



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO E CULTURA – MEC
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ – UFPI
PRÓ-REITORIA DE ENSINO E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO AGRONOMIA**

ANNA FLÁVIA DE SOUSA LOPES

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI DA CLASSE COMERCIAL
CORES DENTRO DE CULTIVARES LOCAIS NO SEMIÁRIDO DO CENTRO-
NORTE PIAUIENSE**

TERESINA-PI

2022

ANNA FLÁVIA DE SOUSA LOPES

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI DA CLASSE COMERCIAL
CORES DENTRO DE CULTIVARES LOCAIS NO SEMIÁRIDO DO CENTRO-
NORTE PIAUIENSE**

Dissertação apresentada ao
Programa de Pós-Graduação em
Agronomia como requisito parcial
para a obtenção do título de
Mestre em Agronomia.

**Orientador: Prof. Dr. Maurisrael de
Moura Rocha**

Área de concentração: Genética e Melhoramento

TERESINA-PI

2022

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial CCA
Serviço de Representação Temática da Informação

L864s Lopes, Anna Flávia de Sousa.
 Seleção de linhagens de feijão-caupi da classe comercial cores dentro de cultivares locais no semiárido do centro-norte piauiense / Anna Flávia de Sousa Lopes. -- 2022.
 73 f. : il.

 Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Teresina, 2022.
 “Orientador: Dr. Maurisrael de Moura Rocha.”

 1. *Vigna Unguiculata*. 2. Parâmetros Genéticos . 3. REML/BLUP. 4. Ganho Genético. Seleção Simultânea. I. Rocha, Maurisrael de Moura. II. Título.

CDD 635.6592

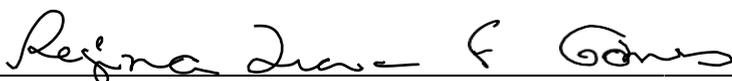
ANNA FLÁVIA DE SOUSA LOPES

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI DA CLASSE
COMERCIAL CORES EM CULTIVARES LOCAIS NO SEMIÁRIDO
DO CENTRO-NORTE PIAUIENSE**

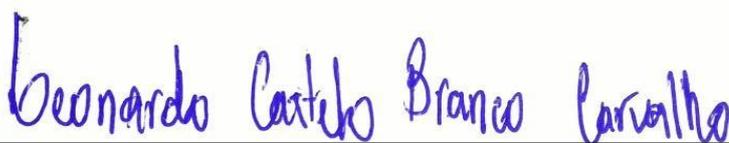
Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, para obtenção do título de Mestre em Agronomia, área de Concentração: Genética e Melhoramento

APROVADA em 10 de junho de 2022:

Comissão Julgadora:



Prof^a. Dr^a. Regina Lúcia Ferreira Gomes – CCA/UFPI



Prof. Dr. Leonardo Castelo Branco Carvalho – UFRA



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

TERESINA-PI

2022

Primeiramente à Deus; aos meus pais, Antônio Lopes Filho e Irene Pereira de Sousa, ao meu irmão, Sergio Filipe de Sousa Lopes e ao meu esposo Diego Carvalho Viana por terem me ajudado e apoiado nos momentos mais difíceis, sempre dando força para perseverar e realizar meus sonhos.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à Deus, pelo dom da vida e as bênçãos e oportunidades diárias ao longo dessa jornada;

À Universidade Federal do Piauí, pela oportunidade de realização do mestrado em Agronomia, dispondo de todas as condições acadêmicas para que eu conquistasse a minha pós-graduação;

À Embrapa Meio-Norte, pela infraestrutura necessária disponibilizada para a realização deste trabalho;

Ao meu orientador pesquisador Dr. Maurisrael de Moura Rocha, por todo suporte, ensinamentos e atenção durante a realização deste trabalho, além da oportunidade de orientação, sempre solícito e compreensivo, contribuindo ativamente no desenvolvimento da minha formação.

À Prof.^a Dr.^a Regina Lucia Ferreira Gomes, por todos os conselhos, acolhimento, carinho, orientação e suporte desde a graduação;

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

Aos amigos funcionários da Embrapa Meio-Norte, em especial, Manoel Gonçalves, por todo o aprendizado, apoio, atenção e amizade;

Aos meus amigos Walter Frazão Lelis de Aragão, Maurício dos Santos Araújo, Elenildo dos Santos Oliveira e Hildete Leal do Nascimento, pelos ensinamentos, conversas, momentos de descontração e muita cumplicidade ao longo dessa caminhada;

Aos amigos da Pós-Graduação em Agronomia (PPGA) por todo conhecimento compartilhado durante todo o percurso;

Ao meu esposo Diego Carvalho Viana, por toda motivação, incentivo, carinho e companheirismo;

À minha família, especialmente meus pais Antônio Lopes Filho e Irene Pereira de Sousa e ao meu irmão Sergio Filipe de Sousa Lopes pelo amor incondicional, incentivo e força para perseverar;

A todos contribuíram de alguma forma para a realização dessa conquista.

A todos, muito obrigada.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	18
2 REVISÃO DE LITERATURA	20
2.1 Feijão-caupi: origem, classificação botânica e biologia.....	20
2.2 Classificação comercial do feijão-caupi.....	21
2.3 Importância socioeconômica do feijão-caupi.....	22
2.3.1 Mercado do feijão-caupi	24
2.4 Sistema de produção do feijão-caupi.....	24
2.5 Qualidade nutricional do feijão-caupi.....	25
2.5.1 Biofortificação genética	26
2.6 Qualidade de cozimento do feijão-caupi	27
2.7 Melhoramento genético do feijão-caupi	28
2.7.1 Seleção simultânea de caracteres	29
2.8 Modelos mistos e método REML/BLUP.....	30
2.9 Estimativas de parâmetros genéticos em feijão-caupi	31
2.9.1 Coeficiente de variação genético (<i>CVG</i>)	31
2.9.2 Coeficiente de herdabilidade	32
2.9.3 Correlação entre caracteres	33
3 METODOLOGIA	34
3.1 Material genético	34
3.2 Caracterização experimental.....	36
3.3 Implantação e condução do ensaio	37
3.4 Caracteres avaliados	38
3.4.1 Caracteres agronômicos e comerciais	38
3.4.2 Caracteres nutricionais e de cozimento.....	38
3.4.2.1 Teor de proteínas	39
3.4.2.2 Teores de ferro e zinco.....	41
3.4.2.3 Qualidade de cozimento	42
3.5 Análises estatísticas	43
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
4.1 Análises de Deviance.....	46
4.2 Parâmetros genéticos.....	47

4.3 Seleção de linhagens superiores via BLUPs	54
4.4 Seleção simultânea via Índice de Soma de Postos ou Ranks de Mulamba & Mock (1978).....	61
5 CONCLUSÕES	66
6 REFERÊNCIAS.....	67

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Temperatura máxima e mínima (C°) e precipitação (mm) oriundas da estação meteorológica de Picos-PI, durante o período experimental. (Fonte: Inmet, 2021).	36
Figura 2 - Visão geral do experimento intermediário de feijão-caupi, na fase de floração e início da frutificação, conduzido no ano de 2020 em área do produtor João 40, localidade Malhadinha, no município de Ipiranga do Piauí-PI.....	37
Figura 3 - Preparação de amostras de feijão-caupi para as análises nutricionais.....	39
Figura 4 - Etapas de análise do teor de proteínas presentes nos grãos de feijão-caupi.	40
Figura 5 - Etapas das análises dos teores de ferro e zinco presentes nos grãos de feijão-caupi.....	41
Figura 6 - Etapas para análise da qualidade de cozimento dos grãos de feijão-caupi.	42
Figura 7 - Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre caracteres avaliados em 37 linhagens de feijão-caupi. NDIF: Número de dias para Início da floração; COMPV: Comprimento de vagem; NGV: Número de grãos por vagem; P100G: Peso de 100 grãos; IG: Índice de grãos; PROD: Produtividade de grãos (kg ha ⁻¹); QCG: Qualidade comercial do grão; PGC: Porcentagem de grãos cozidos (%); TZn: Teor de zinco (mg kg ⁻¹); Prot: Teor de proteínas (%); TFe: Teor de ferro (mg kg ⁻¹); *Significativo à 5% de probabilidade pelo teste t.	51

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Genótipos de feijão-caupi avaliados no ensaio intermediário, parental/procedência e subclasse comercial. Teresina, PI, 2022.....	34
Tabela 2 - Análises de Deviance (ANADEV) individuais dos caracteres avaliados no ensaio intermediário. Teresina, PI, 2022.....	46
Tabela 3 - Estimativa de parâmetros genéticos (REML) para dez caracteres ¹ avaliados em 38 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário. Teresina, PI, 2022.	48
Tabela 4 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter número de dias para início da floração (NDIF) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.....	54
Tabela 5 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter comprimento de vagem (COMPV) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.....	55
Tabela 6 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter número de grãos por vagem (NGV) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.....	57
Tabela 7 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter peso de 100 grãos (P100G) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.	58
Tabela 8 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter produtividade em kg ha ⁻¹ (PROD) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2021.....	60
Tabela 9 - Ganho de seleção geral e específico dos caracteres número de dias para início de florescimento (NDIF), comprimento de vagem (COMePV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PROD) obtidos via índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978) (IMM) a partir da avaliação de 38 genótipos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.	63
Tabela 10 - Classificação individual de 38 genótipos de feijão-caupi com base na	

seleção simultânea de cinco caracteres via índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978) (IMM). Teresina, PI, 2022.64

RESUMO

LOPES, A. F. S. **Seleção de linhagens de feijão-caupi da classe comercial cores dentro de cultivares locais no semiárido do centro-norte piauiense.** 2022. 73 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, 2022.

O ensaio intermediário corresponde a antepenúltima etapa do programa de melhoramento de feijão-caupi (PMFC) da Embrapa Meio-Norte e tem a finalidade de verificar o desempenho de novas linhagens de feijão-caupi, visando a seleção das melhores para compor os ensaios das etapas seguintes do PMFC (Ensaio avançado e ensaios de valor de cultivo e uso-VCU) e, por último, o lançamento de novas cultivares superiores às existentes no mercado. Nesse estudo, objetivou-se avaliar e selecionar linhagens de feijão-caupi da classe comercial cores, subclasses canapu e sempre-verde, no semiárido do centro-norte piauiense com superioridade para caracteres agrônômicos, comerciais, nutricionais e qualidade de cozimento. Foram avaliados 38 genótipos (36 linhagens e duas cultivares comerciais como testemunha) em um ensaio intermediário conduzido no delineamento em blocos completos casualizados, com duas repetições, no município de Ipiranga do Piauí, situado na zona semiárida do Piauí, no Nordeste do Brasil. Os caracteres avaliados foram: número de dias para o início da floração, comprimento de vagem, número de grãos por vagem, peso de 100 grãos, índice de grãos, qualidade comercial do grão, teores de proteína, ferro e zinco, porcentagem de grãos cozidos e produtividade de grãos. Adicionalmente foram realizadas análises de Deviance e estimados parâmetros genéticos, correlação genotípica de Pearson e o ganho com a seleção simultânea via índice de seleção de Mulamba e Mock, utilizando-se a abordagem de modelos mistos REML/BLUP. Observou-se diferença estatística significativa, por meio do teste de razão verossimilhança, entre os genótipos avaliados, apenas para os caracteres NDIF, COMPV, NGV, P100G e PROD. A herdabilidade da média dos genótipos apresentou magnitude variando de moderada a alta. As maiores estimativas do coeficiente de correlação genotípica entre caracteres foram observadas entre COMPV e NGV ($r_g = 0,61$) e entre COMPV e P100G ($r_g = 0,54$). As linhagens 36, 5, 24, 8, 2, 23, 29, 28, 34, 6, 19, 11, 7, 20, 26, 31, 22, 18, 17, 12, 25, 15, 3, 27 e 32 são as mais promissoras para compor o ensaio avançado do PMFC da Embrapa meio-Norte. Destacaram-se quanto à superioridade em relação à melhor testemunha (BRS Pajeú), as linhagens Pingo de Ouro-17-96, Bico de Ouro-17-21 e Pingo de Ouro-17-69. A seleção simultânea de caracteres nos genótipos de feijão-caupi avaliados proporcionou maiores ganhos genéticos reais.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*. Parâmetros genéticos. REML/BLUP. Ganho genético. Seleção simultânea.

ABSTRACT

LOPES, A. F. S. **Selection of cowpea lines within local cultivars of colors commercial class in the Piauí north-central semi-arid.** 2022. 73 f. Dissertation (Master's in Agronomy - Genetics and Improvement) – Federal University of Piauí, 2022.

The intermediate test corresponds to the antepenultimate stage of the feijão-caupi improvement program (PMFC) of Embrapa Meio-Norte and is aimed at verifying the performance of new lines of feijão-caupi, aiming at the selection of the best to perform the tests of the stages Following the PMFC (Advanced testing and value cultivation and use tests-VCU) and, finally, the launch of new cultivars superior to the existing ones on the market. Nesse studied, aimed to assess and select feijão-caupi linhagens of the core commercial class, subclasses canapu and semper-verde, not semi-arid from the center-north of Piauí with superiority for agronomic, commercial, nutritional and cooking quality characters. Foram evaluated 38 genotypes (36 strains and two commercial cultivars as testemunha) in an intermediate trial conducted without design in randomized complete blocks, with two repetitions, in the municipality of Ipiranga do Piauí, located in the semi-arid zone of Piauí, in the Northeast of Brazil. The characters supported are: number of days to the start of flowering, grain compression, number of grains per grain, weight of 100 grams, grain index, grain commercial quality, protein, iron and zinc theories, percentage of cooked grains and productivity of grains. Additionally, Deviance analyzes and estimated genetic parameters, Pearson's genotypic correlation and gain with simultaneous selection via the Mulamba and Mock selection index were carried out, using the REML/BLUP mixed model approach. Significant statistical differences were observed, by means of plausible reason testing, between the validated genotypes, only for the NDIF, COMPV, NGV, P100G and PROD characters. The average heritability of the two genotypes presented magnitude varying from moderate to high. The highest estimates of the genotypic correlation coefficient between foram characters observed between COMPV and NGV ($r_g = 0.61$) and between COMPV and P100G ($r_g = 0.54$). As linhagens 36, 5, 24, 8, 2, 23, 29, 28, 34, 6, 19, 11, 7, 20, 26, 31, 22, 18, 17, 12, 25, 15, 3, 27e 32 are the most promising for advanced testing of the PMFC of the Meio-Norte Embrapa. We will highlight the superiority in relation to the best testemunha (BRS Pajeú), as the linhagens Pingo de Ouro-17-96, Bico de Ouro-17-21 and Pingo de Ouro-1769. Simultaneous selection of traits in tested feijão-cowpea genotypes provided greater real genetic gains.

