variância conjunta dos ensaios com progênies $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$

A análise de variância conjunta dos experimentos, com médias ajustadas com recuperação da informação intrablocos, das gerações $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$, está apresentada Tabela 10. As médias das gerações obtidas na análise conjunta estão apresentadas no Anexo V.

Os tratamentos regulares apresentaram diferenças significativas para todos os caracteres, exceto para o caráter NPP, comprovando assim, a variabilidade detectada nas análises individuais. Esses resultados indicam a possibilidade de ganho por seleção entre progênies, principalmente para os caracteres que se mostraram mais limitantes no parental cacheado-roxo, de inflorescência composta, que são o ciclo tardio para florescimento e para a maturidade e o comprimento do pedúnculo longo, que também são citados por Araújo et al., 1981.

Tabela 10- Resumo da análise de variância conjunta ao nível de parcela correspondentes a 60 progênies referente aos caracteres número de dias para início da floração (NDIF), número de dias para o início da maturidade (NDIM), comprimento de vagem (CPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), comprimento do pedúnculo (CPP), número de pedúnculos com vagem por planta (NPP), número médio de vagens por pedúnculo (NVPP), produção de grãos secos por parcela (PROD). Teresina, PI, 2013 e 2014.

Fonte de variação	GL	Quadrados Médios								
		NDIF ⁽¹⁾ (dia)	NDIM ⁽¹⁾ (dia)	CPV (cm)	NGV ⁽¹⁾	P100G (g)	CPP (cm)	NPP ⁽¹⁾	NVPP ⁽¹⁾	PROD (g/2,4m ²)
Experimento	1	5,60517**	7,30122**	174,124**	6,52304**	7,2349**	256,191**	0,89922**	0,66543**	2965369,63**
Progênies	59	0,04717*	0,03741*	8,229*	0,2888*	36,7326**	114,313**	0,85918ns	0,04561*	51310,28*
Progênies * Experimento	59	0,02918**	0,02179**	5,317**	0,2288**	9,5643**	40,999**	0,79135**	0,04326*	29012,68**
Erro Médio	126	0,00798	0,00548	1,16754	0,0547	2,0458	8,946	0,27086	0,01436	3248,8
CV(%)		1,34	0,95	6,55	7,09	8,86	7,52	15,4	6,65	20,17

(¹): Dados transformados para \sqrt{x} .

* Significativo ($0,01 < p \leq 0,05$); ** Significativo ($p \leq 0,01$); ns Não significativo ($p > 0,05$), pelo teste F

Com base nos valores do CV constata-se que os ensaios foram realizados com uma boa margem de precisão. Os valores de CV foram baixos para quase todos os caracteres e variaram de 0,95% no caráter NDIM a 20,17% no caráter PROD. Neste caráter, o resultado é atribuído ao fato de tratar-se de um caráter influenciado por muitos genes e por consequência sofrer forte ação de fatores ambientais. Esses resultados são concordantes com os obtidos na análise conjunta de gerações F_{3:4} e F_{4:5}, do estudo de Moura (2013).

A interação entre tratamentos regulares e experimentos foi significativa para todos os caracteres, evidenciando o comportamento diferenciado de pelo menos uma das progênes nos dois experimentos e, por conseguinte, nas gerações avaliadas. De acordo com Ramalho et al. (2012b), a realização de um experimento em apenas um local, inflaciona a estimativa da variância genética. No entanto, quando se realiza mais de um experimento, a análise conjunta permite isolar o efeito da interação entre tratamentos e experimentos. Como os experimentos foram conduzidos em um mesmo local, em dois anos seguidos, as diferenças significativas observadas na interação, podem ser decorrentes de mudanças nos fatores climáticos.

4.5 Comparação de médias entre progênes na gerações F_{4:5} e F_{4:6}

As médias ajustadas dos caracteres das gerações F_{4:5} e F_{4:6} estão apresentadas nos Anexos III e IV e a média conjunta no Anexo V. É importante ressaltar que na análise conjunta com exceção do caráter NPP, os demais apresentaram diferenças significativas. Contudo, somente nos caracteres NDIF, CPV, P100G, e CPP formaram mais de um grupo de médias. Nos caracteres NDIM, NGV, NPP, NVPP PROD não se detectou diferenças entre médias. Desse modo, a discussão dos resultados foi feita baseada nas médias ajustadas obtidas das análises individuais, com enfoque principal na análise conjunta.

No caráter NDIF, formaram-se três grupos, onde se destacaram, com ciclo mais curto, as progênes 3, 8, 9, 10, 40, 42 e 60, e as quatro testemunhas, variando de 35,41 dias na testemunha 61 (BRS Guariba) a 39,40 dias (progênie 10). A média das 60 progênes foi de 40,8 dias e a média das testemunhas foi de 37,2 dias. A testemunha 61 (BRS Guariba), apresentou menor média, do que as progênes. Essa diferença foi significativa, contudo, não foi de alta magnitude, pois para grande maioria das progênes, o incremento do ciclo foi inferior a seis dias. A média geral das progênes foi menor do que a obtida por Santos et al. (2012), que obteve progênes

com inflorescência simples, com média de 47,75 dias. Portanto, há progênies com bom nível de precocidade, mesmo quando comparadas com genótipos de outros trabalhos com foco na redução do ciclo.

Para o caráter NDIM, não foi estabelecido a formação de grupos. No entanto, houve diferença significativa para o caráter nos dois ensaios. A mensuração desse caráter pode não ter sido feita com tanta precisão, pois no final do ciclo, houve a redução da irrigação e as altas temperaturas registradas na época da colheita podem ter contribuído para antecipar a maturidade de alguns genótipos. As progênies 5, 6, 9, 10, 11, 13, 20, 22, 25, 30, 42, 45 e 53 se destacaram em precocidade nas duas gerações. Para este caráter a média das testemunhas foi de 57,4 dias e das progênies foi de 60,6 dias. As médias foram menores que às apresentadas em linhagens de inflorescência simples no estudo de Correa et al. (2012). Praticamente manteve-se a diferença entre testemunhas e progênies observada no caráter NDIF. Os resultados obtidos no estudo, para o caráter NDIF e NDIM, indicam que há progênies com inflorescência composta com ciclo para florescimento e maturidade muito próximas das testemunhas, as quais estão entre as cultivares mais precoces recomendadas para cultivo no País.

No caráter CPV, houve formação de dois grupos. O grupo A incluiu os tratamentos com maior média, compreendendo as quatro testemunhas e vinte e sete progênies. As médias variaram de 15,37 cm (Progênie 23) a 20,68 cm na testemunha 63 (BRS Cauamé). A média das progênies foi de 17,60 cm e a média das testemunhas de 20,17 cm. A média das progênies foi superior à obtida na média geral em genótipos avaliados em cultivo de sequeiro e irrigado, por Silva; Neves (2011). De maneira geral, as médias das progênies com inflorescência composta foram menores do que as das testemunhas que são cultivares com padrão comercial.

Para o caráter NGV, na análise conjunta, não foram formados grupos, a média das testemunhas foi de 11,58 grãos por vagem e a média das progênies foi de 11,36 grãos por vagem. Considerando as análises individuais, foram formados três grupos em cada uma das gerações. O grupo A da geração F_{4:5}, variou de 12,30 grãos por vagem (progênie 15) a 15,59 grãos por vagem (progênie 7). Neste grupo, vinte e oito progênies se comportaram de maneira semelhante às testemunhas 64 (Bico-de-ouro) (14,18 grãos por vagem) e 63 (BRS Cauamé) (12,88 grãos por vagem) e apresentaram maior número de grãos por vagem do que as testemunhas 62 (BRS Novaera) e 61 (BRS Guariba).

Na geração F_{4:6}, a média das progênes no caráter NGV, foi de 10,59 grãos por vagem e a das testemunhas de 10,92. Catorze progênes do grupo A, apresentaram número de grãos por vagem maior do que as testemunhas, variando de 12,08 (progênie 34) a 14,33 (progênie 29). A progênie 29, continha em média 14,29 grãos por vagem, maior média obtida. O número de grãos por vagem obtidas da progênie com maior média e da média geral conjunta, são superiores às obtidas nas avaliações de Cruzio (2014), que foi de 8,35 grãos.

No caráter P100G foram formados seis grupos na geração F_{4:5}, cinco grupos na geração F_{4:6} e três grupos na conjunta. Esse resultado indica que há uma ampla variabilidade genética para esse caráter. De acordo com as médias conjuntas, as progênes 40 e 12 apresentaram peso superior ao das testemunhas 61 (BRS Guariba), 63 (BRS Cauamé) e 64 (Bico-de-ouro). A média das progênes correspondeu a 17,46 g e a média das testemunhas a 20,44 g. As médias obtidas foram superiores as encontradas por Lopes et al. (2001); Moura (2013); Sobral (2009). Constata-se que embora havendo progênes com inflorescência composta com P100G similar ao das testemunhas, cultivares com padrão comercial, a média das progênes com inflorescência composta ficou 3 g aquém dessas cultivares, indicando que esse é um caráter ao qual se deve dar maior atenção no próximo ciclo de cruzamentos. Segundo Freire Filho et al. (2011), atualmente, tanto produtores quanto empacotadores exigem cultivares com P100G superior a 20 gramas, valor esse superior à média (18 g) encontrada nas cultivares brasileiras lançadas entre 1991 e 2010.

As médias do caráter CPP formaram dois grupos e variaram de 35,74 cm para a testemunha 61 (BRS Guariba) a 53,25 (progênie 58). A média das progênes foi de 42,57 cm e a média das testemunhas de 39,17 cm. As progênes 2, 4, 17, 18, 23 e 51 apresentaram CPP relativamente menor, em ambas as gerações. O comprimento do pedúnculo representa um dos caracteres que influenciam diretamente a arquitetura da planta. A seleção direcionada para a obtenção de genótipos com inflorescência composta e com pedúnculo floral curto é altamente desejável (LOPES et al., 2001; ROCHA et al., 2009). Barros et al. (2011) relatam que encontraram dificuldades na seleção de linhagens com pedúnculo curto e precoces em relação aos genótipos com inflorescência simples. Contudo neste estudo, obteve-se progênes com inflorescência composta, com comprimento de pedúnculo de tamanho semelhante e menor do que os das cultivares testemunhas. Entretanto, evidencia-se que a seleção para a redução

desse caráter deve continuar, incluindo, no próximo ciclo de cruzamentos, parentais com pedúnculo curto.

As progênies de inflorescência composta avaliadas nesse estudo, apresentam arquitetura de planta adequada à colheita mecanizada, eretas e com comprimento de pedúnculo curto. De acordo com Rocha et al. (2009), o caráter comprimento do pedúnculo influencia diretamente a arquitetura da planta de feijão-caupi. Esse autor observou que genótipos de porte prostrado apresentam pedúnculos mais compridos, comparados aos genótipos de porte ereto e semi-ereto. E, em busca do ideótipo moderno da planta de feijão-caupi, o melhoramento visa selecionar genótipos com porte mais compacto, eretos e com pedúnculos curtos.

O caráter NPP, na análise conjunta não formou grupos. Contudo no ensaio $F_{4:5}$ houve a formação de quatro grupos. No grupo A, as progênies 32, 37, 42 e 48 apresentaram valores superiores a todas as testemunhas. Na $F_{4:6}$, não houve formação de grupos. A média geral conjunta das progênies foi de 11,42 pedúnculos por planta e a média das testemunhas foi de 12,24 pedúnculos por planta. Esses resultados indicam que nas plantas com inflorescência composta não houve um aumento do número de pedúnculos.