Keywords: *Vigna unguiculata*. Genetic parameters. REML/BLUP. Genetic gain. Simultaneous selection.

1 INTRODUÇÃO

Feijão-de-corda, feijão macassar, feijão de estrada, feijão miúdo, feijão catador e manteiguinha são alguns dos vários nomes populares atribuídos ao feijão-caupi nas diferentes regiões do Brasil em virtude de sua diversidade genética. Caracteriza-se por ser um alimento proteico, de elevado valor nutritivo, utilizado na alimentação humana como uma das fontes alimentares mais importantes principalmente para regiões tropicais e subtropicais do planeta. Apresenta adaptação satisfatória as regiões secas, onde tem grande importância socioeconômica e na segurança alimentar de milhares de pessoas (GONDWE *et al.*, 2019; SAEID *et al.*, 2019).

O Brasil é o quarto maior produtor mundial de feijão-caupi (FAOSTAT, 2020; CONAB, 2021), com produção média, produtividade e área colhida de 687,40 toneladas, 525 kg ha⁻¹ e 1.309,00 ha⁻¹, respectivamente, na safra 2020/2021. O Nordeste foi responsável por 64,15% desta produção nacional, seguido pelo Centro-Oeste e Norte com 22,29% e 10,87%, respectivamente (CONAB, 2021). No entanto, a produtividade na Região Nordeste ainda é muito baixa. Essa baixa produção pode ser atribuída ao seu cultivo ser realizado principalmente em região semiárida, em virtude do déficit tecnológico no manejo adotado na condução da lavoura pelos produtores de pequeno porte, associado as condições edafoclimáticas pouco favoráveis (MEIRA *et al.*, 2020).

Com base na importância da cultura do feijão-caupi para a região Nordeste do Brasil, torna-se imprescindível realizar estudos com o objetivo de analisar a produção de genótipos cultivados sob limitações bióticas e abióticas, como fatores climáticos, hídricos e fitossanitários, associadas às estimativas de parâmetros genéticos e correlações visando maior produtividade (MEIRA *et al.*, 2020). Além disso, o mercado consumidor dos estados com maior tradição em produção e consumo, como Ceará, Bahia, Pernambuco e Piauí, tradicionalmente têm uma grande preferência por duas subclasses comerciais de grãos, sempre-verde e canapu, e que apresentem elevada produtividade.

Embora existam diversas cultivares comerciais lançadas e registradas no Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), nota-se atualmente uma baixa disponibilidade de cultivares de feijão-caupi do tipo sempre-verde e canapu no mercado, na região semiárida do Nordeste. No estado do Piauí, existe uma carência de cultivares dessas duas subclasses comerciais com características mais competitivas, uma vez que as

cultivares utilizadas pelos agricultores apresentam baixa produtividade e qualidade comercial inferior do grão. Existe apenas um cultivar da subclasse comercial canapu registrada no RNC/MAPA, a BRS Acauã (SANTOS, 2011), no entanto, apresenta adaptação restrita.

O desenvolvimento de cultivares produtivas e adaptadas, por meio do melhoramento genético, representa uma estratégia que pode ajudar os agricultores a obter maiores rendimentos com menor custo de produção. A estimativa de parâmetros importantes como as variâncias genéticas e as herdabilidades dos caracteres auxiliam na seleção dos genótipos superiores, contribuindo no direcionamento dos programas de melhoramento. O método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) é um dos melhores métodos para estimar os componentes de variância e a Melhor Predição Linear Não Viesada (BLUP) é o procedimento para a predição dos valores genéticos (RESENDE, 2016).

Para obter uma cultivar superior às existentes no mercado, esta deve possuir uma série de atributos favoráveis ao mesmo tempo, que lhe confira um rendimento relativamente alto e atendam às necessidades dos consumidores. Uma forma de aumentar as chances de sucesso de um programa de melhoramento é selecionar simultaneamente um conjunto de caracteres economicamente importantes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O método de índice de seleção é uma ferramenta eficiente e que facilita a seleção de múltiplos caracteres, sendo um dos procedimentos indispensáveis em programas de melhoramento. Uma vez que, mesmo para caracteres com efeitos indesejáveis (ligação gênica ou na pleiotropia) ou quando a seleção é para caracteres quantitativos simultaneamente, o método também permite obter ganhos simultâneos (RESENDE; OLIVEIRA; HIGA, 1990; SANTOS *et al.*, 2007).

A hipótese desse estudo é que a avaliação de linhagens em etapas intermediárias do melhoramento permite a seleção de linhagens superiores em múltiplos caracteres para compor o ensaio avançado do programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte. Desse modo, o presente estudo teve como objetivo avaliar e selecionar linhagens de feijão-caupi da classe comercial cores, subclasses canapu e sempre-verde, no semiárido do centro-norte piauiense com superioridade para caracteres agrônômicos, comerciais, nutricionais e qualidade de cozimento.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Feijão-caupi: origem, classificação botânica e biologia

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma cultura oriunda do continente africano, contudo apresenta uma ampla distribuição mundial (SINGH *et al.*, 2002), se expandindo a partir da África e chegando à região da Índia, considerada seu segundo centro de domesticação durante o período Neolítico. Por volta do século VIII a.C., ocorreu a sua chegada a Europa, posteriormente, por meio de escravos provenientes do sul europeu e do continente asiático, chegou aos Estado Unidos, no início do século XVIII (TIMKO *et al.*, 2007).

Como centros de diversidade dessa espécie, numerosos países e regiões têm sido sugeridos, podendo ser citados Índia, Etiópia, Paquistão, Irã, Oeste, Sul e Centro da África, e América do Sul (SINGH *et al.*, 2002). No entanto, o Oeste da África, mais precisamente a Nigéria, abrangendo as savanas, sul do Níger, partes da Burkina Faso, norte do Benin, Togo e noroeste de Camarões, é atualmente considerado como centro primário de diversidade da espécie. Nesse continente, encontram-se 170 espécies catalogadas, das quais 66 são endêmicas, sendo sua origem confirmada pelo fato de não se ter registros da presença das formas silvestres da espécie em outros continentes (PADULOSI; NG, 1997; SINGH *et al.*, 2002).

Os primeiros sinais da chegada da cultura do feijão-caupi à América Latina ocorreram por volta do século XVI. Essa cultura foi introduzida no Brasil através do estado da Bahia por colonos espanhóis e portugueses, expandindo-se para toda a região Nordeste do Brasil e posteriormente para outras partes do país (FREIRE-FILHO, 1988).

No que diz respeito a taxonomia, a cultura do feijão-caupi é classificada como uma planta Eudicotyledonea, da ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolineae, gênero *Vigna*, subgênero *Vigna*, secção *catyang*, espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp. e subespécie *unguiculata*, subdividida em quatro cultigrupos: *Unguiculata*, *Sesquipedalis*, *Biflora* e *Textilis* (BYNG *et al.*, 2016).

O feijão-caupi é uma espécie diploide com $2n=2x=22$ cromossomos (FORNI-MARTINS, 1988), apresentando a autofecundação como reprodução predominante, devido a cleistogamia (abertura floral após a autopolinização). É uma planta herbácea, anual, com inflorescência racemosa, apresenta botões com uma ou duas flores

hermafroditas, diclamídeas, zigomorfas, corola papilionácea, possuindo cinco pétalas que variam de coloração, entre branca-lilás até tons amarelos de acordo com a variedade a que pertence. As flores ainda apresentam um estandarte, duas alas e uma quilha, que são formadas por duas pétalas que apresentam a função de proteger os órgãos sexuais (TEÓFILO; MAMEDE; SOMBRA, 1999).

2.2 Classificação comercial do feijão-caupi

O feijão-caupi possui elevada variabilidade genética para várias características de interesse agrônômico. Isso possibilita realizar a seleção e o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, com maior tolerância aos fatores bióticos e abióticos e mais nutritivas (OLIVEIRA, 2016). Devido à grande variedade fenotípica nos grãos de feijões-caupi, como a cor do tegumento, característica esta variável entre as cultivares produzidas e comercializadas no Brasil, observou-se, então, a necessidade de classificá-la e caracterizá-la em grupos comerciais.

As diferenças entre as cultivares de feijão-caupi estão relacionadas ao hilo, anel de hilo, halo, cor do tegumento, forma e tamanho dos grãos. A classificação comercial do feijão-caupi é importante uma vez que a cultura está em expansão de áreas cultivadas e aumentando a comercialização no mercado interno e externo (FREIRE FILHO, 2011). Dessa forma, O Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) instituiu o regulamento técnico do feijão por meio da instrução normativa nº 12 de 28 de março de 2008, que define a classificação do feijão em grupos, classes e tipos (BRASIL, 2008). O feijão é classificado em dois grupos, sendo o grupo I o feijão-comum, espécies provenientes de *Phaseolus vulgaris* L. e grupo II espécies provenientes de *Vigna unguiculata* (L.) Walp.

Dentro do grupo II, a classificação é realizada de acordo com a coloração do tegumento do grão: Branco: produto que contém, no mínimo, 90% de grãos de coloração branca, onde inclui-se as subclasse branco liso; subclasse branco rugoso; subclasse fradinho; subclasse olho-marrom; subclasse olho-vermelho; Preto: produto que contém, no mínimo 90% de grãos de coloração preta, onde inclui-se as subclasse preto de tegumento liso fosco; subclasse preto de tegumento liso com brilho; Cores: produto que contém no mínimo, 90% de grãos da classe cores, onde inclui-se as subclasses mulato, canapu, sempre-verde, vinagre, corujinha, azulão, manteiga, verde e rajado, admitindo-se até 10% de outras cultivares da classe cores, que apresentem contraste na cor ou no tamanho; Misturado: produto que não atende às

especificações das classes anteriores (FREIRE FILHO, 2011). As subclasses comerciais canapu e sempre-verde são as preferidas pelos agricultores familiares da zona semiárida nordestina, sendo também as subclasses com maior preço de mercado no Brasil.

2.3 Importância socioeconômica do feijão-caupi

O feijão-caupi, também chamado de feijão macassar ou feijão-de-corda é uma espécie bastante difundida no Brasil, sendo cultivado em diversas regiões do Brasil e em diferentes sistemas de produção, sendo uma espécie de adaptação bastante eficiente, alta capacidade de produção, ampla variabilidade genética e rico nutricionalmente, podendo ser utilizado para várias finalidades devido a sua grande versatilidade (FREIRE FILHO, 2011)

A cultura do feijão-caupi apresenta uma diversidade de potencialidades a serem exploradas e desenvolvidas no âmbito da produção, do consumo e dos mercados nacional e internacional, o que demanda organização da sua cadeia produtiva para aumentar benefícios mútuos entre produção e consumo (EMBRAPA, 2018). É uma leguminosa comestível de grande importância devido a sua qualidade nutricional e como componente fundamental dos sistemas de produção nas regiões secas dos trópicos (SILVA *et al.*, 2010).

Ademais, dentre as espécies cultivadas, o feijão-caupi se destaca por possuir grãos com alto conteúdo de proteínas, carboidratos, minerais e vitaminas, além de versatilidade e boa adaptação, em virtude de sua ampla variabilidade genética para a arquitetura do sistema radicular (ADU *et al.*, 2019), principalmente no que diz respeito a boa capacidade de fixação da planta no solo, absorção de água e sais minerais, eficiência na aquisição e uso eficiente fósforo (P) (KUGBLENU *et al.*, 2014), e capacidade de armazenar os nutrientes no interior das raízes (ITTAH; ARUA, 2017), além de possuir pouca exigência em fertilidade do solo e boa capacidade de fixar nitrogênio (SILVA *et al.*, 2010).

A Nigéria, o Niger e o Brasil são os maiores produtores mundiais de feijão-caupi (FAOSTAT, 2020; CONAB, 2021). A produção mundial de feijão-caupi em 2020 foi de aproximadamente 8,9 milhões de toneladas, produzidas em 15,06 milhões de hectares, com uma produtividade média de 591 kg ha⁻¹. A Nigéria, maior produtor mundial, responde por 96,8% da produção do continente Africano, com uma produção de 3,6 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2020).

Por não apresentarem estatísticas separadas para produção de grãos de feijão comum e feijão-caupi, mesmo apresentando volumes expressivos na produção, alguns países como Brasil e Índia, entre outros, acabam por possivelmente subestimar os dados (EMBRAPA, 2018). Assim, o Brasil não aparece nos levantamentos da FAO. Contudo, o feijão-caupi ocupa a maior área semeada com feijão na segunda safra, com 1.042,4 mil hectares, com produção estimada em 570,8 mil toneladas (CONAB, 2018).

No território brasileiro, estima-se que 22% do feijão produzido sejam de feijão-caupi (*V. unguiculata* (L.) Walp) e 78% de feijão comum (*Phaseolus vulgaris*). No entanto, esses dados não representam a realidade dos estados das regiões Nordeste e Norte, cuja produção é quase que exclusiva de feijão-caupi. A produtividade média da região Nordeste na safra 2020/2021, que é composta principalmente por cultivos realizados por agricultores familiares, é de apenas 330 kg ha⁻¹, muito inferior à da região Centro-Oeste (986 kg ha⁻¹), especialmente nos estados do Distrito Federal (1.240 kg ha⁻¹), Goiás (1.200 kg ha⁻¹) e Mato Grosso (969 kg ha⁻¹), que cultivam com alto uso de tecnologias (cultivares melhoradas, adubação, controle de ervas daninhas, pragas e doenças, etc) (CONAB, 2021).