O caráter NVPP é o componente que está diretamente associado à produção de grãos por planta, portanto, uma das alternativas para aumentar a produção de grãos é aumentar o número de vagens por planta, como o número de pedúnculos por planta não é facilmente aumentado, uma alternativa é aumentar o número de vagens por pedúnculo (SOUSA, 2008). Não se verificou a formação de grupos no teste de médias para este caráter. A média do NVPP das testemunhas variou de 1,33 vagens por pedúnculo na 64 (Bico-de-ouro) a 1,89 na 62 (BRS Novaera), com uma média geral de 1,57 vagens por pedúnculo. Já nas progênies, a variação foi de 2,53 (progênie 1) a 3,12 (progênie 24), com uma média de 2,45 vagens por pedúnculo. Esse resultado mostra que, realmente as progênies com inflorescência composta têm um ganho em número de vagens por pedúnculo, e, comprova afirmações, de que genótipos apresentando inflorescência composta podem conter mais vagens em seus pedúnculos do que os genótipos com inflorescência simples (ARAÚJO et al., 1981; BARROS et al., 2011; FAWOLE; AFOLABE, 1983; SOUSA, 2008). Portanto, o aumento do número de vagens decorre das ramificações dos pedúnculos. Os resultados obtidos nesse estudo estão em acordo com Barros et al. (2011) que relata

que cada pedúnculo da inflorescência composta contém, em média, três vagens e como consequência há um aumento na produção.

No caráter PROD, não houve formação de grupos no teste de médias. Contudo, foram formados seis grupos na geração $F_{4:5}$ e quatro grupos na $F_{4:6}$. No grupo mais produtivo da $F_{4:5}$, as progênies 16, 26, 33, 44, 45 e 56 estatisticamente foram superiores as testemunhas, e de $F_{4:6}$ as progênies 15, 30, 31, 33, 37, 51 se comportaram de maneira igual às testemunhas 61 (BRS Guariba) e 63 (BRS Cauamé) e superiores as demais testemunhas. Na análise conjunta, o caráter PROD variou de 200,84 g (progênie 28) a 595,10 g (progênie 33), com uma média de 422,18 g. As testemunhas variaram de 481,30, na cultivar 62 (BRS Novaera) a 525,19 g, na cultivar 63 (BRS Cauamé), com uma média de 499,16 g.

Os resultados observados indicam que a característica inflorescência composta aumentou a expressão do componente de produção NVPP. Os genótipos que se destacaram nessas duas características simultaneamente, também foram produtivos tais como as progênies 3 (434,29 g), 8 (486,86 g), 15 (491,38 g), 16 (536,11 g), 42 (387,05 g), 48 (475,86 g) e 50 (507,16 g). Portanto, a inflorescência composta pode contribuir para aumentar o caráter PROD.

É importante mencionar que no presente trabalho observou-se, a ocorrência de plantas com inflorescência simples no meio de algumas progênies com inflorescência composta. Como a inflorescência composta é condicionada por um alelo recessivo em condição homozigótica, essas plantas decorrerem de cruzamentos naturais. Desse modo, mesmo o feijão-caupi sendo uma planta autógama, os resultados sugerem que a inflorescência composta deve ser estudada com relação a maior incidência de cruzamentos naturais. Também, no que se refere à produção de semente, deve-se tomar todas as precauções no isolamento da lavoura para evitar cruzamentos naturais e conseqüentemente misturas genéticas.

4.6 Estimação dos parâmetros genéticos a partir da análise individual em progênies $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$

As estimativas dos parâmetros genéticos para os diferentes caracteres avaliados, com as progênies $F_{4:5}$ (Tabela 11), mostram que, mesmo tendo havido uma certa pressão de seleção, a variabilidade genética foi mantida em todos os caracteres. Nesta geração, as estimativas de herdabilidade variaram de 65% para o caráter NVPP a 92% para P100G e PROD. Moura (2013); Omoigui et al. (2006) encontraram valores

inferiores para os caracteres CPV e NGV, 75,82% e 49,02%, respectivamente. Na literatura, constam valores inferiores para os demais caracteres (BARROS et al., 2011; DA SILVA, 2011; MOURA, 2013; SOUSA, 2008).

De acordo com Ramalho et al. (2012b), as herdabilidades com elevada magnitude tornam viável a seleção para identificação de genótipos superiores. O caráter NPP, na geração $F_{4:5}$, apresentou estimativa de herdabilidade (79%), semelhante aos resultados obtidos em progênies com inflorescência composta e progênies com inflorescência simples em dois retrocruzamentos realizados por Barros et al. (2011). E, em relação a este mesmo estudo, os demais caracteres apresentaram valores inferiores, no entanto, significativos, indicando a possibilidade de sucesso na obtenção de ganhos para o caráter via seleção em geração posterior.

O ganho genético nas progênies $F_{4:5}$, em relação à média das progênies, variou de -1,32% em NDIM a 29,78% em PROD. Em relação à média da melhor testemunha, variou de -1,36% em NDIM a 26,63% em PROD. Os caracteres NDIF, NDIM, CPP apresentaram ganhos negativos em relação à média geral das progênies e à média da melhor testemunha. Esses ganhos negativos são importantes, porque nesses caracteres, o que se pretende é a diminuição da expressão do caráter.

Tabela 11- Estimativas da variância genética (V_g), variância fenotípica (V_p), coeficiente de herdabilidade (h^2), limite inferior e superior das estimativas de herdabilidade (LI; LS), diferencial de seleção (DS), ganho genético obtido por meio de seleção direta em progênies (GS_G), ganho com a seleção em relação à média geral ($GS\%$), ganho com a seleção em relação à média da melhor testemunha ($\%GST$) correspondente a 60 progênies $F_{4:5}$ de feijão-caupi. Teresina, PI, 2013.

Parâmetros	Caracteres ⁽¹⁾								
	NDIF ⁽²⁾ (dia)	NDIM ⁽²⁾ (dia)	CPV (cm)	NGV ⁽²⁾	P100G (g)	CPP (cm)	NPP ⁽²⁾	NVPP ⁽²⁾	PROD (g/2,4 m ²)
V_g	0,0095	0,009	1,3638	0,0318	5,405	16,7297	0,2117	0,0062	15449,473
V_p	0,013	0,0113	1,6472	0,0447	5,8779	18,4608	0,2686	0,0095	16763,419
h^2	0,73	0,79	0,83	0,71	0,92	0,91	0,79	0,65	0,92
LI; LS	(0,58;0,82)	(0,67;0,86)	(0,73;0,88)	(0,55;0,80)	(0,87;0,95)	(0,85;0,94)	(0,67;0,86)	(0,45;0,76)	(0,88; 0,95)
DS	-0,1509	-0,1279	1,6517	0,2819	3,2513	-5,162	0,642	0,1382	161,8201
GSG	-0,1107	-0,1013	1,3675	0,2008	2,9897	-4,6779	0,506	0,0899	149,1364
GS (%)	-1,7632	-1,3224	7,5132	5,7593	17,2464	-10,8043	15,1667	5,895	29,7826
GST (%)	-1,8913	-1,3662	7,4984	5,993	15,1739	-13,8732	20,8239	6,7985	26,6308
MGP⁽³⁾	39,41	58,7	18,2	12,16	17,34	43,3	11,13	2,33	500,75
MPS⁽⁴⁾	37,54	56,76	19,85	14,2	20,59	38,14	15,83	2,77	662,57
MGT⁽⁵⁾	36,2	55,59	20,03	12,26	21,06	39,26	10,26	1,66	613,77
MMT⁽⁶⁾	34,22	55,06	18,24	11,22	19,7	33,72	5,91	1,74	560,02
MMP⁽⁷⁾	35,78	55,44	20,88	15,59	25,74	33,13	23,5	3,04	789,41
MGE⁽⁸⁾	39,21	58,51	18,32	12,16	43,04	43,04	11,08	2,28	507,81

(1)NDIF: Número de dias para início da floração, NDIM: número de dias para o início da maturidade, CPV: comprimento de vagem, NGV: número de grãos por vagem, P100G: peso de 100 grãos, CPP: comprimento do pedúnculo, NPP: Número de pedúnculos com vagem por planta, NVPP: número médio de vagens por pedúnculo e PROD: produção de grãos secos por parcela. (2): Dados transformados para \sqrt{x} ; (3) Média geral das progênies (MGP); (4) Média das 15 progênies selecionadas, por caráter (MPS); (5) Média geral das testemunhas (MGT); (6) Média da melhor testemunha (MMT); (7) Média da melhor progênie;(8)Média geral do ensaio (MGE).

Nos demais caracteres, observaram-se também ganhos com a seleção. Segundo Lopes et al. (2001), os ganhos inferiores a 5% nos caracteres, indicam que os ganhos com a seleção serão gradativamente lentos. O caráter PROD apresentou maior ganho genético de 29,78% em relação à média das progênes e de 26,63% em relação à média da melhor testemunha. Esses resultados são muito promissores e evidenciam o potencial das progênes com inflorescência composta.

As estimativas dos parâmetros genéticos das progênes $F_{4:6}$ são apresentados na Tabela 12. Os resultados obtidos nessa geração confirmam a preservação da variabilidade genética em todos os caracteres, exceto para NPP, que apresentou baixa herdabilidade. Os valores das herdabilidades variaram de 0,14 no caráter NPP, a 0,87 nos caracteres NDIF e P100G.

Para o caráter PROD, a herdabilidade foi de 0,80, valor igual ao observado por Moura (2013). Na maioria dos caracteres, as progênes $F_{4:6}$ apresentaram herdabilidades inferiores às $F_{4:5}$. Exceto para os caracteres NDIF, com 0,87 e NGV, com 0,78. Estes valores, foram superiores aos obtidos por Matos Filho et al. (2009); Moura (2013) em avaliações de caracteres e, genótipos que apresentam inflorescência simples, em gerações semelhantes a do estudo em questão.

A estimativa de herdabilidade do caráter NPP, nesta geração, foi muito inferior ao valor observado na geração $F_{4:5}$ e no estudo de Barros et al. (2011). Desse modo, para a seleção desse caráter, é muito importante que seja feito um bom controle ambiental e/ou que a seleção seja feita em gerações mais avançadas. No caráter CPP, em ambas as gerações, foram obtidos valores semelhantes ao encontrado no estudo de dois retrocruzamentos com genótipos com inflorescência composta, realizado por Barros et al. (2011), com valores de 0,91, no primeiro retrocruzamento, e 0,86, no segundo retrocruzamento.

As estimativas dos ganhos genéticos esperados nas progênes $F_{4:6}$ (Tabela 12), considerando a média geral das progênes (GS%) os ganhos variaram de -0,408% para NDIM a 13,24% para P100G. As estimativas variaram em relação à melhor testemunha (GST%) variaram de -0,417% para NDIM a 11,37% para P100G. Os valores obtidos nesse estudo foram inferiores aos apresentados Donça (2012); Moura (2013).

Tabela 12- Estimativas da variância genética (V_g), variância fenotípica (V_p), coeficiente de herdabilidade (h^2), limite inferior e superior das estimativas de herdabilidade (LI; LS), diferencial de seleção (DS), ganho genético obtido por meio de seleção direta em progênies (GS_G), ganho com a seleção em relação à média geral ($GS\%$), ganho com a seleção em relação à média da melhor testemunha ($\%GST$) correspondente a 60 progênies $F_{4:6}$ de feijão-caupi. Teresina, PI, 2014

Parâmetros	Caracteres ⁽¹⁾								
	NDIF ⁽²⁾ (dia)	NDIM ⁽²⁾ (dia)	CPV (cm)	NGV ⁽²⁾	P100G (g)	CPP (cm)	NPP ⁽²⁾	NVPP ⁽²⁾	PROD (g/2,4 m ²)
V_g	0,0034	0,0014	1,0616	0,0523	3,7441	12,2919	0,013	0,0058	1234,861
V_p	0,0039	0,0017	1,362	0,0668	4,294	15,0337	0,0915	0,0096	1545,316
h^2	0,87	0,78	0,78	0,78	0,87	0,82	0,14	0,60	0,80
LI; LS	(0,79;0,91)	(0,66;0,85)	(0,65;0,85)	(0,66;0,85)	(0,79;0,91)	(0,71;0,88)	(-0,34; 0,43)	(0,37;0,73)	(0,69; 0,86)
DS	-0,0728	-0,0412	1,5118	0,3288	2,6692	-5,1121	0,4124	0,1261	52,6299
GSG	-0,063	-0,0323	1,1784	0,2576	2,3273	-4,1798	0,0585	0,0754	42,0565
GS (%)	-0,9702	-0,4078	6,9331	7,9157	13,238	-9,9909	1,7097	4,709	12,2417
GST (%)	-1,0416	-0,417	5,7563	8,07	11,3719	-11,0684	1,5127	5,6673	9,8019
MGP⁽³⁾	42,17	62,54	17	10,59	17,58	41,84	11,72	2,56	343,55
MPS⁽⁴⁾	41,22	61,94	18,51	12,82	20,25	36,72	14,75	2,99	396,18
MGT⁽⁵⁾	38,12	59,26	20,3	10,92	19,83	39,08	14,41	1,49	384,56
MMT⁽⁶⁾	36,6	59,91	20,47	10,18	20,47	37,76	14,98	1,77	429,06
MMP⁽⁷⁾	40,19	61,62	20,2	14,29	23,42	32,59	18,4	3,31	434,49
MGE⁽⁸⁾	41,91	62,34	17,2	10,61	17,72	41,66	11,88	2,49	346,11

(1)NDIF: Número de dias para início da floração, NDIM: número de dias para o início da maturidade, CPV: comprimento de vagem, NGV: número de grãos por vagem, P100G: peso de 100 grãos, CPP: comprimento do pedúnculo, NPP: Número de pedúnculos com vagem por planta, NVPP: número médio de vagens por pedúnculo e PROD: produção de grãos secos por parcela. (2): Dados transformados para \sqrt{x} ; (3) Média geral das progênies (MGP); (4) Média das 15 progênies selecionadas, por caráter (MPS); (5) Média geral das testemunhas (MGT); (6) Média da melhor testemunha (MMT); (7) Média da melhor progênie; (8) Média geral do ensaio (MGE).