Os maiores produtores nacionais na safra 2020/2021 foram os estados de Mato Grosso (156.300 tons.), Ceará (110.800 tons.), Bahia (82.500 tons.), Tocantins (64.700 tons.) e Piauí (59.400 tons.) (CONAB, 2021). Os maiores produtores piauienses na safra 2020/2021 foram os municípios de Baixa Grande do Ribeiro (5.080 tons.), Pio IX (2.020 tons.), Ribeiro Gonçalves (1.483 tons.), Santa Filomena (1.107 tons.) e Caldeirão Grande do Piauí (990 tons.) (LSPA, 2021).

Fatores como o baixo custo de produção, precocidade, tolerância ao estresse hídrico e a baixa exigência em nutrição do solo são o grande atrativo da cultura do para a região Nordeste, apresentando relevância na composição da renda da população, em virtude do menor investimento no cultivo e na ocupação de mão-de-obra em períodos sazonais. Para os agricultores empresariais dos cerrados, que vêm cultivando em grandes áreas e com emprego de alta tecnologia nas regiões Meio-Norte e Centro-Oeste do Brasil, a cultura encontra-se em franca expansão ao longo dos anos (FREIRE FILHO *et al.*, 2017).

2.3.1 Mercado do feijão-caupi

A exploração de feijão-caupi no Nordeste do Brasil, concentra-se em duas épocas, sendo a primeira no início da estação chuvosa, que responde por cerca de 71% da produção média anual, e a segunda, no final da estação chuvosa (FREIRE FILHO *et al.*, 2007). A comercialização do feijão-caupi se dá sob a forma de grãos secos (sendo consumido na fase de plena maturação dos grãos), feijão-verde (vagem ou grão imaturo), de grande apreciação no mercado nordestino, sementes e grãos industrialmente processados (FREIRE FILHO *et al.*, 2017).

Na região Nordeste, o mercado do feijão-caupi para feijão-verde é predominantemente da agricultura familiar, devido principalmente, ao seu sistema de produção ser basicamente manual, e assim exigir um trabalho mais braçal, especialmente na colheita e debulha. No que se refere a utilização de semente certificada, esse mercado se mostra em elevado crescimento e bastante avançado em termos de organização, já havendo associações de produtores de sementes em diversos estados e produtores de sementes de feijão-caupi nas regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste (FREIRE FILHO, 2011).

No segmento de mercado do feijão-caupi referente a grãos secos, tanto para o mercado interno quanto para o mercado externo, um aspecto de elevada importância é o tamanho do grão. Todavia, é possível constatar que produtores, consumidores e empacotadores têm preferência por grãos com peso por 100 grãos superior a 20 g. Uma parte da produção de grãos secos por pequenos produtores é destinada ao consumo próprio e a outra parte é comercializada aos distribuidores ou diretamente aos consumidores, por feirantes, merceiros e empacotadores, por meio de atravessadores (EMBRAPA, 2018).

Evidencia-se que o feijão-caupi possui uma excelente perspectiva de mercado internacional, muito embora o mercado da cultura ainda ser basicamente restrito ao país que o produz, devido ao volume de produção, tamanho da área cultivada e ao número de países consumidores. As exportações do feijão-caupi no Brasil se iniciaram em 2007, primeiramente para o Canadá, Portugal, Israel, Turquia e Índia. Contudo, constatou-se que há um mercado muito maior para a cultura (FREIRE FILHO, 2011).

2.4 Sistema de produção do feijão-caupi

O cultivo do feijão-caupi no Brasil se dá principalmente por pequenas propriedades rurais (agricultura familiar), caracterizada pelo baixo nível tecnológico.

No entanto, nos últimos anos sua área de produção se expandiu para as regiões Sudeste e Centro-Oeste, especialmente para o estado de Mato Grosso, onde é produzido em aproximadamente 161.400 hectares, principalmente em cultivo de segunda safra, apresentando um aumento de 29,2% de aumento frente aos 124,9 mil hectares da safra anterior. Isso se deve à preferência de parte dos produtores rurais em substituir parcialmente a área de milho safrinha pelo feijão-caupi (CONAB, 2021).

No Brasil, a região Nordeste destaca-se como a maior produtora e consumidora de feijão-caupi. Entretanto, embora não apresente a maior área colhida, o estado de Mato Grosso atinge a maior produção, em consequência da maior produtividade alcançada, resultado direto do emprego de tecnologias adequadas no sistema de produção da cultura, uso de cultivares melhoradas, fertilização balanceada do solo, controle de doenças e pragas e colheita mecanizada. Em contraste, estados como o Ceará e Piauí, maiores consumidores desta leguminosa no Brasil, em função do baixo emprego de tecnologia, irregularidades pluviométricas e outros alcançam baixíssimos níveis de produtividade (EMBRAPA, 2018; SOUZA, 2018).

2.5 Qualidade nutricional do feijão-caupi

As leguminosas são reconhecidas como importantes fontes de nutrientes da dieta alimentar em todo o mundo, em especial para a população de países em desenvolvimento. As leguminosas são ricas em aminoácidos, como lisina e triptofano, contém pequenas quantidades de colesterol, gordura saturada e sódio, onde o seu consumo regular vem sendo associado a riscos menores de doenças cardíacas ou doença cardiovascular (CAMPOS-VEGAS; LOARCA-PINA; OOMAH, 2010).

Desse modo, o feijão-caupi é reconhecido pela sua riqueza nutricional, apresentando-se como fonte de energia (calorias), fibras, proteína, amido, vitaminas (Pró-vitamina A, complexo B, C e K) e minerais como ferro, zinco, magnésio e manganês (VATANASUCHART *et al.*, 2010; BOUKAR *et al.*, 2016; DAKORA; BELANE, 2019), sendo considerado atualmente uma das leguminosas mais importantes em todo o mundo (HOPPLER *et al.*, 2014).

O grão de feijão-caupi é uma importante fonte de proteína, além de apresentar elevados teores de micronutrientes no grão, principalmente de ferro e zinco, tornando-se assim, um dos mais importantes alimentos básicos para as populações das regiões Norte e Nordeste do Brasil, compondo a dieta alimentar principalmente de

classes menos favorecidas (XAVIER *et al.*, 2007; FREIRE-FILHO, 2011; CARVALHO *et al.*, 2012; GONÇALVES *et al.*, 2020).

2.5.1 Biofortificação genética

Em consideração a esses fatores, o feijão-caupi desperta um grande interesse pelos programas de melhoramento genético em incrementar os teores desses minerais, especialmente em virtude da sua ampla variabilidade genética. Ou seja, os programas de melhoramento visam aumentar a biodisponibilidade de micronutrientes em suas sementes, principalmente para elevar as concentrações de ferro (Fe) e zinco (Zn), (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017b).

A deficiência de vitaminas e minerais afeta cerca de 2 bilhões de pessoas em todo o mundo (WORLD HEALTH ORGANIZATION, 2018). Mais da metade de toda a população mundial consome micronutrientes em concentrações menores que sua necessidade mínima diária, sendo afetada com a deficiência dos micronutrientes Fe e Zn, tornando-se um grande problema de saúde pública global, conhecido como “fome oculta” (MASUDA *et al.*, 2020).

Em virtude das potencialidades do feijão-caupi, e por ser considerado uma das leguminosas mais importantes por sua elevada qualidade nutricional, a Embrapa (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) vem trabalhando com a cultura em seus programas de melhoramento genético, o que levou a produção de cultivares biofortificadas, BRS Xiquexique (77 mg kg⁻¹ de Fe e 53 mg kg⁻¹ de Zn), BRS Tumucumaque (60,57 mg kg⁻¹ de Fe e 51,63 mg kg⁻¹ de Zn) e BRS Aracê, de grãos verdes (61,7 mg kg⁻¹ de Fe e 48,6mg kg⁻¹ de Zn) (ROCHA *et al.*, 2011).

Cultivares de feijão-caupi que apresentam concentrações de ferro e zinco nos grãos e igual ou superior a 60 e 40 mg/kg, respectivamente, são consideradas possuírem altos teores de desses minerais e, portanto, biofortificadas (FREIRE FILHO, 2011; COELHO *et al.*, 2021). Esses últimos autores, avaliando a bioacessibilidade e a biodisponibilidade *in vitro* das cultivares de feijão-caupi BRS Aracê, BRS Tumucumaque e BRS Xiquexique, consideradas biofortificadas, e a cultivar BRS Guariba, considerada não biofortificada, encontraram que no geral as cultivares de feijão-caupi apresentaram alto teor de zinco e em média 50,1% de bioacessibilidade e 44,2% de biodisponibilidade. O cozimento aumentou a biodisponibilidade das cultivares e a cultivar BRS Aracê cozida apresentou biodisponibilidade de zinco superior a 60%.

2.6 Qualidade de cozimento do feijão-caupi

Na busca pela obtenção de novas cultivares, os programas de melhoramento genético do feijão-caupi visam fornecer ao produtor materiais de alta qualidade e produtividade, alta qualidade técnica e características cada vez mais competitivas e atrativas para o mercado consumidor (FREITAS *et al.*, 2021); FREIRE FILHO, 2011). Portanto, outros parâmetros relacionados à qualidade de cozimento de grãos devem ser levados em consideração no processo de lançamento de cultivares, sendo um fator importante para a indicação de um genótipo superior a uma determinada região.

Grãos mais duros, que exigem maior tempo de cozimento, são menos aceitos no mercado consumidor, reduzindo o valor do produto, pois os consumidores preferem variedades de cozimento rápido, que ajudam a economizar tempo e energia (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JUNIOR, 2017b). Além disso, Pujola, Farreras e Casañas (2007) relatam que pode haver uma redução em seu valor nutricional devido à exposição prolongada aos grãos durante o cozimento a longo prazo, resultando em alterações estruturais nos níveis celulares e, conseqüentemente, reduzindo a disponibilidade de outros nutrientes, como proteínas e minerais.

Os genótipos desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa-Meio Norte estão sendo avaliados quanto ao tempo de cozimento do grão. Com isso, o poder de cozimento do feijão-caupi pode ser testado, muitas vezes, pelo método proposto por Mattson (1946), que consiste em medir o tempo que um pino (haste de inox) pode perfurar um grão. O tempo de cozimento depende também do tempo que o feijão fica de molho antes de cozinhar. Posteriormente, um novo método foi desenvolvido por Carvalho *et al.* (2017a), utilizando um método de preparo semelhante ao utilizado pelos chineses. Esse método envolve o uso de cocção das amostras em panela de pressão elétrica e depois a contagem da porcentagem de grãos perfurados pelo pino, via cozedor de Mattson.

O tempo de cozimento das cultivares de feijão-caupi lançadas nos últimos anos apresentou variação de 13'23" (BRS Tumucumaque) a 23'24" (BRS Potengi), determinado com molho em água durante cinco horas e avaliação via cozedor de Mattson (FREIRE FILHO, 2011).

O tempo de cozimento é um fator muito importante, utilizado pelos consumidores para escolher determinados alimentos, e até mesmo para poder consumir e garantir suas propriedades organolépticas aceitáveis (BOURNE, 2002). Dessa forma, é possível detectar simultaneamente genótipos contendo as

características necessárias para cozimento de curto prazo, alto teor de proteínas e minerais, ampla variabilidade em regiões de cultivo e mercados consumidores-alvo (SILVA, 2017).

2.7 Melhoramento genético do feijão-caupi

No Brasil, o melhoramento do feijão-caupi se iniciou com as primeiras introduções de cultivares, na segunda metade do século XVI. Desde então os agricultores seguiram selecionando de acordo com as características mais desejáveis para seus interesses de cada região. Em geral, os programas de melhoramento do feijão-caupi se iniciam a partir da escolha dos genitores para realização de cruzamentos e assim a formação da população-base (FREIRE FILHO, 2011).

O feijão-caupi aparece em terceiro lugar em número de cultivares geradas e lançadas, atrás apenas dos programas de melhoramento de soja e feijão comum, segundo uma recente publicação sobre as cultivares lançadas pelos programas de melhoramento genético vegetal da Embrapa (LOPES *et al.*, 2012).

Com o melhoramento genético do feijão-caupi vieram diversos benefícios para produtores e consumidores do grão, dentre eles o aumento na produtividade das lavouras, e o incremento de diversas características de interesse, como a redução no ciclo da cultura, possibilitando mais safras no ano agrícola, o porte ereto da planta, possibilitando a colheita mecanizada, dentre outras. O programa de melhoramento fixou seus objetivos nos interesses dos componentes da cadeia produtiva-comercial de feijão-caupi, com especial atenção às preferências do consumidor e às tendências de mercado. Assim, pode-se citar dois tipos de público-alvo, o direto e indireto. O público-alvo direto são os produtores familiares, microempresários e empresários, consumidores e exportadores externos e internos, além de compradores, armazenistas, empacotadores, agroindústrias, empresas distribuidoras e de consultoria. Já o público-alvo indireto são empresas de planejamento e assistência técnica, instituições de fomento, pesquisas e de ensino (FREIRE FILHO, 2011).

Ganhos contínuos no rendimento dos grãos da cultura é um dos principais objetivos do melhoramento genético do feijão-caupi, através de consecutivos ensaios, onde selecionam-se genótipos promissores, que apresentem simultaneamente diversas características de interesse, e que sejam adaptados a cada região de cultivo. Os programas de melhoramento levam em consideração os interesses de agricultores (empresariais e familiares), comerciantes, indústrias, distribuidor e consumidor final,

resultando na obtenção de cultivares melhoradas para cada necessidade (TORRES *et al.*, 2015; ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017b)

Para os programas de melhoramento genético, como no processo de recomendação de cultivares melhoradas, os experimentos em campo são essenciais. Esses experimentos requerem um elevado grau de precisão experimental, e assim, uma alta precisão na inferência sobre as médias genotípicas, ou seja, sobre os valores genotípicos dos tratamentos genéticos a serem avaliados (RESENDE, 2007).

As variedades de feijão-caupi tradicionais utilizadas pelos agricultores familiares não apresentam características totalmente propícias ao plantio e comercialização, determinando um baixo poder competitivo na hora da comercialização. Portanto, segundo Sousa *et al.* (2019) existe uma grande demanda por variedades de feijão-caupi de maior rendimento e melhor pós-colheita, e genótipos com essas características específicas precisam ser selecionadas e novas cultivares desenvolvidas. Isso agregará mais valor ao produto e ajudará a melhorar a sustentabilidade do agronegócio do feijão-caupi no semiárido do nordeste brasileiro.

Estudos anteriores mostram que estes caracteres apresentam ação gênica aditiva predominantemente, indicando que ciclos sucessivos de seleção a partir das primeiras gerações das populações segregantes podem culminar em ganhos genéticos (ROCHA *et al.*, 2009; SOUSA *et al.*, 2015; BERNARDO *et al.*, 2018). Diante disso, pesquisas voltadas para o melhoramento dessa leguminosa têm sido realizadas com o intuito de atender as necessidades tanto do agricultor familiar quanto do grande produtor. Para isso, um fator importante a ser considerado no processo de obtenção de linhagens elite de feijão-caupi é a avaliação dos genótipos em ensaios, onde fica caracterizado seu desempenho em comparação com cultivares conhecidas com alto potencial produtivo e ampla adaptação (FREIRE FILHO, 2011).

2.7.1 Seleção simultânea de caracteres

Devido à baixa oferta de cultivares adaptadas ao mercado brasileiro, tem-se a perspectiva de ampliar a rede de melhoramento genético de feijão-caupi para todas as regiões, de modo que se tenha a expectativa de que os produtores de todas as regiões do país possam ter cultivares de feijão-caupi disponíveis para cultivo, com grãos que tenham ampla aceitação comercial e venha facilitar a comercialização inter-regional e aos mercados importadores do produto (FREIRE FILHO, 2011).

O principal objetivo dos programas de melhoramento genético de feijão-caupi é selecionar genótipos que aliem simultaneamente diversas características de interesse, dessa forma, o uso de índices de seleção pode auxiliar os pesquisadores a identificar e selecionar esses genótipos, atendendo a demanda dos agricultores, do comércio e dos consumidores. O uso de índices de seleção apresenta-se como uma ferramenta para auxiliar os melhoristas, como uma estratégia que possibilita ganhos simultâneos, além de ser mais rápida e menos onerosa (OLIVEIRA *et al.*, 2017).

Nesse sentido, diversas metodologias vêm sendo utilizadas em programas de melhoramento para a seleção de múltiplas características, como método Tandem, níveis independentes de seleção e índice de seleção (BURDON; KLÁPŠTĚ, 2019; RESENDE, 2002). Uma estratégia de melhoramento bastante promissora é a seleção de múltiplos caracteres na identificação e seleção de genótipos superiores.

A seleção simultânea de caracteres permite combinar as características desejadas de forma linear, independente da correlação entre essas variáveis, reduzindo assim o tempo de desenvolvimento de indivíduos excelentes, através do estabelecimento de valores mínimos aceitáveis para obter genótipos comercialmente adequados (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

2.8 Modelos mistos e método REML/BLUP

O alto rendimento de grãos tem sido utilizado como critério para realizar a recomendação de genótipos aos produtores, os quais podem corresponder a genótipos com adaptações específicas a determinados ambientes (CYSNE; PITOMBEIRA, 2012). Portanto, procedimentos genéticos e estatísticos mais sofisticados, como modelos mistos, vêm sendo utilizados usados no melhoramento genético em razão do seu sucesso ao selecionar genótipos superiores com base no valor genético (PIMENTEL *et al.*, 2014).

Diferentes linhas de pesquisa na área de melhoramento genético têm utilizado o procedimento baseado em modelos mistos, uma vez que essa estratégia permite estimar os componentes de variância e o valor genotípico pela máxima verossimilhança restrita (REML) e pela melhor predição linear não viesada (BLUP), respectivamente, demonstrando uma maior acurácia na estimação dos parâmetros genéticos de seleção (RESENDE; DUARTE, 2007).

Uma das principais limitações no melhoramento genético de plantas é o efeito do meio ambiente sobre o fenótipo, e os valores ambientais e genotípicos se

sobrepõem. A modelagem mista, via método REML/BLUP foi inicialmente proposto por Resende (2004) para culturas perenes como o pinus (RESENDE *et al.*, 1996), e é semelhante aos métodos de Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988), no entanto a sua aplicação tem sido disseminada em diversas culturas por destacar-se como o método mais eficiente para a seleção de genótipos superiores (RESENDE; DUARTE, 2007), pois envolve simultaneamente a predição de valores genéticos já descontados da instabilidade e a estimativa de componentes de variância (BORGES *et al.*, 2009), além de permitir considerar erros correlacionados dentro de locais (TORRES *et al.*, 2015).

A metodologia REML/BLUP teve seu uso voltado inicialmente para as culturas semiperenes e perenes. No entanto, tem sido crescente a aplicação dessa metodologia em culturas anuais, tais como o feijão-caupi, tanto visando a seleção genotípica (BARROS *et al.*, 2011; TORRES *et al.*, 2016), quanto em estudos de adaptabilidade e estabilidade genotípica via método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos - MHPRGV (TORRES *et al.*, 2015; SANTOS *et al.*, 2016; CARVALHO *et al.*, 2017b; ROCHA *et al.*, 2017a; TORRES FILHO *et al.*, 2017; ABREU *et al.*, 2019; CRUZ *et al.*, 2021).

2.9 Estimativas de parâmetros genéticos em feijão-caupi

Segundo Singh (2007), as informações sobre as estimativas de parâmetros genéticos quantitativos têm contribuído para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento de feijão-caupi. O estudo e a identificação de parâmetros genéticos como: coeficiente de variação genético, herdabilidade e correlação entre caracteres são de suma importância, pois por meio destes podemos: conhecer a variabilidade genética, o grau de expressão de um caráter de uma geração para outra e a possibilidade de ganhos por meio da seleção direta ou indireta (ROCHA *et al.*, 2003).

2.9.1 Coeficiente de variação genético (CV_G)

O coeficiente de variação genética (CV_G) quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção e, portanto, altos valores são desejáveis. A razão entre CV_G e CV_e (coeficiente de variação experimental) permite obter o coeficiente de variação relativa (CV_r), cujo valor pode indicar uma situação favorável à seleção, se superior a 1,0 (VENCOSKY; BARRIGA, 1992).

Os estudos realizados com genótipos de feijão-caupi estimando o CV_G , na grande maioria, observaram maior estimativa desse parâmetro para o caráter produtividade de grãos, com valores variando de 24,73 a 60,34%, seguido pelos caracteres peso de 100 grãos, número de grãos por vagem e número de vagens por planta (CORREA *et al.*, 2012; CORREA *et al.*, 2015; PÚBLIO-JÚNIOR *et al.*, 2018; ARAMÉNDIZ-TATIS *et al.*, 2021).

2.9.2 Coeficiente de herdabilidade

A herdabilidade é a proporção herdável da variabilidade total, ou seja, é um indicativo sobre a proporção do valor genético presente no valor fenotípico. Tem grande importância, pois com ela é possível estimar a possibilidade de sucesso ou não com a seleção antecipadamente, sendo assim, um dos parâmetros genéticos mais utilizados pelos melhoristas (RAMALHO *et al.*, 2012b).

Segundo Bernardo (2020), existem dois tipos de herdabilidade: no sentido amplo (h_a^2), se refere a quantidade da variação genética expressa como uma proporção da variação fenotípica total; e no sentido restrito (h^2), quando se refere a quantidade da variância aditiva como uma proporção da variação fenotípica total. Neste último caso, os alelos e não genótipos são passados de genitores para a sua progênie. Quando os genótipos passaram por várias etapas de seleção, isto é, quando os genótipos são considerados fixos, a herdabilidade é denominada de coeficiente de determinação genético (H^2) (TORRES *et al.*, 2015).

Os estudos sobre a herdabilidade no sentido amplo de caracteres em feijão-caupi mostram que os caracteres número de dias para o início floração/ maturação, peso de 100 grãos, teor de ferro, teor de zinco e teor de proteínas apresentam maiores estimativas de herdabilidade, variando acima de 70%; o caráter número de vagens por planta e número de grãos por vagem apresentam valores intermediários de herdabilidade, variando de 50 a 69%; os caracteres número de vagens por pedúnculo, comprimento do pedúnculo e produtividade de grãos, apresentam estimativas de herdabilidade menor que 60% (PÚBLIO-JÚNIOR *et al.*, 2018; MOFOKENG *et al.*, 2020; ARAMÉNDIZ-TATIS *et al.*, 2021). No entanto, há resultados na literatura em que estimativas de herdabilidade fogem a essa tendência, onde há casos em que o peso de 100 grãos e a produtividade de grãos apresentando herdabilidade de média a alta (KHANPARA *et al.*, 2016; KOUAM *et al.*, 2018; ASIWE *et al.*, 2021; BELAY; FISSEHA, 2021; OWOSU *et al.*, 2021).

2.9.3 Correlação entre caracteres

Para os programas de melhoramento de feijão-caupi, uma atenção especial deve ser dada ao conhecimento da associação entre os principais componentes morfoagronômicos de produtividade, uma vez que possui elevada importância quando se almeja chegar em altos níveis de produtividade de grãos. Com base nisso, é conhecido a forte relação entre a produtividade de grãos e diversos componentes, tais como o comprimento de vagem, número de grãos por vagem e peso de cem grãos (SILVA *et al.*, 2014; TEIXEIRA *et al.*, 2007).

Os estudos de correlações entre caracteres têm grande importância em programas de melhoramento, principalmente quando a seleção de um caráter desejável apresenta dificuldades, por se tratar de um caráter de baixa herdabilidade e, ou, problemas de medição ou identificação. A correlação simples permite avaliar a magnitude e o sentido das relações entre dois caracteres, sendo de grande utilidade no melhoramento, por permitir avaliar a viabilidade da prática da seleção indireta, que, em alguns casos, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado (CRUZ *et al.*, 2014).

Dois fatores podem explicar as correlações, sendo: a ligação física de genes que estão no mesmo cromossomo e que afetam diferentes características e pela pleiotropia, ou seja, através do efeito de um mesmo gene em mais de uma característica (RAMALHO *et al.*, 2012b).

Vários estudos estimaram a correlação entre caracteres em feijão-caupi. Os resultados evidenciam uma maior tendência de correlações positivas e fortes entre os caracteres altura de planta, número de ramos primários por planta, peso de vagens e número de vagens por planta com a produtividade de grãos; entre o caráter comprimento de vagem e os caracteres peso de 100 grãos e número de grãos por vagem; e entre o peso de 100 grãos e o número de grãos por vagem. Entre as correlações negativas, destacam-se aquelas entre o caráter número de dias para floração/frutificação e a produtividade de grãos e o peso de 100 grãos e entre o caráter comprimento de vagem e o número de ramos por planta. Correlações baixas ou nulas têm sido observadas entre o caráter peso de 100 grãos e a produtividade de grãos (CORREA *et al.*, 2015; CALAMBE *et al.*, 2019; ARAMÉNDIZ-TATIS *et al.*, 2021; OWOSU *et al.*, 2021).

3 METODOLOGIA

3.1 Material genético

O material genético foi representado por 38 genótipos de feijão-caupi, sendo 36 linhagens e duas cultivares comerciais (testemunhas) (Tabela 1).

Tabela 1 - Genótipos de feijão-caupi avaliados no ensaio intermediário, parental/procedência e subclasse comercial. Teresina, PI, 2022.

Nº	Código da Linhagem	Parentais/Procedência	Subclasse comercial
1	Bico de Ouro-17-10	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
2	Pingo de Ouro-17-18	Pingo de Ouro Ipiranga-PI	Canapu
3	Bico de Ouro-17-19	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
4	Bico de Ouro-17-20	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
5	Bico de Ouro-17-21	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
6	Bico de Ouro-17-23	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
7	Bico de Ouro-17-24	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
8	Bico de Ouro-17-33	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
9	Bico de Ouro-17-35	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
10	Bico de Ouro-17-37	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
11	Bico de Ouro-17-38	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
12	Bico de Ouro-17-43	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
13	Bico de Ouro-17-44	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
14	Bico de Ouro-17-45	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
15	Bico de Ouro-17-46	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
16	Bico de Ouro-17-47	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
17	Bico de Ouro-17-48	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
18	Bico de Ouro-17-53	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
19	Pingo de Ouro-17-61	Pingo de Ouro Ipiranga-PI	Canapu
20	Pingo de Ouro-17-62	Pingo de Ouro Ipiranga-PI	Canapu
21	Bico de Ouro-17-64	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
22	Bico de Ouro-17-65	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
23	Pingo de Ouro-17-68	Pingo de Ouro Ipiranga-PI	Canapu
24	Pingo de Ouro-17-69	Pingo de Ouro Ipiranga-PI	Canapu
25	Pingo de Ouro-17-70	Pingo de Ouro Ipiranga-PI	Canapu
26	Pingo de Ouro-17-72	Pingo de Ouro Ipiranga-PI	Canapu

27	Pingo de Ouro-17-75	Pingo de Ouro Ipiranga-PI	Canapu
28	Bico de Ouro-17-80	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
29	Bico de Ouro-17-81	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
30	Bico de Ouro-17-82	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
31	Bico de Ouro-17-83	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
32	Bico de Ouro-17-86	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
33	Bico de Ouro-17-87	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
34	Bico de Ouro-17-89	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
35	Bico de Ouro-17-92	Bico de Ouro Ipiranga-PI	Sempre-verde
36	Pingo de Ouro-17-96	Pingo de Ouro Ipiranga-PI	Canapu
37	BRS Inhuma*	Inhuma-PI	Canapu
38	BRS Pajeú*	CNCx405-17F x TE94- 268-3D	Mulato

*Cultivares comerciais e testemunhas.