Evidencia-se, portanto, que a seleção precoce foi eficiente tanto para os caracteres que se pretendia reduzir a expressão como NDIF, NDIM e CPP, que apresentaram ganhos negativos em relação à média geral das progênie e à média da melhor testemunha, quanto para aqueles que se pretendia aumentar a expressão, os quais apresentaram ganhos em relação à média geral das progênie e à melhor testemunha. Contudo não foi eficiente para aumentar a expressão do caráter NPP.

4.7 Estimação dos parâmetros genéticos a partir da análise conjunta dos ensaios com progênie $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$

Na Tabela 13 são apresentados os resultados das estimativas dos parâmetros genéticos obtidos a partir da análise conjunta das progênie $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$. Em relação à herdabilidade, as estimativas obtidas variaram de 0,05% para NVPP a 64% para CPP. Os caracteres relacionados à precocidade apresentaram herdabilidades superiores às obtidas na análise conjunta no estudo de Cruzio (2014). Todos os valores observados nos caracteres, na análise conjunta, foram inferiores aos encontrados na literatura com inflorescência composta dos autores, Barros et al. (2011) e Sousa (2008). No entanto, os resultados indicam que há variabilidade genética e, portanto, possibilidade de seleção em todos os caracteres avaliados.

Os valores obtidos para as herdabilidades dos caracteres nessa análise conjunta foram mais baixos que os obtidos nas análises individuais. Possivelmente a interação entre tratamentos regulares e ensaio, em todos os caracteres, contribuiu para isso. Os caracteres NDIF, NDIM, CPP e PROD apresentaram as maiores estimativas para herdabilidade. Esse é um resultado importante porque esses caracteres são de grande importância na seleção de progênie com inflorescência composta. E, quanto maior a herdabilidade, maior o ganho por seleção (FALCONER; MACKAY,1996). Todas as herdabilidades caíram dentro do intervalo de confiança, indicando a precisão das estimativas.

Os ganhos genéticos obtidos com a seleção em relação à média geral das progênie, variaram de -0,41% para o NDIM a 11,07% para P100G e em relação à melhor testemunha de -0,42% a 9,62%, para esses mesmos caracteres, respectivamente. Lopes et al. (2001); Moura (2013) obtiveram ganhos superiores, em linhagens com inflorescência simples, para os mesmos caracteres avaliados.

Tabela 13- Estimativas da variância genética (V_g), variância fenotípica (V_p), coeficiente de herdabilidade (h^2), limite inferior e superior das estimativas de herdabilidade (LI; LS), diferencial de seleção (DS), ganho genético obtido por meio de seleção direta em progênies (GS_G), ganho com a seleção em relação à média geral ($GS\%$), ganho com a seleção em relação à média da melhor testemunha ($\%GST$) correspondente à análise conjunta de 60 progênies nas $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$ de feijão-caupi. Teresina, PI, 2013 e 2014

Parâmetros	Caracteres ⁽¹⁾								
	NDIF ⁽²⁾ (dia)	NDIM ⁽²⁾ (dia)	CPV (cm)	NGV ⁽²⁾	P100G (g)	CPP (cm)	NPP ⁽²⁾	NVPP ⁽²⁾	PROD (g/2,4 m ²)
V_g	0,0023	0,002	0,364	0,0075	3,396	9,1642	0,0085	0,0003	2787,2
V_p	0,0059	0,0046	1,0286	0,0361	4,5915	14,2891	0,1073	0,0057	6413,785
h^2	0,38	0,42	0,35	0,21	0,74	0,64	0,08	0,05	0,43
LI; LS	(-0,035;0,63)	(0,025;0,65)	(-0,082;0,61)	(-0,33;0,53)	(0,56;0,84)	(0,39;0,78)	(-0,54;0,45)	(-0,58;0,43)	(0,05; 0,66)
DS	-0,0945	-0,0768	1,2602	0,2419	2,6133	-4,3563	0,4036	0,0969	96,9209
GSG	-0,0361	-0,0321	0,446	0,0503	1,9329	-2,7939	0,0319	0,005	42,1183
GS (%)	-0,5647	-0,412	2,534	1,491	11,0715	-6,5635	0,9429	0,3194	9,9771
GST (%)	-0,606	-0,4234	2,3042	1,5362	9,6238	-7,8169	1,0118	0,3764	8,5167
MGP⁽³⁾	40,78	60,61	17,6	11,36	17,46	42,57	11,42	2,44	422,15
MPS⁽⁴⁾	39,56	59,44	18,86	13,03	20,07	38,21	14,29	2,76	519,07
MGT⁽⁵⁾	37,15	57,41	20,17	11,58	20,44	39,17	12,24	1,56	499,16
MMT⁽⁶⁾	35,4	57,46	19,35	10,69	20,08	35,74	9,92	1,77	494,54
MMP⁽⁷⁾	38,56	58,67	19,92	14,29	24,58	36,14	16,97	3,13	595,18
MGE⁽⁸⁾	40,55	60,41	17,76	11,37	17,64	42,35	11,47	2,38	426,96

(1)NDIF: Número de dias para início da floração, NDIM: número de dias para o início da maturidade, CPV: comprimento de vagem, NGV: número de grãos por vagem, P100G: peso de 100 grãos, CPP: comprimento do pedúnculo, NPP: Número de pedúnculos com vagem por planta, NVPP: número médio de vagens por pedúnculo e PROD: produção de grãos secos por parcela. (2): Dados transformados para \sqrt{x} ; (3) Média geral das progênies (MGP); (4) Média das 15 progênies selecionadas, por caráter (MPS); (5) Média geral das testemunhas (MGT); (6) Média da melhor testemunha (MMT); (7) Média da melhor progênie; (8) Média geral do ensaio (MGE).

Os caracteres relacionados a precocidade e ao comprimento de pedúnculo apresentaram valores negativos de ganhos genéticos com a seleção, tanto em relação à média geral das progênes quanto à média da melhor testemunha. Vale ressaltar que nas análises individuais os ganhos também foram negativos. Esse resultado é muito importante porque evidencia a possibilidade de seleção de progênes precoces com pedúnculo curto. A interação significativa entre tratamentos e ensaios para todos os caracteres dificulta a seleção, contudo constatou-se que há tratamentos com o comportamento consistente nos dois ensaios.

4.8 Herdabilidade e ganho realizado com a seleção com base na análise conjunta das progênes F_{4:5} e F_{4:6}

Na Tabela 14 estão apresentados as estimativas da herdabilidade realizada (h^2) e ganho realizado com a seleção (GSr) para os nove caracteres avaliados, obtidos a partir da análise conjunta dos ensaios com as progênes F_{4:5} e F_{4:6}.

A seleção, no melhoramento, baseia-se no quanto das variações observadas são transmitidas de geração em geração e a estimação da herdabilidade, juntamente com o ganho genético, são os responsáveis pela predição desta seleção (RAMALHO et al., 2012a).

No processo de predição, o ambiente tem um papel de suma importância e a interação significativa de tratamento versus ensaio constituiu um fator de dificuldade para obtenção de estimativas de parâmetros com alta precisão, porque, se os materiais genéticos foram os mesmos, ela indica que houve uma diferença marcante de ambiente de um ensaio para o outro.

Neste estudo, como mostra a Tabela 10, a interação Progênie vs. Experimento foi significativa para todos os caracteres. Contudo, os caracteres NGV e P100G, apresentaram estimativas de herdabilidade superiores a 50%, CPV e CPP em torno de 40% e NDIF, NDIM, NVPP e PROD em torno de 20%. A menor estimativa encontrada foi o do caráter NPP. Embora, esse caráter tenha apresentado alta herdabilidade no ensaio com progênes F_{4:5} (0,79), apresentou baixa estimativa no segundo com progênes F_{4:6} (0,14), o que contribuiu para o baixo valor da herdabilidade realizada. Foi o único caráter que não apresentou quadrado médio significativo nos dois ensaios. Segundo Cruzio (2014), esse resultado

Tabela 14- Herdabilidade e ganho com a seleção estimados versus realizados em progênies F_{4:5} e F_{4:6} de feijão-caupi. Teresina, PI, 2013 e 2014

Caracteres ⁽¹⁾	Herdabilidade			Ganho com a seleção		
	F _{4:5}		F _{4:6}	F _{4:5}		F _{4:6}
	Estimada	Realizada	Realizada (%)	Estimado	Realizado	Realizado (%)
NDIF	0,73	0,14	18,95	-0,1107	-0,0217	19,6
NDIM	0,79	0,18	22,71	-0,1013	-0,0234	23,1
CPV	0,83	0,33	39,86	1,3675	0,5018	36,69
NGV	0,71	0,42	58,96	0,2008	0,1094	54,48
P100G	0,92	0,49	53,29	2,9897	1,6293	54,5
CPP	0,91	0,37	40,83	-4,6779	-1,8399	39,33
NPP	0,79	0,03	3,81	0,506	0,0203	4,01
NVPP	0,65	0,11	16,91	0,0899	0,0157	17,46
PROD	0,92	0,21	22,79	149,1364	27,1588	18,21
Média			30,9			29,71

(1)NDIF: Número de dias para início da floração, NDIM: número de dias para o início da maturidade, CPV: comprimento de vagem, NGV: número de grãos por vagem, P100G: peso de 100 grãos, CPP: comprimento do pedúnculo, NPP: Número de pedúnculos com vagem por planta, NVPP: número médio de vagens por pedúnculo e PROD: produção de grãos secos por parcela.

constitui sempre uma possibilidade, uma vez que, a herdabilidade realizada é o valor transmitido aos descendentes, o qual depende das condições ambientais para expressividade do caráter.

O ganho genético realizado com a seleção teve uma variação muito semelhante à da herdabilidade realizada. Os caracteres NGV e P100G, apresentaram estimativas de ganho superiores a 50%, CPV e CPP superiores a 30%. Os demais caracteres, com exceção de NPP, obtiveram estimas em torno de 20%.

É importante mencionar que os ganhos negativos nos caracteres NDIF, NDIM e CPP eram esperados e desejados, porque trata-se de caracteres que se quer reduzir a expressão. Os resultados obtidos, são importantes porque, mostram ganhos por seleção na direção da obtenção de famílias com inflorescência composta, precoces, com pedúnculo curto e produtivas. Por outro, constata-se também que houve ganhos em outros caracteres. Os valores mais elevados e positivos das estimativas de herdabilidade e de ganho realizados nos caracteres NGV, P100G, CPV, CPP, NDIM e PROD evidenciam a possibilidade de seleção para o incremento da produção de grãos, por meio da seleção nos caracteres componentes de produtividade e/ou diretamente na produtividade.