As linhagens foram provenientes da seleção de plantas individuais com teste de progênie a partir de coleta de 100 plantas dentro das cultivares locais Pingo de Ouro Ipiranga-PI (classe comercial cores, subclasse canapu) e Bico de Ouro Ipiranga-PI (classe comercial cores, subclasse sempre-verde) realizada em uma área de agricultor no município de Ipiranga do Piauí-PI, no ano de 2017.

Em 2018, as 100 plantas foram avaliadas novamente em Ipiranga do Piauí-PI em avaliação preliminar do programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, sediado em Teresina, PI. Este foi conduzido no delineamento de blocos aumentados de Federer, sem repetições, com uso de testemunhas comuns (BRS Pajeú e BRS Inhuma), e foram selecionadas 48 linhagens, com base no ciclo de maturação, porte da planta, tamanho do grão, produtividade de grãos, acamamento e valor agrônômico. Em 2019, as 48 linhagens foram avaliadas novamente em Ipiranga do Piauí-PI em dois ensaios no delineamento de grupos de experimentos em blocos ao caso com tratamentos comuns, correspondendo ao ensaio preliminar; como resultado, foram selecionadas 36 linhagens para compor o ensaio intermediário, conforme os mesmos critérios utilizados no ano de 2018.

3.2 Caracterização experimental

Foi conduzido um experimento correspondendo ao ensaio intermediário do programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, no município de Ipiranga do Piauí-PI, (latitude 06° 49' 42" S, longitude 41° 44' 26" W, altitude 424m), situado na zona semiárida, bioma Caatinga e mesorregião Centro-Leste do Piauí, em condições de sequeiro (período das chuvas), com a realização do plantio de janeiro a março de 2020. O clima do município é classificado como tropical (Aw) de acordo com Köppen e Geinger. Possui temperatura média por volta de 25,1°C e o verão muito mais pluvioso que o inverno, com 821 mm de média anual. As precipitações, as temperaturas máximas e mínimas captadas pela estação meteorológica mais próxima do campo experimental, durante o período de condução do ensaio, estão apresentadas na Figura 1.

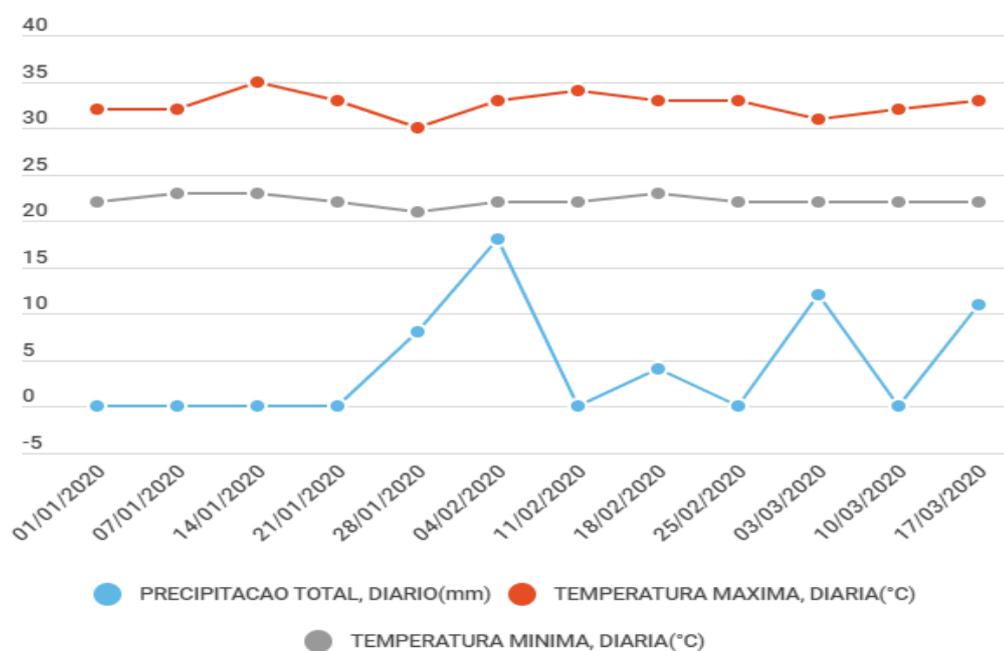


Figura 1 - Temperatura máxima e mínima (C°) e precipitação (mm) oriundas da estação meteorológica de Picos-PI, durante o período experimental. (Fonte: Inmet, 2021).

O delineamento experimental foi em blocos completos ao acaso, com duas repetições. A área da parcela teve dimensão de 10 m² (2 m x 5 m), composta por quatro fileiras, e a área útil de 5 m² (1,0 m x 5 m), composta pelas duas fileiras centrais, na qual foram coletados os dados. O espaçamento entre fileiras foi de 0,50 m, com duas sementes por cova, resultando em 20 plantas por fileira.

Foram coletadas amostras de solo da área experimental na camada de 0 a 20 cm, que depois foram reunidas e homogeneizadas em uma amostra, e então analisada no laboratório de solos da Embrapa Meio-Norte. A caracterização química do solo indicou: pH (H₂O) = 4,7; M.O = 1,4 dag kg⁻¹; K⁺ = 0,04 mmolc dm⁻³; Ca²⁺ = 0,50 cmolc dm⁻³; Na = 0,83 cmolc dm⁻³; Mg²⁺ = 0,11 cmolc dm⁻³; fósforo (Mehlich) = 10,20 mg dm⁻³; CTC = 4,85; saturação por bases (V) = 30%. Não foi utilizada adubação no experimento. A metodologia utilizada nas análises físicas e químicas do solo foi preconizada de acordo com Silva (1999).

3.3 Implantação e condução do ensaio

A semeadura dos ensaios foi realizada com 20 sementes por metro, sendo realizado um desbaste de plantas para uniformização do estande aos 15 dias após a semeadura. Capinas manuais foram executadas aos 20 e 35 dias após a semeadura. O controle de insetos pragas e doenças foi realizado com o emprego de defensivos agrícolas, quando necessário, de acordo com as recomendações da cultura. A colheita foi efetuada de forma manual em torno de 65 a 75 dias após o plantio. Uma visão geral do experimento é mostrada na Figura 2.



Figura 2 - Visão geral do experimento intermediário de feijão-caupi, na fase de floração e início da frutificação, conduzido no ano de 2020 em área do produtor João 40, localidade Malhadinha, no município de Ipiranga do Piauí-PI.

3.4 Caracteres avaliados

3.4.1 Caracteres agronômicos e comerciais

- Número de dias para o início da Floração (NDIF): número de dias do plantio até a fase com 50% das plantas da área útil da parcela apresentando flores, em dias;
- Comprimento de vagem (COMPV): média do comprimento de cinco vagens tomadas ao acaso na área útil da parcela, em cm;
- Número de grãos por vagem (NGV): média do número de grãos obtidos a partir de cinco vagens tomadas ao acaso na área útil da parcela, em unidade;
- Peso de 100 grãos (P100G): peso médio de 100 grãos tomadas ao acaso na área útil da parcela, em gramas;
- Índice de grãos (IG): razão entre o peso de grãos de cinco vagens e o peso de cinco vagens, tomadas ao acaso na área útil da parcela, em %;
- Qualidade comercial do grão (QCG): avaliado segundo a seguinte escala de notas visuais, de acordo com a cor, forma, tamanho, aspecto do hilo e presença/ausência de defeitos do grão: 1 - Péssima: grão com muita perda de cor pós-colheita, formato não reniforme, com número de grãos/100 gramas abaixo de 400 grãos ou acima de 500 grãos e presença de defeitos (rachaduras no tegumento e/ou bico de peixe); 2: Ruim: grão com muita perda de cor pós-colheita, formato não reniforme, número de grãos/100 gramas abaixo de 400 ou acima de 500 grãos e ausência de defeitos; 3- Regular: grão com pouca perda de cor pós-colheita, formato não reniforme, número de grãos/100 gramas entre 400 a 500 grãos e ausência de defeitos; 4 - Boa: grão com pouca perda de cor pós-colheita, formato reniforme, com número de grãos por 100 gramas entre 400 a 500 grãos e ausência de defeitos; 5 - Excelente: grão com ausência ou pouca de perda de cor pós-colheita, formato reniforme e número de grãos/100 gramas entre 400 a 500 grãos e ausência de defeitos. Os dados foram transformados em $\sqrt{(x+0,5)}$ para a realização das análises estatísticas;
- Produtividade de grãos (PROD): produtividade de grãos na área útil da parcela (m^2), em $g\ m^{-2}$, extrapolada para $kg\ ha^{-1}$.

3.4.2 Caracteres nutricionais e de cozimento

As análises nutricionais foram realizadas no laboratório de Bromatologia da Embrapa Meio-Norte, localizado no município de Teresina-PI. Para as análises, as

amostras de grãos foram lavadas com água destilada, sendo em seguida levadas para estufa a 60°C durante 48h. Posteriormente, com o auxílio do moinho de bolas de zircônia (MM 200) os grãos foram triturados, para a obtenção de uma farinha. Essa farinha foi armazenada em saco fechado de polietileno identificado, mantida em desumidificador a temperatura ambiente (Figura 3), segundo metodologia descrita por Silva, Rocha e Brazaca (2009). A partir da farinha foram realizadas todas as análises nutricionais.



Figura 3 - Preparação de amostras de feijão-caupi para as análises nutricionais.

3.4.2.1 Teor de proteínas

O conteúdo de proteínas foi baseado na determinação de nitrogênio, pelo método de Kjeldahl, segundo AOAC (2016), usando-se o fator de conversão 6,25. Dessa forma, foram pesados cerca de 200 mg da amostra sendo em seguida transferida para tubos de digestão (tubo Kjeldahl de digestão de proteína). Nos tubos de digestão contendo a amostra adicionou-se a amostra 5 mL de ácido sulfúrico concentrado e 2g de mistura catalítica (96,5% de sulfato de potássio e 3,5% de sulfato

de cobre), em seguida os tubos foram aquecimento em bloco digestor a uma temperatura de 450°C, por 1h40min, até a solução ser totalmente digerida, (apresentando coloração azul-esverdeada, livre de material não digerido).

Após desligar o equipamento digestor e o resfriamento dos tubos, foram adicionados 10 mL de água destilada e o tubo foi acoplado no destilador. A destilação foi realizada no destilador de Nitrogênio/proteína (Te-0363-Agroads). Adicionou-se ao frasco com a amostra digerida, por meio de um funil com torneira, 15 mL de solução de hidróxido de sódio a 50% até garantir um rápido excesso de base. No erlemeyer adicionou-se 10 mL de solução de ácido bórico e indicadores e acoplado para recolhimento do destilado. Após a ebulição ocorreu a destilação até a obtenção de 100mL do destilado. Em seguida o destilado foi titulado com ácido clorídrico 0,02N de fator conhecido (Figura 4).

O teor de proteínas (%) foi obtido pela fórmula:

$$\text{Percentual de Nitrogênio Total} = \frac{\text{Vac} * \text{F} * 0,14}{\text{P}}; \quad \text{Equação (1)}$$

Onde:

Vac: Volume de ácido clorídrico utilizado na titulação;

F: fator de correção da solução de ácido clorídrico;

P: peso da amostra em gramas.

O cálculo do teor de proteína (em porcentagem) foi obtido por meio da seguinte fórmula:

$$\text{Teor de proteína (\%)} = \text{Nitrogênio Total} \times 6,25; \quad \text{Equação (2)}$$

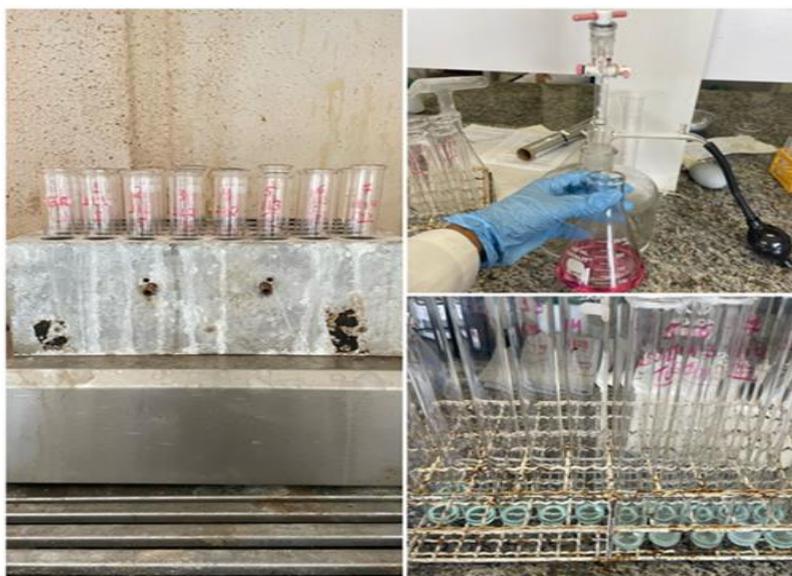


Figura 4 - Etapas de análise do teor de proteínas presentes nos grãos de feijão-caupi.

3.4.2.2 Teores de ferro e zinco

Os teores de ferro e zinco no grão foram determinados, utilizando-se a técnica de espectrofotometria de absorção atômica com fonte de chamas, segundo Sarruge e Haag (1974). A análise consistiu na digestão com ácido nitro-perclórico com a solução $\text{HNO}_3:\text{HClO}_4$ na proporção 2:1 de 0,3 g da amostra, sendo posteriormente transferida para o tubo de digestão e adicionado 5 mL de solução digestora. Os tubos foram colocados no equipamento digestor aquecido a 200 °C por 2 horas.

Após a completa digestão das amostras e os tubos resfriados, os extratos se apresentaram volume aproximado de 2 mL, sendo em seguida completou-se o volume até atingir 20mL adicionando água destilada e os tubos foram agitados em agitador tipo vortex. Com o preparo das amostras finalizadas, realizou-se a leitura direta no espectrofotômetro de absorção atômica de chama (iCE 3000 Series, País), selecionando o comprimento de onda específico de cada elemento de maneira prévia (Figura 5). Todas as análises foram realizadas em duplicata. A determinação dos minerais foi realizada conforme Silva e Queiroz (2002).



Figura 5 - Etapas das análises dos teores de ferro e zinco presentes nos grãos de feijão-caupi.

3.4.2.3 Qualidade de cozimento

A qualidade de cozimento do grão após um ano de armazenamento em ambiente refrigerado foi avaliada pelo método proposta por Carvalho *et al.* (2017a) com adaptações para os grãos de feijão-caupi, segundo Barros *et al.* (2019) e Freitas *et al.* (2022). Duas repetições, onde cada amostra continha 25 grãos sem danos mecânicos foram preparados, identificados e acondicionados em sacos de organza, ou seja, foram avaliadas duas repetições para cada genótipo. Os sacos foram colocados em água destilada por 60 minutos e em seguida no fundo de uma panela de pressão elétrica (Eletrolux) com uma capacidade de 5 litros para o cozimento, utilizando 3/5 da capacidade da panela; mantendo a água em que os sacos foram embebidos.

Os grãos foram cozidos por 30 minutos. Posteriormente, as amostras foram tiradas imediatamente da panela colocadas em uma bancada para resfriar por cinco minutos. A avaliação da porcentagem de grãos cozidos foi realizada com o auxílio do cozedor de Mattson (1946), identificando o número de pinos que perfuraram de forma imediata os grãos. Assim, quanto maior a porcentagem de grãos totalmente perfurados, maior a qualidade de cozimento. Os tempos de imersão e cozimento foram pré-determinados em testes preliminares realizados por Barros *et al.* (2019). Considerou-se uma amostra cozida quando 13 dos 25 grãos foram perfurados pelas varetas do cozedor de Mattson, sendo indicado para o consumo (Figura 6).



Figura 6 - Etapas para análise da qualidade de cozimento dos grãos de feijão-caupi.

3.5 Análises estatísticas

Em modelo individual, o método utilizado foi o da máxima verossimilhança restrita (REML/BLUP). Esse método se torna o método padrão para estimar componentes de variação e parâmetros genéticos, preferencialmente quando se tem um baixo número de repetições. Essa análise foi realizada com auxílio do software estatístico SELEGEN – REML/BLUP versão 2016, abordando o modelo 21, que consiste no seguinte estimador:

$$Y = Xr + Zg + e \quad \text{Equação (3)}$$

Em que:

Y = é o vetor dos dados;

μ = é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados a média geral;

g = é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

e = é o vetor de erros ou resíduos (assumidos como aleatórios);

X e Z = representam as matrizes de incidência para os efeitos mencionados.

Os componentes de variância adquiridos, via REML, foram posteriormente utilizados para elaboração dos seguintes parâmetros genéticos:

- Variância fenotípica: (σ_f^2) ;
- Variância ambiental média: (σ_e^2) ;
- Variância genotípica média: (σ_g^2) ;
- Herdabilidade no sentido amplo: (h^2) ;
- Coeficiente de variação genético: (CV_g) ;
- Coeficiente de variação experimental: (CV_e) ;
- Coeficiente de variação relativa: $(\frac{CV_g}{CV_e})$;
- Acurácia seletiva da linhagem: (aclinh).

a) Coeficiente de correlação genotípica entre os pares de caracteres foi obtido através das respectivas estimativas de variância e covariância, com base na expressão:

$$r_G = \frac{C^{ov}_G(x,y)}{\sqrt{V^*_G(x) V^*_G(y)}}; \quad \text{Equação (5)}$$

Em que:

$C^{ov_G}(x,y)$ = covariância genotípica dos caracteres x e y, obtida pela expressão:

$$\frac{C^{ov_F}(x,y) - C^{ov_A}(x,y)}{r}, \quad \text{Equação (6)}$$

$C^{ov_F}(x,y)$ = covariância fenotípica dos caracteres x e y.

$C^{ov_A}(x,y)$ = covariância ambiental dos caracteres x e y.

r = número de repetições do experimento.

$V^G(x)$ = variância genotípica do caráter x, obtida pela expressão:

$$\frac{V^F(x) - V^A(x)}{r}, \quad \text{Equação (7)}$$

$V^F(x)$ = variância fenotípica para o caráter x.

$V^A(x)$ = variância ambiental para o caráter x.

r = número de repetições do experimento.

$V^G(y)$ = variância genotípica do caráter y, obtida pela expressão:

$$\frac{V^F(y) - V^A(y)}{r}, \quad \text{Equação (8);}$$

$V^A(y)$ = variância ambiental para o caráter y.

$V^F(y)$ = variância fenotípica para o caráter y.

r = número de repetições do experimento.

O teste de razão da Verossimilhança (LTR) foi realizado com a finalidade de avaliar a significância entre os efeitos aleatórios do modelo linear misto, disposto por meio da diferença entre as variantes para o modelo com o efeito e sem o efeito a serem testados, onde a significância foi comparada com o teste do Qui-quadrado, com 1 grau de liberdade.

O ganho genético com a seleção simultânea dos principais caracteres foi realizado utilizando-se o índice de seleção de soma de postos (IMM) proposto por Mulamba e Mock (1978), onde a seleção foi realizada com base na classificação ou

ordenação das linhagens para os múltiplos caracteres. O cálculo depende apenas das médias genóticas, não sendo atribuídos pesos econômicos aos caracteres.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de Deviance

Segundo a análise de Deviance (Tabela 2), observou-se diferença significativa ($p \leq 0,5$; $p \leq 0,01$) entre os genótipos pelo teste do qui-quadrado para NDIF, COMPV, NGV, P100G e PROD; no entanto, não houve diferença significativa para os caracteres IG, QCG, PGC, TZn, PROT e TFe. A existência de diferenças via análise de Deviance para a PROD e alguns outros caracteres também foi relatada nos estudos realizados por Araújo *et al.* (2021) e por Cruz *et al.* (2021).

Tabela 2 - Análises de Deviance (ANADEV) individuais dos caracteres avaliados no ensaio intermediário. Teresina, PI, 2022.

NDIF ⁽¹⁾			COMPV ⁽²⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótip	173,38 ⁺	12,38 ^{**}	Genótipo	251,53 ⁺	4,17 [*]
o					
Modelo complet	161,00		Modelo completo	247,37	
o					
NGV ⁽³⁾			P100G ⁽⁴⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótip	193,02 ⁺	4,37 [*]	Genótipo	240,00 ⁺	7,22 ^{**}
o					
Modelo complet	188,65		Modelo completo	232,78	
o					
IG ⁽⁵⁾			PROD ⁽⁶⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótip	392,77 ⁺	0,01 ^{ns}	Genótipo	937,40 ⁺	11,71 ^{**}
o					
Modelo complet	392,76		Modelo completo	925,69	
o					
++QCG ⁽⁷⁾			PGC ⁽⁸⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótip	-196,65 ⁺	2,46 ^{ns}	Genótipo	232,51 ⁺	0,09 ^{ns}
o					
Modelo complet	-199,11		Modelo completo	232,42	
o					
TZn ⁽⁹⁾			Prot ⁽¹⁰⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT

Genótip	244,58 ⁺	2.55 ^{ns}	Genótipo	114,49 ⁺	3,02 ^{ns}
Modelo complet	242,03		Modelo completo	111,47	
TFe ⁽¹¹⁾					
Efeito	Deviance	LRT			
Genótip	280,35 ⁺	0,28 ^{ns}			
Modelo complet	280,07				

⁽¹⁾ Número de dias para Início da floração; ⁽²⁾ Comprimento de vagem; ⁽³⁾ Número de grãos por vagem; ⁽⁴⁾ Peso de 100 grãos; ⁽⁵⁾ Índice de grãos; ⁽⁶⁾ Produtividade de grãos em kg ha⁻¹; ⁽⁷⁾ Qualidade comercial do grão; ⁽⁸⁾ Porcentagem de grãos cozidos (%); ⁽⁹⁾ Teor de zinco (mg/kg); ⁽¹⁰⁾ Teor de proteínas (%); ⁽¹¹⁾ Teor de ferro (mg/kg); LRT (teste de razão de verossimilhança); Qui – quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1% respectivamente; + Deviance do modelo ajustado sem o efeito mencionado; ++ Variáveis transformadas para $\sqrt{(x + 0,5)}$.

A ocorrência de significância para esses caracteres indica que, apesar dos vários ciclos de seleção realizados anteriormente, ainda há variabilidade genética que permite ao melhorista a prática da seleção e obtenção de ganhos por seleção, e conseqüentemente, genótipos superiores para esses caracteres, onde o aumento de produtividade é um dos principais objetivos dos programas melhoramento de feijão-caupi (ROCHA *et al.*, 2017a; SINGH *et al.*, 2020). A ausência de diferenças significativas para os caracteres IG, QCG, PGC, PROT, TFe e TZn, deve-se provavelmente à baixa diversidade genética entre os genótipos avaliados, decorrente dos vários ciclos de seleção realizados em gerações anteriores de endogamia (COBB *et al.*, 2019). Esses resultados demonstram que para esses caracteres, os genótipos avaliados apresentam o mesmo comportamento, indicando que não haverá mais ganhos genéticos com a prática da seleção.

4.2 Parâmetros genéticos

As estimativas de variância genotípica (σ^2_g), variância residual (σ^2_e), variância fenotípica (σ^2_f), herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g), herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias dos genótipos (h^2_{mg}), acurácia seletiva ($f_{\hat{g}g}$), coeficiente de variação genotípica (CV_{g_i} %); coeficiente de variação residual (CV_e %), coeficiente de variação relativa (CV_r), estão apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3 - Estimativa de parâmetros genéticos (REML) para dez caracteres¹ avaliados em 38 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário. Teresina, PI, 2022.

Parâmetro	NDIF	COMPV	NGV	P100G	IG	PROD	QCG*	PGC	TZn	Prot	TFe
σ^2_g	1,8512	3,2572	1,5110	3,5961	1,1629	55089,1810	0,0060	2,4399	2,3420	0,4381	1,2771
σ^2_e	1,6203	6,7246	3,0159	4,9457	66,1701	50699,8793	0,0175	3,1291	6,7440	1,1283	13,4585
σ^2_f	3,4715	9,9818	4,5269	8,5418	67,3329	105789,0603	0,0224	5,5690	9,0860	1,5664	14,7355
h^2_g	0,5333	0,3263	0,3338	0,4210	0,0173	0,5207	0,2538	0,4381	0,2578	0,2797	0,0867
h^2_{mg}	0,6956	0,4921	0,5005	0,5925	0,0340	0,6849	0,4048	0,6093	0,4099	0,4371	0,1595
\hat{r}_{gg}	0,8340	0,7015	0,7075	0,7698	0,1843	0,8276	0,6363	0,7806	0,6402	0,6612	0,3994
CV _g %	3,3573	9,1816	8,3381	9,5138	1,3238	23,7720	3,9417	7,4154	3,6109	2,7085	1,6477
CV _e %	3,1409	13,1925	11,7806	11,1571	9,9858	22,8053	6,7593	8,3977	6,1274	4,3465	5,3489
CV _r	1,0689	0,6960	0,7078	0,8527	0,1326	1,0424	0,5832	0,8830	0,5893	0,6231	0,3080
Média geral	40,6263	19,6565	14,7421	19,9325	81,461	987,3421	1,9542	21,0645	42,3821	24,4382	68,5853

¹NDIF: Número de dias para Início da floração; COMPV: Comprimento de vagem; NGV: Número de grãos por vagem; P100G: Peso de 100 grãos; IG: Índice de grãos; PROD: Produtividade de grãos em kg ha⁻¹; QCG: Qualidade comercial do grão; PGC: Porcentagem de grãos cozidos (%); TZn: Teor de zinco (mg/kg); Prot: Teor de proteínas (%); TFe: Teor de ferro (mg/kg); σ^2_g : variância genotípica; σ^2_e : variância residual; σ^2_f : variância fenotípica; h^2_g : herdabilidade individual no sentido amplo; h^2_{mg} : herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias dos genótipos; \hat{r}_{gg} : acurácia seletiva; CV_g%: coeficiente de variação genotípica; CV_e%: coeficiente de variação residual; CV_r: coeficiente de variação relativa. *Variáveis transformadas para $\sqrt{(x + 0,5)}$.

As maiores estimativas de variâncias fenotípicas (σ^2_f) foram observadas para os caracteres PROD, IG, P100G, COMPV, NGV, TFe e TZn; no entanto, entre esses caracteres, com exceção da PROD, todos apresentaram variância residual (σ^2_e) maior do que a variância genotípica (σ^2_g), sendo os caracteres IG e TFe os que tiveram maior influência do componente ambiental no fenótipo. Os caracteres NDIF e PROD foram os únicos que apresentaram o componente genético maior do que o componente ambiental na expressão do fenótipo. Isso indica que entre todos os caracteres estudados, o NDIF e a PROD são os que apresentam maior probabilidade de sucesso com a seleção.