5 CONCLUSÕES

A seleção precoce nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{3:4}$ é eficiente para melhorar a expressão dos caracteres avaliados.

Há uma ampla variabilidade genética entre progênes com possibilidade de ganhos por seleção em todos os caracteres avaliados.

As herdabilidades e os ganhos realizadas para todos os caracteres avaliados são inferiores aos valores estimados.

Há progênes precoces, com comprimento de pedúnculo curto e tão produtivas quanto as cultivares comerciais utilizadas como testemunhas.

As seguintes progênes se destacam em relação aos caracteres ciclo precoce (8, 9, 10, 40 e 53), comprimento de pedúnculo curto (2, 4, 6, 10, 17, 18, 20, 21, 22, 23, 45, 52), maior número de vagens por pedúnculo (2, 8, 9, 28 e 53) e produtividade (8, 9, 10, 12, 14, 30, 31 e 45).

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABATE, T.; ALENE, A. D.; BERGVINSON, D.; SHIFERAW, B.; SILIM, S.; ORR, A.; ASFAW, S. **Tropical grain legumes in Africa and South Asia: knowledge and opportunities**. Nairobi, Kenya: International Crops Research Institute for the Semi Arid Tropics. 112 p., 2012.

ACQUAAH, G.; ADAMS, M. W.; KELLY, J. D. Identification of effective indicators of erect plant architecture in dry bean. **Crop Science**, v. 31, p. 261-264, 1991.

ADAMS, M. W. Plant architecture and yield breeding. **Iowa State Journal of Research**, v. 56, n. 3, p. 225-254, 1982.

ARAÚJO, J. P. .P.; SANTOS, A. A. dos; CARDOSO, M. J.; WATT, E. E. Nota sobre a ocorrência de uma inflorescência ramificada em caupi *Vigna unguiculata* (L.) Walp., no Brasil. **Ciência Agrônômica**, v.12, n. ½, p. 187-193, 1981.

AREMU, C. O. Trait response to early-generation selection using a common parent in two crosses of Cowpea (*Vigna unguiculata*) for humid environment performance. **Advances in Applied Science Research**. v. 2, n. 6, p. 155-160, 2011 .

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

BERBEL, A., FERRÁNDIZ, C., HECHT, V., DALMAIS, M., LUND, O.S., SUSSMILCH, F.C., TAYLOR, S.A., BENDAHMANE, A., ELLIS, T.H.N., BELTRÁN, J.P., WELLER, J.L., AND MADUEÑO, F. Vegetative1 is essential for development of the compound inflorescence in pea. **Nature Commun.** v. 3 p. 797, 2012.

BERNARDO, R. On the effectiveness of early generation selection in self-pollinated crops. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 4, p. 1558-1560, 2003.

BRITTINGHAM, W. H. The inheritance of date pod maturity, pod length, seed shape and seed size in the southern pea., *Vigna sinensis*. **Proceedings of the American Society for Horticultural.**, v. 56, p. 381-388, 1950.

CHAUDHARY, B. D.; YADAVA, T. P.; YADAV, A. K. Note on a model plant architecture in soybean. **Indian journal of agricultural science**, v. 50, n. 1, p. 84-86, 1980.

COYNE, D. P. Modification of plant architecture and crop yield by breeding. **Hort Science**, v. 15. n. 3, p. 244-247, 1980.

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**, Viçosa, v. 59, n.1, p. 88-94, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, p. 210-235, 2012.

CRUZIO, A. S. **Eficiência da seleção em geração precoce para tamanho de grão e seu efeito em outros caracteres de feijão-caupi**. 76p. Dissertação (Mestrado/Genética e Melhoramento) – UFPI, Teresina, 2014.

DA SILVA, J. D. L. Estimativas de parâmetros genéticos de linhagens de feijão-caupi da subclasse comercial fradinho. In: **Embrapa Meio-Norte-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., 2011, Búzios. Panorama atual e perspectivas do melhoramento de plantas no Brasil:[anais]. Búzios: SBMP, 2011.

DONÇA, M. C. B. **Seleção precoce para caracteres dos grãos no melhoramento do feijão-caupi**. 2012. 102 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2012.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Edinburgh: Longman Group Limited. 4 ed. 464 p., 1996.

FAWOLE, Y.; AFOLABE, N. O. Genetic control of a branching peduncle mutant of cow pea, *Vigna unguiculata* (L.) Walp. **Journal of Agricultural Science**, v. 100, p. 473-475, 1983.

FAWOLE, Y.; AFOLABE, N. O.; RAJI, J. A. Release of the Ife Branched Peduncle Cowpea. **Tropical Legume Bulletin**, n. 31, p. 15-16, 1985.

FEDERER, W.T. **Augmented (Or hoonuiaku) designs**. Hawaiian Planters' Record, v. 55, n. 2, p 191-208. 1956

FEHR, W. R.; FEHR, E. L.; JESSEN, H. J. **Principles of cultivar develo and technique**. New York: Macmillan. v. 1, p. 319-327, 1987.

FREIRE FILHO, F.R. Genética do caupi. In: ARAUJO, J.P.P. de; WATT, E.E., org. **O caupi no Brasil**. Brasília: EMBRAPA/IITA. cap.6, p.159-229, 1988a.

FREIRE FILHO, F. R. Origem, evolução e domesticação do Caupi. In: ARAÚJO, J.P. P.; WATT, E. E. (ed.). **O caupi no Brasil**. Brasília: IITA/EMBRAPA, p. 27-46, 1988b.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARRETO, P. D.; SANTOS, C. A. A. Melhoramento genético. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. de A.; RIBEIRO, V. Q. (ed.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2005. p. 29-92.

FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. M.; DAMASCENO E SILVA, K. J.; NOGUEIRA, M. S. R.; RODRIGUES, E. V. **Feijão-caupi no Brasil: Produção, Melhoramento Genético, Avanços e Desafios**. Teresina, PI: Embrapa Meio-Norte, 81 p., 2011.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D.; NOGUEIRA, M. do S. R.; RODRIGUES, E. V.; NOGUEIRA, M. S. R.; RODRIGUES, E. V. **Production, breeding and the potential of cowpea crop in Brazil**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, p. 49, 2012.

FREIRE FILHO, F. R., RIBEIRO, V. Q., CARDOSO, M. J., DOS SANTOS, A. A., NOGUEIRA, M. do S. R.; VIEIRA, P. F. D. M. J., E ROCHA, M. M. **Cruzamentos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] realizados na Embrapa Meio-Norte, no período de 1982 a 2012**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, p. 120, 2014.

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

GAUR, P.M.; GOUR, V. K.; A gene producing one nine flowers per flowering node in chickpea. **Euphytica**. v. 128, p. 231-235, 2002.

GITHIRI, S.M.; KIMANI, P.M.; PATHAK, R.S. Linkage relationships among loci controlling morphological traits in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Euphytica**, v.92, p.307-331, 1996.

GUILHERME, S. R. **Controle genético da inflorescência e sua associação com a produtividade de grãos do feijoeiro**. 2014. 62 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais, 2014.

HARTUNG, R. C.; SPECHT, J. E.; WILLIAMS, J. H. Modifications of soybean plant architecture by genes for stem growth habit and maturity. **Crop Science**, v. 21, p. 51-56, 1981.

HUYGHE, C. Genetics and genetic modifications of plant architecture in grain legumes: a review. **Agronomie**, v.18, p. 383-411, 1998.

IDAHOSA, D. O.; ALIKA, J. E.; OMOREGIE, A. U. Genotypic variability for agronomic and yield characters in some cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Nature and Science**, v. 8, n. 1, p. 48-55, 2010.

KAHN, B. A.; STOFFELLA, P. J. Distribution pattern of seed yield in cowpea. **Crop Science**, v. 29, p. 981-984, 1989.

KEHINDE, O.B.; MYERS, G.O.; FAWOLE, I. Analysis of genetic linkage in the cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. **Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science**, v. 20, p. 75-82, 1997.

KELLY, J. D. Remaking bean plant architecture for efficient production. **Advances in Agronomy**, v. 71, p. 109-143, 2001.

KORNEGAY, J.; WHITE, J.W., CRUZ, O.O. de L., Growth habit and gene pool effects on inheritance of yield in common Bean. **Euphytica**, v. 62, n. 3, p. 171-180, 1992

KUMAR, R.; SINGH, S. P.; JOSHI, A. K. Genetics of earliness in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Vegetable Science**, v. 27, n. 1, p. 28-30, 2000.

LAL, H.; RAI, M.; KARAN, S.; VERMA, A.; RAM, D. Multivariate hierarchical clustering of cowpea germplasm [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Acta Horticulturae**, v. 752, p. 413-416, 2007.

LOBBE, H. Estudo sobre doze variedades de caupi. Rio de Janeiro: **Ministério da Agricultura, Indústria e Comércio**, 1925. 10 p.

LIVRO de Registro dos Acessos do Banco de Germoplasma de Feijão-caupi. Fortaleza: UFC, CCA, **Laboratório de Análises de Sementes – LAS**, 1963. Não paginado.

LOPES, A. C. A.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA, R. B. Q.; CAMPOS, F. L.; ROCHA, M. M. Variabilidade e correlações entre caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 3, p. 515-520, 2001.

MACHADO, C. F. Identificação de genótipos de feijão-caupi quanto à precocidade, arquitetura da planta e produtividade de grãos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 39, n. 01, p. 114- 123, 2008.

MACHADO, C. de F.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; COSTA, D. S. S.; AMORIM, A. F. de. Herança da inflorescência composta da cultivar de feijão-caupi Cacheado. **Ciência Agrotécnica**, v. 31, n. 5, p. 1347-1350, 2007.

MAGALHÃES, I. C. **Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)**: abstracts of brazilian literature 1903-1987. Ibadan: IITA; Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, [1988?]. p.25.

MARÉCHAL, R.; MASCHERPA, J. M.; STAINER, F. Etude taxonomique d'un groupe d'especies des genres Phaseolus et Vigna (Papilionaceae) sur la base des donnees morphologiques et polliques, traitees pour l'analyse informatique. **Boissiera** v. 28 p.1 -273, 1978.

MATOS FILHO, C. H. A. **Análise genética de caracteres relacionados à arquitetura de planta em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)**. 2006. 57 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) -Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI.

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

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

- NG, N. Q.; MARÉCHAL, R. Cowpea taxonomy, origin germoplasm. In: SINCH, S. R.; RACHIE, K. O., eds. **Cowpea research, production and utilization**. Chichester, John Wiley, 1985. p. 11-21.
- NTARE, B. R.; AKEN'OVA, M. E.; REDDEN, R. J.; SINGH, B. B. The effectiveness of early generation (F_3) yield testing and the single seed descent procedures in two cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) crosses. **Euphytica**. v. 33. p. 539 – 547, 1984a.
- NTARE, B. R.; AKEN'OVA, M. E.; REDDEN, R. J.; SINGH, B. B. Evaluation of early generation selection procedures for yield in cowpea (*VIGNA UNGUICULATA* (L.) WALP). **Field Crops Research**. Amsterdam, v. 9. p. 91 - 100, 1984b.
- 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.
- PADI, F. K. EHLERS, J. D. Effectiveness of early generation selection in cowpea for grain yield and agronomic characteristics in Semiarid West Africa. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 2, p. 533-540, 2008.
- PADULOSI, S.; NG, N. Q. Origin, taxonomy and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. In: SINGH, B. B., MOHAN RAJ, D. R., DASHIELL, K., JACKAI, L. E. N. (eds.). **Advances in Cowpea Research**. Co publication of International Institute of Tropical Agriculture (IITA) and Japan International Centre for Agricultural Sciences (JIRCAS), IITA, Ibadan, Nigeria. p. 1 -12, 1997.
- PAL, A.K.; SINGH, B.; MAURYA, A.N. Inbreeding depression in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Journal of Applied Horticulture**, v. 5, p.105-107, 2003.
- PAREDES, M. C.; HOSTFIELD, G. L. Estudio del habito de crecimiento, arquitectura de planta, precocidade y llenado de grano y su relation com el rendimiento em grano, em porotos. **Agricultura Tecnica**, v. 49, n. 2, p. 97-103, 1989.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15 ed. Piracicaba, 451 p., 2009.
- PIMENTEL GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações**. Piracicaba: FEALQ, 302 p., 2002.
- PROGRAMA GENES. Aplicativo computacional em genética e estatística experimental. Viçosa, MG: UFV, 2013. Disponível em www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm. Acesso em: 22 nov. 2013.
- RAMALHO, M. P. A.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. UFLA, Lavras. 522 p, 2012a.

RAMALHO, M. P. A.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. UFLA, Lavras. 328 p, 2012b.

RIBEIRO, H. L. C. **Estimação de parâmetros genéticos e análise de trilha para caracteres da arquitetura da planta de feijão caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)**. 2012. 76 p. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) - Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana.

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

ROSS, J. **The radiation regime and architecture of plant stands**. Spring, The Hague, The Netherlands, 1981. 391p. p. 9-11.

SAINT MARTIN, S. K.; GERALDI, I. O. Comparison of three procedures of early generations testing of soybean. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 3, p. 705 - 709, 2002.

SANTOS, J. B.; GAVILANES M. L. Botânica. In: VIEIRA, C.; PAULA JR., T.J.; BORÉM, A. (ed.). **Feijão**. 2 ed. Viçosa: UFV, 2006. 41-65 p.

SANTOS, C. A. F.; SANTOS, I. C. N. dos; RODRIGUES, M. A. Melhoramento genético do feijão caupi na Embrapa Semi-Árido. Petrolina: **Embrapa Semi-Árido**, 2007. 24 p. (Embrapa Semi-Árido. Documentos, 204).

SANTOS, J. F, dos.; GRANGEIRO, I. T. J.; BRITO, C. de.; SANTOS, M do. C. C. A. Produção e componentes produtivos de variedades de feijão-caupi na microrregião Cariri paraibano. **Engenharia Ambiental**, Espírito Santo do Pinhal, v. 6, n. 1, p. 214-222, jan-abr 2009.

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 cerrado-pantanal. **Cultivando o Saber**, v. 5, n. 4, p. 87-102, 2012

SAS INSTITUTE. **SAS® 9.2 Software**. Cary, 2014. Disponível em: <<http://support.sas.com/software/92/>>. Acesso em: 4 fev. 2014.

SEDIYAMA, T. **Tecnologia de produção de sementes de soja**. Londrina: Mecenias, 2013, 352 p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M.S. **Melhoramento de Soja**. In: BORÉM, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: ed. UFV, 1999, p. 488-533.

SEN, N. K.; BOWAL, J. G. Genetics of *Vigna sinensis* (L.) Savi. **Genetica**, v. 32, p. 247-266, 1961.

SILVA, J. A.; 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, jul-set, 2011.

SILVA, A.C. **Características agronômicas e qualidade de sementes de feijão-caupi em Vitória da Conquista, Bahia**. 2011. 87p. Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista, 2011.

SINGH, B. B. **The quiet revolution**. IITA Research Development (R4D) Review, Ibadan, Nigeria, 2010. Disponível em: <http://r4dreview.org/2010/09/the-quietrevolution>. Acesso em: 12/11/2012.

SINGH, B.B.; AJEIGBE, H.A.; TARAWALI, S.A.; FERNANDEZ-RIVERA, S.; ABUBAKAR, M. Improving the production and utilization of cowpea as food and fodder. **Field Crops Research**, v. 84, p.169-177, 2003.

SINGH, B. B.; SHARMA, B. Restructuring cowpea for higher yield. **Indian Journal o Genetics**, n. 56, v. 4. p. 389-405, 1996.

SINGH, K. B.; JINDLA, L. N. Inheritance of bud, pod color, pod attachment and growth habit in cowpeas. **Crop Science**, 11:928-929, 1971.

SOBRAL, P. V. C. **Caracterização morfo-agronômica e divergência genética entre acessos africanos de feijão-caupi**. 2009. 131 f. Dissertação (Mestrado) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Piauí, Piauí, 2009.

SOUSA, I.S. **Herança do comprimento do pedúnculo ramificado em feijão caupi e sua relação com a produtividade e seus componentes**. 2008. 89f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2008.

SOUZA, C. L. C. **Variabilidade, correlações e análise de trilha em Populações de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) para produção de grãos verdes**. 2005. 58 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2005.

STEELE, W. M, MEHRA, K. L. Structure, evolution and adaptation to farming system and inveronment in *Vigna*. In: SUMMERFIELD, D.R; BUNTING, A.H., eds. **Advances in legume science**. England, Royol Botanic Gardens, 1980. p. 459-468.

SUSSMILCH, F. **Genetic control of inflorescence development in pea**. 2014. Tese de Doutorado. University of Tasmania.

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

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

VAN SCHAIK, P. H.; PROBST, A. H. Effects of some environmental factors on flower production and reproductive efficiency in soybeans. **Agronomy Journal**, v. 50, p. 192-197, 1958.

VERDCOURT, B. Studies in the Leguminosae-Papilionoideae for the 'Flora of Tropical East Africa': IV, **Kewv Bulletin**, London, v. 24, p. 379-443, 1970.

ZIMMERMANN, F.J.P. **Estatística aplicada à pesquisa agrícola**. 2. ed. rev. amp. Brasília, DF: Embrapa; Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2014. 582 p.

ANEXOS

Anexo I – Sequência dos cruzamentos no avanço das gerações.

Código do cruzamento	Parentais	Geração F ₂		Nº de progênies selecionadas	Nº de plantas selecionadas
		Nº de plantas selecionadas	Nº das plantas Selecionadas	F _{2:3}	F _{3:4}
MNC11-1074	MNC06-882-2-2C-10-2-8-1-1-1 X [F4RC1 (BRS NOVAERA x TE97-309G-9) x BRS NOVAERA]	12	1 a 8 e de 385 a 388	6	20
MNC11-1075	MNC06-882-2-2C-10-2-3-1-1-1 X [F4RC1 (BRS NOVAERA x TE97-309G-9) x BRS NOVAERA]	52	9 a 56 e de 389 a 392	45	150
MNC11-1076	[F4RC1 (BRS NOVAERA x TE97-309G-9) x BRS NOVAERA] x MNC06-882-2-2C-10-2-3-1-1-1	100	57 a 151 e de 393 a 397	59	174
MNC11-1077	[F4RC1 (BRS NOVAERA x TE97-309G-9) x BRS NOVAERA] x MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-1	16	152 a 164 e de 398 a 400	4	10
MNC11-1078	MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-2 x [F4RC1 (BRS NOVAERA x TE97-309G-9) x BRS NOVAERA]	91	165 a 245 e de 401 a 410	28	66
MNC11-1079	[F4RC1 (BRS NOVAERA x TE97-309G-9) x BRS NOVAERA] x MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-2	78	246 a 319 e de 411 a 414	3	14
MNC11-1080	MNC06-882-2-2C-10-2-8-1-1 x MNC309G-9	33	320 a 352	8	19
MNC11-1081	MNC06-882-2-2C-10-2-8-1-1-1 x MNC309G-9	9	353 a 361	0	0
MNC11-1082	MNC06-882-2-2C-10-2-3-1-1-1 x MNC309G-9	18	362 a 379	0	0
MNC11-1083	MNC06-882-2-2C-10-2-69-1-1 x MNC309G-9	5	380 a 384	0	0
Total		414		153	453

Anexo II – Números recebidos por uma mesma progênie ao longo dos ensaios de seleção

Delineamentos	Sem delineamento	Blocos de Federer	Blocos de Federer	Látice	Látice
Ensaio	Geração F₂ - Ano	1° Ensaio - Ano 2012	2° Ensaio - Ano	3° Ensaio - Ano	4° Ensaio - Ano
Gerações	2011		2013.1	2013.2	2014
Código do	Nº da planta	F_{2:3}	F_{3:4}	F_{4:5}	F_{4:6}
cruzamento		Nº da progênie	Nº da progênie	Nº da progênie	Nº da progênie
MNC11-1075	10	10.2	89	52	52
MNC11-1075	11	11.5	120	20	20
MNC11-1075	13	13.3	139	11	11
MNC11-1075	15	15.1	152	43	43
MNC11-1075	21	21.3	131	60	60
MNC11-1075	22	22.1	311	23	23
MNC11-1075	26	26.4	102	57	57
MNC11-1075	28	28.2	480	1	1
MNC11-1075	28	28.3	199	2	2
MNC11-1075	28	28.4	341	38	38
MNC11-1075	28	28.5	360	21	21
MNC11-1075	30	30.3	23	54	54
MNC11-1075	31	31.5	73	44	44
MNC11-1075	37	37.2	33	18	18
MNC11-1075	38	38.1	80	50	50
MNC11-1075	44	44.1	59	14	14
MNC11-1075	44	44.2	77	51	51
MNC11-1075	46	46.2	235	31	31
MNC11-1075	46	46.3	255	30	30
MNC11-1075	51	51.5	7	33	33
MNC11-1075	53	53.1	78	17	17
MNC11-1075	9	9.2	39	5	5

Continua...

Delineamentos	Sem delineamento	Blocos de Federer	Blocos de Federer	Látice	Látice
Ensaio	Geração F₂ - Ano	1° Ensaio - Ano 2012	2° Ensaio - Ano	3° Ensaio - Ano	4° Ensaio - Ano
Gerações	2011	F_{2:3}	2013.1	2013.2	2014
Código do	Nº da planta	Nº da progênie	Nº da progênie	Nº da progênie	Nº da progênie
cruzamento					
		F_{4:5}	F_{3:4}	F_{4:5}	F_{4:6}
		Nº da progênie	Nº da progênie	Nº da progênie	Nº da progênie
MNC11-1076	98	98.4	46	4	4
MNC11-1076	76	76.5	16	6	6
MNC11-1076	98	98.3	28	7	7
MNC11-1076	62	62.3	65	8	8
MNC11-1076	68	68.2	95	9	9
MNC11-1076	68	68.3	8	10	10
MNC11-1076	68	68.4	17	12	12
MNC11-1076	94	94.5	321	15	15
MNC11-1076	116	116.5	477	19	19
MNC11-1076	134	134.1	193	22	22
MNC11-1076	98	98.1	9	25	25
MNC11-1076	77	77.3	57	26	26
MNC11-1076	68	68.5	27	27	27
MNC11-1076	89	89.1	195	34	34
MNC11-1076	105	105.1	355	35	35
MNC11-1076	88	88.1	434	36	36
MNC11-1076	119	119.1	214	39	39
MNC11-1076	143	143.1	224	40	40
MNC11-1076	60	60.5	29	45	45
MNC11-1076	98	98.2	19	47	47
MNC11-1076	79	79.1	274	48	48
MNC11-1076	106	106.1	215	49	49
MNC11-1076	75	75.1	400	53	53

Continua...

Ensaio Gerações Código do cruzamento	Geração F₂ - Ano 2011 Nº da planta	1º Ensaio - Ano 2012 F_{2:3} Nº da progênie	2º Ensaio - Ano 2013.1 F_{3:4} Nº da progênie	3º Ensaio - Ano 2013.2 F_{4:5} Nº da progênie	4º Ensaio - Ano 2014 F_{4:6} Nº da progênie
MNC11-1076	77	77.5	69	55	55
MNC11-1076	66	66.2	267	56	56
MNC11-1076	131	131.1	346	59	59
MNC11-1078	179	179.1	217	3	3
MNC11-1078	404	404.1	197	13	13
MNC11-1078	178	178.2	339	16	16
MNC11-1078	215	215.1	179	24	24
MNC11-1078	195	195.1	403	28	28
MNC11-1078	195	195.2	330	41	41
MNC11-1078	216	216.1	354	42	42
MNC11-1078	190	190.4	332	46	46
MNC11-1079	275	275.1	273	32	32
MNC11-1079	303	303	353	37	37
MNC11-1080	330	330.4	326	29	29
MNC11-1080	329	329.2	271	58	58

Anexo III – Médias ajustadas das progênes, das testemunhas, geral e das 15 melhores progênes, por caráter, do ensaio com a geração F_{4:5}.