As maiores estimativas de herdabilidade a nível individual e de médias foram observadas para os caracteres NDIF, COMPV, NGV, P100G, PROD e PGC (Tabela 3). Uma vez validada a variação existente entre os genótipos avaliados, é importante estratificá-la em fontes de variação ambiental e genética (NETO *et al.*, 2017). As variáveis que não apresentaram variabilidade genética na ANADEV apresentaram valores para esses parâmetros muito inferiores aos descritos acima. Portanto, todas as alterações encontradas para IG, QCG, TZn, PROT e TFe são de natureza ambiental e não podem ser transmitidas após sucessivos ciclos de seleção (RAMALHO *et al.*, 2012a)

As estimativas de herdabilidade (h^2_g e h^2_{mg}) indicam que os caracteres NDIF e a PROD são os que apresentam maior componente genético na expressão do fenótipo. Os valores de herdabilidade para PROD foram semelhantes aos encontrados por Torres *et al.* (2015) e Sousa *et al.* (2019), e superiores aos encontrados por Cruz *et al.* (2021) (0,11), sendo considerado de baixa magnitude. Segundo Teixeira *et al.* (2007), estimativas elevadas para h^2 podem ser devidas à variabilidade genética inerente aos genótipos testados, em razão de cada um deles contribuir com uma identidade genética distinta. Correa *et al.* (2012) relatam que altas estimativas de h^2 para componentes de produção associadas a estimativas de correlações diretas e de alta magnitude com o caráter PROD podem indicar a possibilidade de se fazer seleção indireta, via componentes de produção, para o aumento da PROD, caráter este, bastante influenciado pelo ambiente e de baixa herdabilidade, o que determina baixa eficiência na seleção direta.

As estimativas dos coeficientes de variação genotípico (CV_{gi}) e residual (CV_e) seguiram os mesmos comportamentos observados pelas estimativas de σ^2_g e σ^2_e , sendo os caracteres PROD, COMPV, P100g, NGV e PGC os que apresentaram as

maiores estimativas de CV_{gi} e PROD, IG, COMPV, NGV, P100G e PGC, os que mostraram maiores valores de CV_e . Esses parâmetros permitem comparar a variabilidade genética e ambiental entre os caracteres e indica que os caracteres PROD, COMPV e P100G são os que apresentam maior variabilidade genética, enquanto PROD, IG e COMPV, maior variabilidade ambiental. O fato dos caracteres PROD e COMPV apresentarem alta variabilidade genética e ambiental ao mesmo tempo indica que as estimativas desses dois parâmetros de forma isolada não são bons indicadores para a seleção.

O coeficiente de determinação relativo (CV_r) é outro parâmetro genético muito importante, relacionado o coeficiente de variação genotípico e o coeficiente de variação experimental (CV_{gi}/CV_e). É importante notar que na literatura, relações entre coeficientes genotípicos e ambiental geralmente permitem a seleção do caráter de estudo desde que a razão entre eles seja igual ou superior a 1 (MEIRA *et al.*, 2017).

As estimativas do CV_r foram acima de 1 somente para os caracteres NDIF e PROD, indicando que, relativamente aos demais caracteres, são os menos influenciados pelo ambiente e que maior eficiência de seleção será obtida nesses caracteres, quando comparado com os demais. Silva e Neves (2011), estudando genótipos de feijão-caupi sob irrigação, encontraram valor acima de 1 apenas para o caráter COMPV (1,18) e PROD (2,40). Segundo Resende e Duarte (2007), a obtenção de uma certa precisão e o valor desse coeficiente está diretamente relacionado ao número de repetições usadas no experimento. Segundo esses autores, para obter precisão seletiva, os valores no intervalo classificado como "muito alto" em um experimento com duas repetições, o CV_r deve ser igual ou superior a 1,5. Com base nesses autores, as estimativas obtidas para esse parâmetro pelos caracteres NDIF e PROD, a precisão seletiva pode ser considerada alta no presente trabalho.

A acurácia seletiva (f_{gg}) é o parâmetro genético mais importante e está ligada ao valor genético real de cada genótipo quando o efeito do genótipo no modelo é misto (fixo e aleatório), tendo como alicerce os dados experimentais fenotípicos, variando de 0 a 1, onde os valores mais próximos da unidade são almejavéis (RESENDE; DUARTE, 2007). Em geral os valores de acurácia alcançados no experimento variaram de moderado a alto, segundo a classificação proposta por Resende e Alves (2020). As menores estimativas para este parâmetro foram para os caracteres IG (0,18) e TFe (0,40), e os maiores valores foram para os caracteres NDIF

(0,83), PROD (0,83), PGC (0,78) e P100G (0,76). Ou seja, as acurácias obtidas revelaram uma qualidade experimental variando de moderada a alta, o que corresponde a uma maior segurança e credibilidade na seleção de genótipos superiores no programa de melhoramento (TORRES FILHO *et al.*, 2017).

Para o caráter PROD, Torres *et al.* (2015) e Rocha *et al.* (2017a), observaram acurácias de 82% e 85%, respectivamente. Essas estimativas são bastante semelhantes à observada no presente estudo, revelando uma boa qualidade experimental, atribuindo a esse estudo segurança e credibilidade para selecionar genótipos superiores quanto a esse caráter. Contrariamente, baixas estimativas de acurácias foram observadas (20 a 33%) por Torres Filho *et al.* (2017), estudando a PROD de grão imaturos de genótipos de feijão-caupi em Mossoró-RN; e Cruz *et al.* (2021), avaliando genótipos de feijão-caupi no noroeste do Rio de Janeiro.

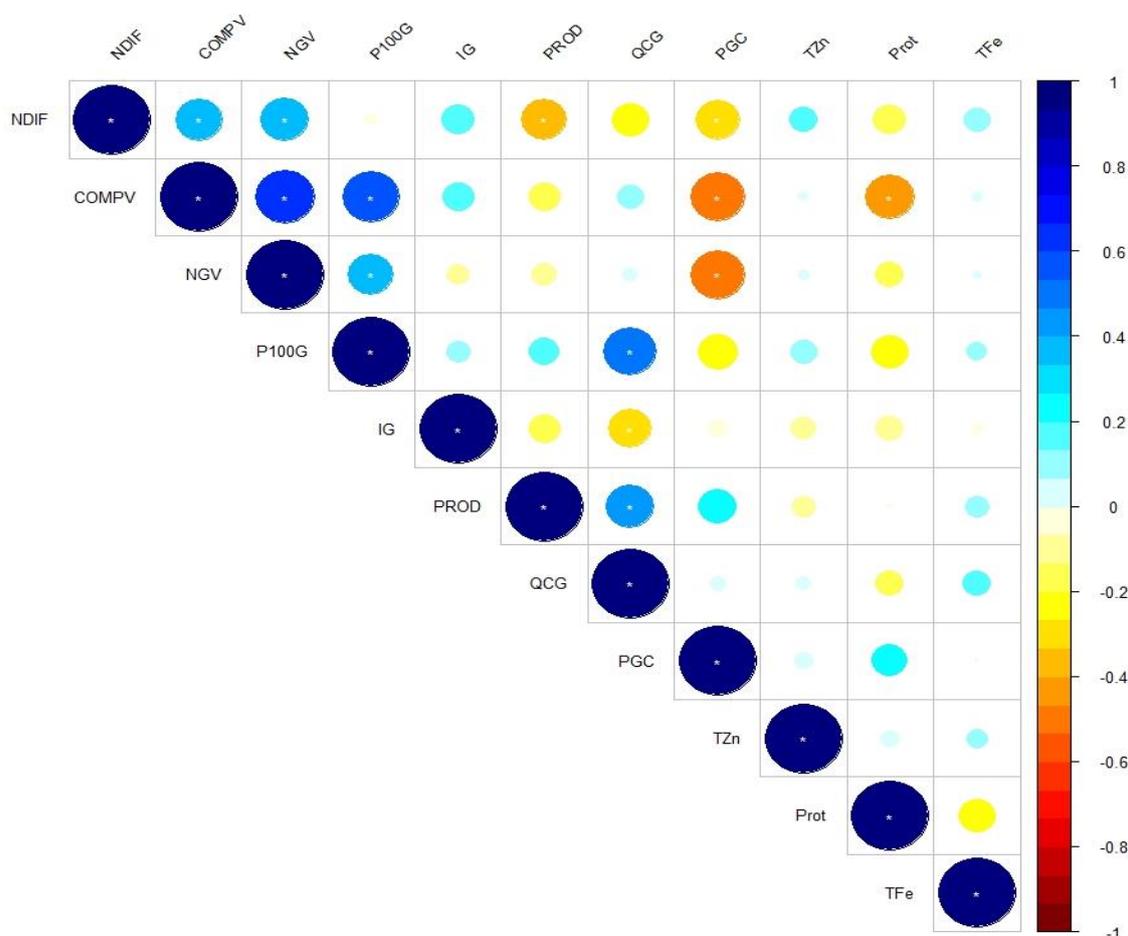


Figura 7 - Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre caracteres avaliados em 37 linhagens de feijão-caupi. NDIF: Número de dias para Início da floração; COMPV: Comprimento de vagem; NGV: Número de grãos por vagem; P100G: Peso de 100 grãos; IG: Índice de grãos; PROD: Produtividade de grãos (kg ha^{-1}); QCG: Qualidade comercial do grão; PGC: Porcentagem de grãos cozidos (%); TZn: Teor de zinco (mg kg^{-1}); Prot: Teor de proteínas (%); TFe: Teor de ferro (mg kg^{-1}); *Significativo à 5% de probabilidade pelo teste t.

Segundo Resende e Alves (2020), o coeficiente de correlação genética (r_g) não deve ser explicado apenas em termos de sua significância, mas principalmente em termos de sua magnitude, podendo ser dividido em 3 categorias diferentes: baixo, quando o valor de r_g está compreendido entre 0 a 0,33; médio, quando o valor de r_g está entre 0,34 e 0,66; e alto, quando o valor encontra-se no intervalo entre 0,67 e 1. Ele pode ser positivo ou negativo, variando de -1 a 1.

Os valores de r_g obtidos neste estudo são em sua maioria de baixa magnitude e não significativos (Figura 7). Isso indica que há uma relação independente entre a maioria dos pares de caracteres avaliados e, neste caso, o melhoramento de um caráter não afeta o outro caráter. No entanto, algumas correlações de média magnitude importantes foram estabelecidas e serão discutidas abaixo.

As correlações genotípicas entre o NDIF e os caracteres COMPV e NGV foram positivas e significativas ($P < 0,05$), indicando que a seleção para precocidade pode levar a diminuição no comprimento da vagem e no número de grãos por vagem, situação não desejável para o agricultor familiar, pois estes preferem vagens grandes; já para o agricultor empresarial, que demanda cultivares precoces para o cultivo na safrinha, a vagem pequena não é uma característica negativa, desde que a cultivar apresente alta produção por hectare. As correlações foram semelhantes ao observado por Correa *et al.* (2012), estudando um grupo de cultivares comerciais e linhagens avançadas de feijão-caupi.

A correlação genotípica entre o NDIF e a PROD foi negativa e significativa, sendo semelhante ao encontrado por Correa *et al.* (2015), que observaram $r_g = -0,43$. Isso indica que é possível obter por meio da seleção genótipos precoces e com alta produtividade de grãos. No plantio em grande escala (agricultores empresariais), o feijão-caupi é cultivado fora da estação e tem uma janela de chuva curta (safrinha), e a demanda por cultivares precoces ou superprecoces está aumentando. A correlação genotípica entre o NDIF e PGC foi negativa e significativa ($P < 0,05$), inferindo que a seleção de genótipos mais precoces pode levar ao aumento da porcentagem de grãos cozidos. Essa situação é desejável para produtores e consumidores, podendo-se obter cultivares precoces e de alta qualidade de cozimento do grão.

As estimativas de r_g significativas ($P < 0,05$), positivas e de média a alta magnitude de observadas entre COMPV e os caracteres NGV ($r_g = 0,61$) e P100G ($r_g = 0,54$), apresentam-se como associações desejáveis. A correlação genotípica

entre COMPV e NGV mostra que a seleção para aumento do comprimento da vagem levará também a um aumento do número de grãos por vagem. Essa associação é desejável para o agricultor familiar, já que eles preferem vagens grandes. Associação positiva e de média magnitude entre COMPV e NGV também foi observada no estudo realizado por Kouam *et al.* (2018) em um estudo conduzido a região oeste de Camarões; já Públio-Júnior *et al.* (2018), avaliando genótipos de feijão-caupi em Vitória da Conquista-BA, observaram correlação positiva entre esses dois caracteres, porém de alta magnitude ($r_g = 0,74$). A associação positiva entre o COMPV e o P100G também é favorável, tendo em vista que a demanda atual por ambos os tipos de produtores (familiar e empresarial) é por cultivares com grãos de tamanho grande (avaliada indiretamente pelo P100G).

O NGV apresentou correlação positiva e significativa ($P < 0,05$) e de média magnitude com o P100G ($r_g = 0,34$) e alta e positiva com a PGC ($r_g = 0,60$). Isso indica que se pode utilizar a seleção indireta via o NGV para aumentar o tamanho do grão e a qualidade de cozimento. No que se refere à correlação entre NGV e P100G, Oliveira (2014) e Correa *et al.* (2015) obtiveram valores no mesmo sentido encontrado no presente estudo e com intensidades variando de média ($r_g = 0,49$) à alta ($r_g = 0,86$); em contrapartida, Correa *et al.* (2012) e Públio-Júnior *et al.* (2018) ($r_g = -0,25$), observaram sentido oposto para essa correlação, com estimativas de r_g igual a $-0,15$ e $-0,25$, respectivamente.

Observou-se uma correlação genotípica negativa e de alta magnitude entre o COMPV e os caracteres PGC ($r_g = -0,60$) e Prot ($r_g = -0,50$), indicando que o aumento do comprimento de vagem pode levar a decréscimos na qualidade de cozimento e no teor de proteínas nos grãos. Isso é indesejável para ao agricultor familiar que prefere vagens grandes; No entanto, a diminuição do tamanho da vagem, que leva a um aumento da qualidade de cozimento e no teor de proteínas nos grãos, não traz dificuldades de aceitação pelo agricultor empresarial.

O P100G e a PROD apresentaram correlação genotípica significativa ($P < 0,05$), positiva e de média magnitude com a QCG ($r_g = 0,40$ a $0,50$), sugerindo que o aumento do tamanho do grão pode trazer acréscimos simultâneos na produtividade e qualidade comercial do grão. Este compreende um conjunto de características morfológicas, tais como cor, forma e aspecto do tegumento do grão (FREIRE FILHO *et al.*, 2017).