Tratamento	NDIF (dia)		NDIM (dia)		CPV (cm)		NGV		P100G (g)		CPP (cm)		NPP		NVPP		PROD (g/2,4 m²)	
1	39,23	c	57,99	b	15,85	d	12,14	b	17,07	e	33,13	a	8,90	c	2,21	c	343,96	d
2	38,39	c	57,03	a	15,34	d	13,56	a	15,61	e	37,83	b	9,55	c	1,87	d	458,19	c
3	36,70	b	58,68	b	18,17	b	11,83	b	19,48	c	47,85	d	12,21	b	2,39	b	536,61	b
4	39,19	c	58,95	b	18,04	c	12,33	a	13,74	f	38,35	b	15,63	b	3,03	a	473,39	c
5	39,79	c	57,29	a	19,87	a	12,68	a	16,56	e	38,64	b	12,60	b	2,13	c	446,05	c
6	38,57	c	57,35	a	19,25	b	10,75	b	18,10	d	44,80	d	7,77	c	1,95	d	499,93	c
7	40,63	d	58,54	b	16,76	d	15,59	a	14,03	f	44,43	d	12,56	b	2,87	a	480,84	c
8	37,80	b	56,60	a	17,53	c	11,38	b	20,69	c	37,90	b	12,81	b	2,85	a	612,84	b
9	35,78	a	55,59	a	18,44	b	12,79	a	16,26	e	41,78	c	7,88	c	2,44	b	607,25	b
10	37,42	b	55,45	a	19,18	b	12,68	a	12,97	f	40,96	c	9,73	c	1,93	d	622,96	b
11	38,53	c	56,33	a	17,45	c	14,03	a	17,41	e	41,63	c	9,15	c	2,01	c	520,51	b
12	40,35	d	60,61	c	20,68	a	13,12	a	23,55	b	45,06	d	11,78	b	2,07	c	611,25	b
13	40,45	d	56,99	a	19,75	a	15,08	a	17,23	e	43,06	c	10,59	c	1,90	d	383,92	d
14	40,63	d	58,12	b	18,33	b	11,89	b	16,21	e	42,89	c	9,55	c	2,02	c	560,23	b
15	42,06	d	60,46	c	19,08	b	12,30	a	17,94	d	48,02	d	10,98	c	2,62	b	558,64	b
16	39,25	c	58,15	b	18,69	b	12,67	a	19,25	c	47,47	d	11,30	b	2,43	b	704,18	a
17	38,91	c	58,29	b	17,33	c	11,71	b	20,09	c	37,38	b	10,04	c	2,43	b	541,55	b
18	39,45	c	57,86	b	16,18	d	10,49	b	18,82	d	36,07	b	12,17	b	1,92	d	411,56	d
19	39,80	c	60,90	c	20,15	a	11,96	b	16,34	e	49,00	e	13,05	b	2,58	b	313,46	e
20	39,18	c	57,03	a	17,49	c	12,01	b	12,56	f	37,42	b	10,88	c	2,04	c	375,41	d
21	40,32	d	59,19	c	15,38	d	11,41	b	17,83	d	36,58	b	12,81	b	2,21	c	361,72	d
22	41,78	d	57,53	b	16,02	d	11,61	b	14,51	f	40,57	c	9,23	c	2,26	c	364,91	d
23	40,99	d	59,58	c	16,57	d	11,91	b	15,73	e	40,66	c	11,01	c	2,87	a	456,47	c
24	38,82	c	58,56	b	18,45	b	10,99	b	18,12	d	46,44	d	8,56	c	3,00	a	421,36	c
25	38,22	c	56,80	a	16,68	d	12,07	b	13,17	f	39,26	c	10,54	c	2,10	c	446,11	c

Continua...

Anexo III – Médias ajustadas das progênes, das testemunhas, geral e das 15 melhores progênes, por caráter, do ensaio com a geração F_{4:5}.

Tratamento	NDIF (dia)		NDIM (dia)		CPV (cm)		NGV		P100G (g)		CPP (cm)		NPP		NVPP		PROD (g/2,4 m ²)	
26	39,45	c	59,74	c	17,82	c	10,69	b	19,57	c	41,18	c	12,64	b	2,32	b	681,75	a
27	39,06	c	58,87	b	20,66	a	14,49	a	16,12	e	46,08	d	13,45	b	2,41	b	620,16	b
28	42,20	d	59,08	c	17,08	c	10,78	b	16,37	e	41,43	c	14,74	b	2,77	a	109,86	f
29	39,12	c	58,75	b	17,83	c	14,18	a	13,28	f	39,86	c	7,76	c	2,43	b	261,27	e
30	39,85	c	57,04	a	18,77	b	11,46	b	17,13	e	39,65	c	7,73	c	2,37	b	607,13	b
31	38,84	c	58,62	b	19,09	b	11,97	b	16,57	e	40,34	c	9,32	c	2,41	b	569,20	b
32	39,20	c	57,06	a	16,48	d	13,09	a	15,99	e	42,09	c	18,16	a	2,32	b	442,10	c
33	38,63	c	59,56	c	17,49	c	14,92	a	20,22	c	46,90	d	11,61	b	2,25	c	789,41	a
34	40,65	d	59,48	c	18,76	b	10,68	b	20,51	c	41,86	c	9,17	c	2,22	c	477,97	c
35	41,00	d	59,78	c	19,57	a	9,33	c	19,65	c	42,21	c	12,12	b	1,84	d	477,73	c
36	38,85	c	57,49	b	19,94	a	13,09	a	19,43	c	43,80	d	12,58	b	1,84	d	646,19	b
37	39,98	c	60,96	c	19,10	b	11,84	b	18,62	d	44,86	d	23,50	a	2,24	c	456,27	c
38	40,77	d	61,29	c	17,27	c	9,07	c	18,49	d	44,02	d	14,69	b	2,40	b	474,59	c
39	38,57	c	58,02	b	18,64	b	11,18	b	18,17	d	48,13	d	15,79	b	2,20	c	590,98	b
40	36,19	a	58,84	b	19,03	b	9,41	c	25,74	a	40,25	c	10,26	c	2,24	c	551,29	b
41	39,88	c	59,06	c	16,48	d	9,38	c	18,03	d	44,47	d	13,64	b	2,16	c	517,17	b
42	37,12	b	57,07	a	18,97	b	11,12	b	21,74	b	51,26	e	22,34	a	2,70	a	438,65	c
43	40,05	c	62,64	d	18,60	b	12,83	a	14,74	f	46,45	d	11,73	b	2,42	b	338,36	d
44	40,38	d	59,66	c	17,12	c	12,88	a	15,63	e	45,69	d	15,84	b	2,03	c	745,02	a
45	38,95	c	56,76	a	18,75	b	12,12	b	17,71	d	41,04	c	6,75	c	2,53	b	692,80	a
46	38,52	c	57,82	b	20,33	a	13,82	a	20,05	c	43,48	c	9,92	c	2,11	c	490,10	c
47	42,39	d	62,79	d	17,31	c	13,28	a	15,44	e	45,26	d	11,00	c	3,03	a	537,30	b
48	40,23	d	62,88	d	18,90	b	12,37	a	19,23	c	50,05	e	17,79	a	2,87	a	592,32	b
49	37,14	b	59,83	c	18,71	b	12,42	a	14,93	f	45,35	d	7,69	c	1,79	d	525,22	b
50	39,28	c	58,24	b	17,45	c	13,36	a	16,14	e	41,39	c	11,77	b	2,34	b	636,25	b

Continua...

Anexo III – Médias ajustadas das progênes, das testemunhas, geral e das 15 melhores progênes, por caráter, do ensaio com a geração F_{4:5}.

Tratamento	NDIF (dia)		NDIM (dia)		CPV (cm)		NGV		P100G (g)		CPP (cm)		NPP		NVPP		PROD (g/2,4 m ²)	
51	39,46	c	59,98	c	17,80	c	14,03	a	16,97	e	39,62	c	13,72	b	2,39	b	583,59	b
52	39,03	c	57,73	b	19,64	a	10,96	b	17,57	d	41,45	c	11,98	b	2,28	b	577,75	b
53	38,34	c	57,02	a	18,55	b	14,40	a	12,89	f	40,07	c	8,90	c	2,56	b	439,85	c
54	41,32	d	63,50	d	16,07	d	7,83	c	17,65	d	51,24	e	1,84	d	2,61	b	304,92	e
55	40,26	d	58,26	b	17,72	c	11,15	b	19,30	c	41,62	c	14,35	b	1,83	d	476,27	c
56	39,02	c	58,38	b	19,53	a	12,12	b	19,52	c	51,49	e	12,05	b	2,66	a	769,06	a
57	43,03	d	60,80	c	19,25	b	13,57	a	14,44	f	52,62	e	9,92	c	2,46	b	474,77	c
58	41,34	d	59,70	c	17,27	c	10,99	b	15,14	e	56,22	f	9,52	c	2,10	c	141,76	f
59	39,35	c	58,33	b	20,88	a	14,88	a	18,16	d	42,36	c	3,26	d	2,50	b	374,43	d
60	35,94	a	58,01	b	18,51	b	13,99	a	15,69	e	46,85	d	7,60	c	2,56	b	520,27	b
61	34,25	a	55,00	a	18,24	b	11,23	b	19,70	c	33,72	a	5,90	c	1,75	d	560,02	b
62	37,22	b	54,95	a	20,35	a	10,88	b	24,64	a	38,94	b	9,87	c	1,98	c	630,65	b
63	37,96	b	56,67	a	21,31	a	12,88	a	19,91	c	38,50	b	15,90	b	1,48	d	628,84	b
64	35,42	a	55,76	a	20,24	a	14,19	a	19,99	c	45,91	d	10,57	c	1,45	d	635,57	b
MGP⁽¹⁾	39,41		58,70		18,20		12,16		17,34		43,30		11,13		2,33		500,75	
MPS⁽²⁾	37,54		56,76		19,85		14,20		20,59		38,14		15,83		2,77		662,57	
MGT⁽³⁾	36,20		55,59		20,03		12,26		21,06		39,26		10,26		1,66		613,77	
MGE⁽⁴⁾	39,21		58,51		18,32		12,16		17,57		43,04		11,08		2,28		507,81	

⁽¹⁾Média geral das progênes (MGP); ⁽²⁾Média das 15 progênes selecionadas por caráter (MPS); ⁽³⁾Média geral das testemunhas (MGT); ⁽⁴⁾Média geral dos ensaios (MGE).

Anexo IV – Médias ajustadas das progênes, das testemunhas, geral e das 15 melhores progênes, por caráter, do ensaio com a geração F_{4:6}.

Tratamento	NDIF (dia)		NDIM (dia)		CPV (cm)		NGV		P100G (g)		CPP (cm)		NPP		NVPP		PROD (g/2,4 m²)	
1	41,97	c	62,53	c	17,45	c	11,57	b	16,94	c	41,33	c	10,62	a	2,87	a	286,24	d
2	42,73	b	62,99	b	16,68	c	11,90	b	15,44	c	34,44	d	9,86	a	2,84	a	348,03	c
3	41,82	c	62,75	c	14,38	d	7,22	d	20,49	a	40,97	c	13,66	a	2,71	a	331,96	c
4	41,97	c	62,26	d	17,32	c	14,29	a	18,24	b	36,72	d	9,28	a	1,98	c	325,27	c
5	41,03	d	62,09	d	17,67	c	10,77	b	21,12	a	40,29	c	7,28	a	1,97	c	263,32	d
6	41,93	c	62,10	d	20,21	a	11,29	b	19,69	b	32,60	d	11,98	a	2,54	b	372,51	b
7	42,74	b	62,19	d	15,49	d	12,14	a	15,19	d	41,95	c	7,07	a	2,66	b	260,99	d
8	40,90	d	62,65	c	17,10	c	10,84	b	18,01	b	46,63	b	16,09	a	2,74	a	360,87	b
9	41,44	d	61,96	d	17,60	c	11,55	b	16,62	c	40,12	c	9,17	a	3,07	a	360,89	b
10	41,45	d	62,13	d	18,22	b	10,67	b	14,63	d	37,03	d	11,64	a	2,26	b	356,56	b
11	41,86	c	62,09	d	15,46	d	9,89	c	18,40	b	38,50	d	11,90	a	2,35	b	279,46	d
12	41,60	d	63,15	b	16,19	c	6,78	d	21,09	a	42,42	c	11,81	a	2,94	a	393,14	b
13	41,97	c	62,09	d	17,28	c	9,72	c	20,25	a	50,91	a	10,24	a	2,63	b	340,50	c
14	43,28	b	63,09	b	17,42	c	9,51	c	19,81	b	38,92	d	13,10	a	2,82	a	389,74	b
15	41,81	c	62,66	c	17,01	c	10,00	c	16,27	c	48,86	a	14,84	a	3,22	a	424,13	a
16	41,23	d	62,18	d	16,23	c	9,82	c	19,19	b	42,35	c	11,98	a	2,77	a	368,04	b
17	42,14	c	62,81	c	17,06	c	10,14	c	18,64	b	38,95	d	10,67	a	2,51	b	374,17	b
18	42,12	c	61,94	d	17,67	c	10,90	b	16,12	c	37,57	d	11,69	a	2,34	b	315,94	c
19	43,21	b	62,25	d	15,67	d	6,54	d	16,72	c	41,57	c	11,27	a	2,27	b	335,87	c
20	42,65	b	62,29	d	15,17	d	9,89	c	14,16	d	39,47	c	9,51	a	2,56	b	273,85	d
21	42,25	c	61,97	d	18,77	b	10,98	b	16,19	c	40,18	c	13,25	a	2,89	a	333,10	c
22	41,70	c	61,90	d	15,22	d	8,88	c	18,76	b	36,83	d	9,68	a	2,91	a	321,80	c
23	43,15	b	62,70	c	14,16	d	11,62	b	14,39	d	38,46	d	12,77	a	2,56	b	342,07	c
24	41,41	d	62,16	d	16,57	c	8,78	c	18,83	b	44,36	b	11,42	a	3,25	a	333,60	c
25	42,34	c	61,97	d	15,15	d	9,32	c	17,65	b	41,79	c	9,47	a	2,61	b	307,75	c

Continua...

Anexo IV – Médias ajustadas das progênies, das testemunhas, geral e das 15 melhores progênies, por caráter, do ensaio com a geração F_{4:6}.

Tratamento	NDIF (dia)		NDIM (dia)		CPV (cm)		NGV		P100G (g)		CPP (cm)		NPP		NVPP		PROD (g/2,4 m²)	
26	43,76	a	62,80	c	16,62	c	9,56	c	17,81	b	35,58	d	15,35	a	1,72	c	338,90	c
27	42,13	c	62,71	c	19,18	b	11,73	b	19,32	b	43,40	c	14,82	a	2,14	c	352,08	b
28	41,84	c	62,15	d	16,50	c	10,48	b	17,33	c	41,92	c	10,87	a	3,30	a	291,83	d
29	41,77	c	61,89	d	18,72	b	14,33	a	17,42	c	41,77	c	10,88	a	2,66	b	282,13	d
30	42,17	c	61,68	d	16,46	c	12,48	a	15,06	d	39,86	c	10,73	a	2,58	b	434,49	a
31	42,17	c	61,96	d	16,65	c	11,82	b	16,12	c	41,82	c	12,14	a	2,07	c	423,92	a
32	41,43	d	62,54	c	15,77	d	8,25	d	19,33	b	41,70	c	14,59	a	2,46	b	306,83	c
33	44,24	a	63,47	b	18,02	b	13,12	a	18,95	b	51,48	a	14,95	a	2,52	b	400,95	a
34	43,05	b	64,29	a	19,02	b	12,08	a	19,65	b	46,27	b	13,68	a	2,88	a	361,57	b
35	43,11	b	63,43	b	18,50	b	10,85	b	20,13	a	41,94	c	11,95	a	2,90	a	381,00	b
36	42,87	b	63,21	b	17,48	c	13,08	a	19,70	b	50,87	a	12,17	a	2,14	c	347,48	c
37	41,48	d	62,01	d	17,04	c	8,14	d	19,14	b	42,73	c	10,75	a	2,69	a	420,13	a
38	42,76	b	63,91	a	18,10	b	14,05	a	18,26	b	48,23	a	9,90	a	2,54	b	345,07	c
39	42,41	c	64,10	a	18,56	b	12,19	a	18,97	b	47,88	a	13,50	a	2,73	a	339,61	c
40	41,62	d	62,13	d	18,20	b	8,12	d	23,42	a	41,69	c	11,98	a	2,58	b	372,21	b
41	41,87	c	62,41	c	16,50	c	8,09	d	20,90	a	45,20	b	12,14	a	2,84	a	319,25	c
42	40,19	e	61,87	d	15,07	d	8,20	d	18,33	b	45,61	b	12,36	a	3,09	a	335,46	c
43	42,23	c	62,11	d	16,81	c	11,20	b	12,82	e	38,18	d	9,95	a	2,69	a	338,17	c
44	42,62	b	62,90	c	16,79	c	12,38	a	17,81	b	42,94	c	8,21	a	2,70	a	371,84	b
45	41,15	d	62,10	d	17,76	c	10,09	c	19,06	b	35,98	d	11,33	a	2,38	b	381,08	b
46	42,10	c	62,76	c	16,86	c	10,96	b	19,67	b	43,88	b	13,12	a	2,45	b	391,63	b
47	44,75	a	63,56	b	16,40	c	11,70	b	15,54	c	36,90	d	9,88	a	2,06	c	264,39	d
48	43,04	b	63,86	a	17,51	c	10,61	b	16,20	c	45,89	b	15,82	a	2,75	a	359,40	b
49	44,41	a	64,43	a	19,04	b	13,23	a	17,66	b	39,32	c	18,43	a	2,32	b	321,22	c
50	42,10	c	61,76	d	16,56	c	10,46	b	16,48	c	40,78	c	13,07	a	2,91	a	378,08	b

Continua...

Anexo IV – Médias ajustadas das progênieis, das testemunhas, geral e das 15 melhores progênieis, por caráter, do ensaio com a geração F_{4:6}.

Tratamento	NDIF (dia)		NDIM (dia)		CPV (cm)		NGV		P100G (g)		CPP (cm)		NPP		NVPP		PROD (g/2,4 m²)	
51	41,69	c	61,74	d	17,29	c	12,54	a	15,51	c	36,97	d	9,40	a	2,28	b	405,57	a
52	41,82	c	61,97	d	16,73	c	9,72	c	15,00	d	37,33	d	10,70	a	2,52	b	322,97	c
53	41,16	d	62,04	d	14,05	d	8,76	c	12,00	e	42,28	c	12,36	a	2,84	a	263,25	d
54	42,17	c	62,13	d	17,47	c	12,56	a	16,37	c	49,32	a	11,70	a	2,40	b	324,84	c
55	42,13	c	62,04	d	16,62	c	9,64	c	16,07	c	37,77	d	10,63	a	2,60	b	314,27	c
56	42,21	c	62,85	c	17,44	c	9,44	c	17,02	c	42,95	c	15,95	a	2,02	c	356,86	b
57	42,50	c	63,16	b	16,87	c	10,15	c	14,97	d	41,14	c	11,54	a	2,35	b	370,04	b
58	42,14	c	64,08	a	17,54	c	11,79	b	18,18	b	50,29	a	12,45	a	2,52	b	314,99	c
59	40,70	d	61,96	d	17,13	c	10,59	b	17,07	c	44,61	b	10,69	a	2,13	c	363,92	b
60	42,07	c	61,81	d	17,36	c	12,33	a	14,74	d	42,47	c	10,72	a	2,30	b	317,89	c
61	36,59	g	59,83	f	20,47	a	10,19	c	20,47	a	37,76	d	14,97	a	1,77	c	429,06	a
62	38,31	f	60,75	e	20,57	a	11,27	b	21,69	a	36,77	d	13,04	a	1,70	c	332,06	c
63	38,12	f	57,93	g	20,04	a	10,85	b	20,58	a	35,41	d	13,43	a	1,27	d	421,56	a
64	39,47	e	58,54	g	20,11	a	11,40	b	16,60	c	46,39	b	16,30	a	1,22	d	355,56	b
MGP⁽¹⁾	42,17		62,54		17,00		10,59		17,58		41,84		11,72		2,56		343,55	
MPS⁽²⁾	41,22		61,94		18,51		12,82		20,25		36,72		14,75		2,99		396,18	
MGT⁽³⁾	38,12		59,26		20,30		10,92		19,83		39,08		14,41		1,48		384,56	
MGE⁽⁴⁾	41,91		62,34		17,20		10,61		17,72		41,66		11,88		2,48		346,11	

⁽¹⁾Média geral das progênieis (MGP); ⁽²⁾Média das 15 progênieis selecionadas por caráter (MPS); ⁽³⁾Média geral das testemunhas (MGT); ⁽⁴⁾Média geral dos ensaios (MGE).

Anexo V – Médias ajustadas das progênies, das testemunhas, geral e das 15 melhores progênies, por caráter, dos ensaio com as gerações F_{4:5} e F_{4:6}, obtidas da análise conjunta.

Tratamento	NDIF (dia)		NDIM (dia)		CPV (cm)		NGV		P100G (g)		CPP (cm)		NPP		NVPP		PROD (g/2,4 m ²)	
1	40,59	a	60,24	a	16,65	b	11,85	a	17,01	c	37,23	b	9,74	a	2,53	a	315,10	a
2	40,53	a	59,97	a	16,01	b	12,72	a	15,53	c	36,14	b	9,70	a	2,33	a	403,11	a
3	39,22	b	60,70	a	16,28	b	9,38	a	19,98	b	44,41	a	12,93	a	2,55	a	434,29	a
4	40,57	a	60,60	a	17,68	b	13,29	a	15,99	c	37,53	b	12,25	a	2,48	a	399,33	a
5	40,41	a	59,67	a	18,77	a	11,71	a	18,84	b	39,47	b	9,76	a	2,05	a	354,69	a
6	40,23	a	59,70	a	19,73	a	11,01	a	18,90	b	38,70	b	9,76	a	2,23	a	436,22	a
7	41,68	a	60,35	a	16,13	b	13,81	a	14,61	c	43,19	a	9,62	a	2,76	a	370,91	a
8	39,33	b	59,59	a	17,31	b	11,11	a	19,35	b	42,27	b	14,40	a	2,80	a	486,86	a
9	38,56	b	58,74	a	18,02	a	12,16	a	16,44	c	40,95	b	8,51	a	2,75	a	484,07	a
10	39,41	b	58,74	a	18,70	a	11,65	a	13,80	c	39,00	b	10,66	a	2,09	a	489,76	a
11	40,18	a	59,17	a	16,45	b	11,87	a	17,90	b	40,06	b	10,48	a	2,18	a	399,99	a
12	40,97	a	61,87	a	18,44	a	9,69	a	22,32	a	43,74	a	11,80	a	2,49	a	502,19	a
13	41,21	a	59,51	a	18,52	a	12,25	a	18,74	b	46,98	a	10,41	a	2,25	a	362,21	a
14	41,94	a	60,58	a	17,88	a	10,67	a	18,01	b	40,90	b	11,25	a	2,41	a	474,99	a
15	41,94	a	61,56	a	18,05	a	11,12	a	17,11	c	48,44	a	12,84	a	2,91	a	491,38	a
16	40,24	a	60,15	a	17,46	b	11,20	a	19,22	b	44,91	a	11,63	a	2,60	a	536,11	a
17	40,51	a	60,53	a	17,19	b	10,91	a	19,36	b	38,16	b	10,35	a	2,47	a	457,86	a
18	40,78	a	59,88	a	16,93	b	10,69	a	17,47	c	36,82	b	11,93	a	2,13	a	363,75	a
19	41,49	a	61,57	a	17,91	a	9,05	a	16,53	c	45,28	a	12,14	a	2,42	a	324,67	a
20	40,89	a	59,63	a	16,33	b	10,92	a	13,36	c	38,45	b	10,18	a	2,29	a	324,63	a
21	41,28	a	60,57	a	17,08	b	11,19	a	17,01	c	38,38	b	13,03	a	2,54	a	347,41	a
22	41,74	a	59,70	a	15,62	b	10,20	a	16,64	c	38,70	b	9,46	a	2,57	a	343,35	a
23	42,06	a	61,13	a	15,37	b	11,77	a	15,06	c	39,56	b	11,87	a	2,71	a	399,27	a
24	40,10	a	60,35	a	17,51	b	9,85	a	18,48	b	45,40	a	9,94	a	3,12	a	377,48	a
25	40,26	a	59,36	a	15,92	b	10,65	a	15,41	c	40,53	b	10,00	a	2,35	a	376,93	a

Continua...

Anexo V – Médias ajustadas das progênies, das testemunhas, geral e das 15 melhores progênies, por caráter, dos ensaio com as gerações F_{4:5} e F_{4:6}, obtidas da análise conjunta

Tratamento	NDIF (dia)		NDIM (dia)		CPV (cm)		NGV		P100G (g)		CPP (cm)		NPP		NVPP		PROD (g/2,4 m ²)	
26	41,58	a	61,26	a	17,22	b	10,12	a	18,69	b	38,38	b	13,96	a	2,01	a	510,33	a
27	40,58	a	60,77	a	19,92	a	13,07	a	17,72	b	44,74	a	14,12	a	2,27	a	486,12	a
28	42,02	a	60,61	a	16,79	b	10,63	a	16,85	c	41,67	b	12,73	a	3,03	a	200,84	a
29	40,44	a	60,31	a	18,27	a	14,25	a	15,35	c	40,81	b	9,25	a	2,54	a	271,70	a
30	41,00	a	59,34	a	17,62	b	11,97	a	16,10	c	39,75	b	9,17	a	2,48	a	520,81	a
31	40,49	a	60,28	a	17,87	a	11,90	a	16,34	c	41,08	b	10,68	a	2,24	a	496,56	a
32	40,31	a	59,77	a	16,13	b	10,53	a	17,66	b	41,89	b	16,33	a	2,39	a	374,46	a
33	41,39	a	61,50	a	17,75	b	14,00	a	19,58	b	49,19	a	13,23	a	2,39	a	595,18	a
34	41,84	a	61,86	a	18,89	a	11,37	a	20,08	b	44,06	a	11,31	a	2,54	a	419,77	a
35	42,05	a	61,59	a	19,04	a	10,07	a	19,89	b	42,08	b	12,03	a	2,34	a	429,36	a
36	40,84	a	60,31	a	18,71	a	13,08	a	19,56	b	47,34	a	12,38	a	1,99	a	496,83	a
37	40,73	a	61,49	a	18,07	a	9,90	a	18,88	b	43,79	a	16,51	a	2,46	a	438,20	a
38	41,76	a	62,59	a	17,68	b	11,42	a	18,38	b	46,13	a	12,18	a	2,47	a	409,83	a
39	40,47	a	61,02	a	18,60	a	11,68	a	18,57	b	48,00	a	14,63	a	2,46	a	465,30	a
40	38,86	b	60,47	a	18,61	a	8,75	a	24,58	a	40,97	b	11,10	a	2,41	a	461,75	a
41	40,87	a	60,72	a	16,49	b	8,73	a	19,46	b	44,84	a	12,88	a	2,49	a	418,21	a
42	38,64	b	59,45	a	17,02	b	9,60	a	20,04	b	48,43	a	16,99	a	2,89	a	387,05	a
43	41,13	a	62,38	a	17,71	b	12,00	a	13,78	c	42,31	b	10,82	a	2,55	a	338,27	a
44	41,50	a	61,27	a	16,96	b	12,63	a	16,72	c	44,32	a	11,72	a	2,36	a	558,43	a
45	40,04	a	59,40	a	18,26	a	11,08	a	18,39	b	38,51	b	8,89	a	2,45	a	536,94	a
46	40,29	a	60,26	a	18,59	a	12,35	a	19,86	b	43,68	a	11,46	a	2,28	a	440,86	a
47	43,57	a	63,18	a	16,85	b	12,48	a	15,49	c	41,08	b	10,43	a	2,52	a	400,85	a
48	41,62	a	63,37	a	18,20	a	11,47	a	17,71	b	47,97	a	16,79	a	2,81	a	475,86	a
49	40,69	a	62,11	a	18,87	a	12,82	a	16,29	c	42,33	b	12,49	a	2,05	a	423,22	a
50	40,68	a	59,99	a	17,00	b	11,87	a	16,31	c	41,09	b	12,41	a	2,62	a	507,16	a

Continua...

Anexo V – Médias ajustadas das progênies, das testemunhas, geral e das 15 melhores progênies, por caráter, dos ensaio com as gerações F_{4:5} e F_{4:6}, obtidas da análise conjunta.

Tratamento	NDIF (dia)	NDIM (dia)	CPV (cm)	NGV	P100G (g)	CPP (cm)	NPP	NVPP	PROD (g/2,4 m ²)									
51	40,57	a	60,85	a	17,55	b	13,27	a	16,24	c	38,30	b	11,46	a	2,34	a	494,58	a
52	40,41	a	59,83	a	18,19	a	10,33	a	16,29	c	39,39	b	11,33	a	2,40	a	450,36	a
53	39,74	a	59,50	a	16,30	b	11,41	a	12,45	c	41,17	b	10,56	a	2,70	a	351,55	a
54	41,74	a	62,81	a	16,77	b	10,06	a	17,01	c	50,28	a	5,70	a	2,50	a	314,88	a
55	41,19	a	60,13	a	17,17	b	10,38	a	17,69	b	39,69	b	12,42	a	2,20	a	395,27	a
56	40,60	a	60,59	a	18,49	a	10,74	a	18,27	b	47,22	a	13,93	a	2,33	a	562,96	a
57	42,76	a	61,98	a	18,06	a	11,80	a	14,70	c	46,88	a	10,72	a	2,40	a	422,40	a
58	41,74	a	61,87	a	17,41	b	11,39	a	16,66	c	53,25	a	10,93	a	2,30	a	228,37	a
59	40,02	a	60,13	a	19,01	a	12,64	a	17,61	b	43,49	a	6,44	a	2,31	a	369,18	a
60	38,95	b	59,90	a	17,94	a	13,15	a	15,21	c	44,66	a	9,09	a	2,42	a	419,08	a
61	35,41	c	57,39	a	19,35	a	10,70	a	20,08	b	35,74	b	9,92	a	1,76	a	494,54	a
62	37,76	b	57,82	a	20,46	a	11,07	a	23,16	a	37,85	b	11,40	a	1,84	a	481,35	a
63	38,04	b	57,30	a	20,68	a	11,84	a	20,24	b	36,95	b	14,64	a	1,37	a	525,20	a
64	37,42	b	57,14	a	20,18	a	12,75	a	18,29	b	46,15	a	13,28	a	1,33	a	495,56	a
MGP⁽¹⁾	40,78		60,61		17,60		11,36		17,46		42,57		11,42		2,44		422,15	
MPS⁽²⁾	39,56		59,44		18,86		13,03		20,07		38,21		14,29		2,76		519,07	
MGT⁽³⁾	37,15		57,41		20,17		11,58		20,44		39,17		12,24		1,57		499,16	
MGE⁽⁴⁾	40,55		60,41		17,76		11,37		17,64		42,35		11,47		2,38		426,96	

⁽¹⁾Média geral das progênies (MGP); ⁽²⁾Média das 15 progênies selecionadas por caráter (MPS); ⁽³⁾Média geral das testemunhas (MGT); ⁽⁴⁾Média geral dos ensaios (MGE).

Anexo VI - Progênies com inflorescência composta selecionadas⁽¹⁾

Progênies/testemunhas Progênies	Número da Progênie ⁽²⁾	NDIF	NDIM	CPV	NGV	P100G	CPP	NPP	NVPP	PROD	
MNC11-1075B-28-3-2 ⁽³⁾	2	40,4	d 59,9	b 16,0	d 12	a 15,5	f 36,2	9,70	2,85	402,2	d
MNC11-1076B-98-4-4	4	40,7	d 60,6	c 17,6	c 13	a 15,9	e 37,3	12,18	2,44	397,5	d
MNC11-1076B-76-5-6 ⁽³⁾	6	40,2	d 59,8	b 19,9	a 11	b 18,8	d 38,7	9,75	2,20	436,8	c
MNC11-1076B-62-3-8 ⁽³⁾	8	39,3	c 59,5	b 17,5	c 11	b 19,1	d 42,6	14,40	2,76	492,0	b
MNC11-1076B-68-2-9	9	38,6	c 58,8	b 18,0	b 12	a 16,4	e 41,1	8,31	2,73	482,6	b
MNC11-1076B-68-3-10 ⁽³⁾	10	39,5	c 58,8	b 18,7	b 12	a 13,9	g 39,0	10,66	2,09	490,5	b
MNC11-1075B-13-3-11	11	40,1	d 58,9	b 16,4	d 12	a 17,8	e 40,3	10,47	2,21	404,7	d
MNC11-1075B-53-1-17	17	40,6	d 60,8	c 17,1	c 11	b 19,3	c 38,3	10,35	2,49	461,2	c
MNC11-1075B-11-5-20 ⁽³⁾	20	40,9	d 59,5	b 16,1	d 11	b 13,4	g 38,3	10,18	2,27	322,2	f
MNC11-1076B-134-1-22	22	41,6	e 59,7	b 15,6	d 10	b 16,7	e 38,5	9,45	2,58	341,1	e
MNC11-1075B-22-1-23	23	42,0	e 61,1	c 15,3	d 12	a 15,3	f 39,4	11,87	2,69	400,2	d
MNC11-1076B-98-1-25	25	40,3	d 59,4	b 16,0	d 11	b 15,3	f 40,6	10,00	2,39	375,8	e
MNC11-1078B-195-1-28	28	41,8	e 60,4	b 17,0	c 11	b 16,8	e 41,8	12,73	3,01	205,5	g
MNC11-1075B-46-3-30	30	41,0	d 59,4	b 17,6	c 12	a 16,1	e 39,9	9,16	2,49	520,8	a
MNC11-1076B-60-5-45	45	40,1	d 59,4	b 18,2	b 11	b 18,4	d 38,8	11,10	2,49	535,0	a
MNC11-1075B-10-2-52	52	40,3	d 59,7	b 18,2	b 10	b 16,3	e 39,2	11,33	2,38	447,1	c
MNC11-1076B-75-1-53	53	39,8	d 59,5	b 16,3	d 11	a 12,5	g 41,2	11,55	2,71	350,0	e
MNC11-1076B-68-4-12 ⁽³⁾	12	41,0	d 61,8	d 18,4	b 10	c 22,1	b 43,9	11,79	2,41	503,6	b
MNC11-1075B-44-1-14 ⁽³⁾	14	41,9	e 60,8	c 17,9	b 11	b 18,0	d 41,1	11,25	2,44	475,4	b
MNC11-1075B-37-2-18	18	40,8	d 60,0	b 17,0	c 11	b 17,5	e 37,0	11,92	2,17	360,8	e
MNC11-1075B-28-5-21 ⁽³⁾	21	41,3	e 60,6	c 17,0	c 11	b 17,0	e 38,4	13,02	2,50	345,3	e
MNC11-1075B-46-1-31	31	40,6	d 60,4	b 17,9	b 12	a 16,3	e 41,2	10,68	2,25	497,3	b
MNC11-1076B-105-5-35 ⁽³⁾	35	42,0	e 61,3	c 19,0	b 10	c 19,9	c 41,8	12,03	2,32	430,9	c
MNC11-1076B-143-1-40 ⁽³⁾	40	38,9	c 60,5	c 18,6	b 9	c 24,5	a 41,1	11,10	2,38	462,6	c

(1) Seleção feita visando a precocidade na floração e na maturidade, menor comprimento do pedúnculo e maior número de vagens por pedúnculo;

(2) Número da progênie nos ensaios com progênies F_{4:5} e F_{4:6}; (3) Excelente arquitetura de planta.