4.3 Seleção de linhagens superiores via BLUPs

Para a seleção de 14 genótipos superiores a serem avaliados no ensaio avançado, foi adotada uma intensidade de seleção de 38,8% e a variabilidade genética disponível, pode-se obter um ganho genético significativo via desvios positivos dos BLUPs relacionados com as linhagens selecionadas. Para estimativas BLUPs, estudos relacionados aos caracteres NDIF, COMPV, NGV, e P100G, não são relatados com muita frequência na cultura do feijão-caupi. A ausência de variabilidade genética para alguns caracteres pode ser explicada devido ao alto grau de melhoramento encontrado nas linhagens em fase final do programa de melhoramento da Embrapa Meio-Norte em fase avançada (MATOS FILHO *et al.*, 2014; TORRES FILHO *et al.* (2017).

O caráter NDIF apresentou um intervalo de seleção compreendido pelos genótipos 18, 29, 30, 36, 37, 6, 13, 17, 5, 3, 15, 38, 2, 8 (Tabela 4). O último integrante do intervalo de seleção apresentou ganho de -0,90% e o primeiro colocado -6,05% e ganho genético geral -1,03 (-2,56%). Esses valores sugerem que, após a seleção, predominam as linhagens de ciclo mais precoce, o que é importante para o melhoramento genético do feijão-caupi, uma vez que, genótipos de ciclos mais curtos permitem o seu cultivo em períodos de final de chuvas, na safrinha, em sucessão às grandes culturas, muito comum nos cerrados do Norte, Centro-Oeste, Sudeste e Meio-Norte do Brasil.

Tabela 4 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter número de dias para início da floração (NDIF) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
25	1	2,4162	42,943	2,4162	42,943
32	2	2,0684	42,595	2,2423	42,769
20	3	1,7206	42,247	2,0684	42,595
23	4	1,3729	41,899	1,8945	42,421
26	5	1,3729	41,899	1,7902	42,317
33	6	1,3729	41,899	1,7206	42,247
35	7	1,3729	41,899	1,671	42,197
22	8	1,0251	41,551	1,5902	42,117
24	9	1,0251	41,551	1,5274	42,054
4	10	0,6773	41,204	1,4424	41,969
19	11	0,6773	41,204	1,3729	41,899
27	12	0,6773	41,204	1,3149	41,841
1	13	0,3295	40,856	1,2391	41,765

21	14	0,3295	40,856	1,1741	41,7
28	15	0,3295	40,856	1,1178	41,644
9	16	-0,0183	40,508	1,0468	41,573
31	17	-0,0183	40,508	0,9842	41,511
34	18	-0,0183	40,508	0,9285	41,455
7	19	-0,3661	40,16	0,8603	41,387
10	20	-0,3661	40,16	0,799	41,325
11	21	-0,3661	40,16	0,7435	41,27
12	22	-0,3661	40,16	0,6931	41,219
14	23	-0,3661	40,16	0,647	41,173
16	24	-0,3661	40,16	0,6048	41,131
18	25	-0,3661	40,16	0,566	41,092
29	26	-0,3661	40,16	0,5301	41,057
30	27	-0,3661	40,16	0,4969	41,023
36	28	-0,3661	40,16	0,4661	40,992
37	29	-0,3661	40,16	0,4374	40,964
6	30	-0,7139	39,812	0,399	40,925
13	31	-0,7139	39,812	0,3631	40,89
17	32	-0,7139	39,812	0,3295	40,856
5	33	-1,0617	39,465	0,2873	40,814
3	34	-1,4095	39,117	0,2374	40,764
15	35	-1,4095	39,117	0,1904	40,717
38	36	-1,7573	38,769	0,1363	40,663
2	37	-2,4528	38,074	0,0663	40,593
8	38	-2,4528	38,074	0	40,526
Média geral			40,5263		

O COMPV apresentou média de 19,65 centímetros (Tabela 5). Os genótipos que se destacaram para esse caráter foram 25, 36, 24, 5, 20, 23, 26, 34, 38, 19, 28, 29, 8, 2. O ganho genético com a seleção dessas linhagens para esse caráter proporciona um deslocamento significativo da média geral, com ganho genético individual mínimo e máximo pelo intervalo de seleção compreendido de 0,02 cm (0,10%) e 5,14 cm (26,14%), respectivamente, e ganho genético geral de 1,23 cm (6,2%).

Tabela 5 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter comprimento de vagem (COMPV) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
25	1	5,1388	24,795	5,1388	24,795
36	2	1,9896	21,646	3,5642	23,221

24	3	1,842	21,499	2,9901	22,647
5	4	1,4484	21,105	2,6047	22,261
20	5	1,2024	20,859	2,3242	21,981
23	6	1,1039	20,7600	2,1209	21,777
26	7	1,1039	20,7600	1,9756	21,632
34	8	1,1039	20,7600	1,8666	21,523
38	9	0,7595	20,4160	1,7436	21,4
19	10	0,7103	20,367	1,6403	21,297
28	11	0,4643	20,121	1,5334	21,19
29	12	0,2183	19,875	1,4238	21,08
8	13	0,169	19,826	1,3273	20,984
2	14	0,0214	19,678	1,234	20,89
22	15	0,0214	19,678	1,1531	20,81
31	16	-0,1262	19,53	1,0732	20,73
27	17	-0,2246	19,432	0,9969	20,653
35	18	-0,2246	19,432	0,929	20,585
17	19	-0,3722	19,284	0,8605	20,517
11	20	-0,4214	19,235	0,7964	20,453
32	21	-0,4214	19,235	0,7384	20,395
9	22	-0,4214	19,235	0,6857	20,342
21	23	-0,4706	19,186	0,6354	20,292
7	24	-0,4706	19,186	0,5893	20,246
4	25	-0,5198	19,137	0,545	20,201
37	26	-0,5936	19,063	0,5012	20,158
3	27	-0,7166	18,94	0,4561	20,113
6	28	-0,7659	18,891	0,4124	20,069
12	29	-0,8151	18,841	0,3701	20,027
18	30	-0,8643	18,792	0,329	19,985
13	31	-0,9135	18,743	0,2889	19,945
33	32	-0,9627	18,694	0,2498	19,906
16	33	-1,0119	18,645	0,2115	19,868
1	34	-1,2087	18,448	0,1698	19,826
30	35	-1,3563	18,3	0,1262	19,783
15	36	-1,3588	18,298	0,0849	19,741
14	37	-1,5039	18,153	0,042	19,698

10	38	-1,5531	18,103	0	19,656
Média geral			19,6565		

A presença de variabilidade genética para o caráter NGV permite ganho genético significativo e alteração da média geral por meio da predominância dos desvios positivos da média nas estimativas BLUPs alcançadas pelo intervalo de seleção compreendido pelos genótipos. Dessa forma, o valor médio obtido para o NGV foi 14,74 (Tabela 6), valor este, superior ao das progênies F_{3:4} (13,49) e F_{3:5} (14,59) avaliadas por Matos (2016).

De acordo com a variabilidade existente para o NGV, foram selecionadas as linhagens 24, 26, 32, 19, 36, 20, 23, 38, 31, 34, 2, 25, 22 e 7, onde o último indivíduo do grupo forneceu 0,38 (2,6%) grãos e o primeiro 2,03 (13,8%) grãos, apresentando ganho geral de 0,88 (6,0%) grãos. A nova média ajustada por desvios (15,62 grãos) para o caráter está dentro do intervalo obtido por Oliveira *et al.* (2017), avaliando 11 populações de feijão-caupi, em que o NGV variou de 13,68 a 17,68 grãos por vagem.

Tabela 6 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter número de grãos por vagem (NGV) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
24	1	2,0309	16,773	2,0309	16,773
26	2	1,5304	16,273	1,7807	16,523
32	3	1,2301	15,972	1,5972	16,339
19	4	1,08	15,822	1,4679	16,21
36	5	1,08	15,822	1,3903	16,132
20	6	1,0299	15,772	1,3302	16,072
23	7	0,9299	15,672	1,273	16,015
38	8	0,6296	15,372	1,1926	15,935
31	9	0,5295	15,272	1,1189	15,861
34	10	0,4794	15,222	1,055	15,797
2	11	0,4794	15,222	1,0026	15,745
25	12	0,4794	15,222	0,959	15,701
22	13	0,3793	15,121	0,9145	15,657
7	14	0,3793	15,121	0,8762	15,618
35	15	0,3293	15,071	0,8398	15,582
37	16	0,3042	15,046	0,8063	15,548
1	17	0,2792	15,021	0,7753	15,517
5	18	0,2292	14,971	0,7449	15,487
29	19	-0,0211	14,721	0,7046	15,447

4	20	-0,0711	14,671	0,6658	15,408
6	21	-0,1712	14,571	0,626	15,368
17	22	-0,2713	14,471	0,5852	15,327
18	23	-0,2713	14,471	0,548	15,29
9	24	-0,3214	14,421	0,5117	15,254
27	25	-0,3214	14,421	0,4784	15,221
14	26	-0,3714	14,371	0,4457	15,188
8	27	-0,5216	14,221	0,4099	15,152
11	28	-0,5716	14,171	0,3748	15,117
28	29	-0,6717	14,07	0,3388	15,081
3	30	-0,6717	14,07	0,3051	15,047
15	31	-0,6967	14,045	0,2728	15,015
21	32	-0,7218	14,02	0,2417	14,984
12	33	-0,8719	13,87	0,2079	14,95
16	34	-0,972	13,77	0,1732	14,915
33	35	-1,1221	13,62	0,1362	14,878
13	36	-1,2723	13,47	0,0971	14,839
10	37	-1,6226	13,12	0,0506	14,793
30	38	-1,8729	12,869	0	14,742
Média geral			14,7421		

Em relação ao caráter P100G (Tabela 7), de acordo com a intensidade de seleção adotada no presente estudo, houve um aumento significativo, houve um aumento significativo da média geral da população inicial através das linhagens 24, 36, 28, 5, 23, 8, 6, 19, 20, 37, 26, 11, 22 e 38 selecionadas. O peso médio de 100 grãos foi de 19,93 gramas. Este valor foi superior ao encontrado por Matos (2016), ao avaliar 10 progênies de feijão-caupi das gerações $F_{3:4}$ (18,38 g) e $F_{3:5}$ (16,56 g).

Tabela 7 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter peso de 100 grãos (P100G) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.

Linhagem	Ordem	G	u+g	Ganho	Nova Média
24	1	2,9405	22,873	2,9405	22,873
36	2	2,6383	22,571	2,7894	22,722
28	3	2,5612	22,494	2,7133	22,646
5	4	2,1465	22,079	2,5716	22,504
23	5	2,0872	22,02	2,4747	22,407
8	6	2,0102	21,943	2,3973	22,33
6	7	1,311	21,244	2,2421	22,175
19	8	1,2962	21,229	2,1239	22,056
20	9	1,1421	21,075	2,0148	21,947
37	10	0,9792	20,912	1,9112	21,844
26	11	0,8547	20,787	1,8152	21,748
11	12	0,8221	20,755	1,7324	21,665

22	13	0,7896	20,722	1,6599	21,592
38	14	0,4488	20,381	1,5734	21,506
25	15	0,354	20,287	1,4921	21,425
29	16	0,3333	20,266	1,4197	21,352
31	17	-0,0341	19,898	1,3342	21,267
34	18	-0,0489	19,884	1,2573	21,19
12	19	-0,2266	19,706	1,1792	21,112
17	20	-0,4696	19,463	1,0968	21,029
2	21	-0,5703	19,362	1,0174	20,95
10	22	-0,5762	19,356	0,945	20,878
27	23	-0,671	19,262	0,8747	20,807
18	24	-0,674	19,259	0,8102	20,743
13	25	-0,7481	19,184	0,7478	20,68
14	26	-0,7866	19,146	0,6888	20,621
4	27	-0,7925	19,14	0,634	20,567
30	28	-0,8429	19,09	0,5812	20,514
21	29	-0,8844	19,048	0,5307	20,463
16	30	-0,9051	19,027	0,4828	20,415
33	31	-0,9347	18,998	0,4371	20,37
3	32	-1,0118	18,921	0,3918	20,324
15	33	-1,3347	18,598	0,3395	20,272
35	34	-1,7317	18,201	0,2786	20,211
1	35	-2,0102	17,922	0,2132	20,146
9	36	-2,0428	17,89	0,1505	20,083
7	37	-2,6264	17,306	0,0755	20,008
32	38	-2,7923	17,14	0	19,933
Média geral			19,9325		

Portanto, dependendo do indivíduo selecionado no intervalo preestabelecido para P100G ganhos genéticos individuais mínimos e máximos foram de 0,45 g (2%) e 2,94 g (14,7%), respectivamente, com ganho geral de 1,57 g (7,9%) foram proporcionados. Este último valor é inferior ao ganho genético obtido por Matos (2016), que foi de 3,79 g. Isso sugere a possibilidade de aumento do tamanho do grão, elemento essencial para a comercialização e consumo de grãos no Brasil e no mundo (FREIRE FILHO, 2011; ROCHA *et al.*, 2017a).

A PROD apresentou média de 987,3421 kg ha⁻¹, sendo relativamente baixa (Tabela 8). Esta média foi muito inferior aos encontrado por Freitas *et al.* (2016), produzindo em regime irrigado 2.827 kg ha⁻¹. Dessa forma, pode-se notar que a existência de variabilidade genética entre as linhagens avaliadas permitiu expressivos ganhos genéticos o que, conseqüentemente, as linhagens 28, 15, 18, 29, 12, 1, 36, 7, 24, 5, 37, 30, 8 e 11 selecionadas levaram a um deslocamento da média geral através das médias preditas via BLUPs.

Tabela 8 - Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter produtividade em kg ha⁻¹ (PROD) de 38 linhagens de feijão-caupi. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
28	1	547,95	1535,3	547,95	1535,3
15	2	264,49	1251,8	406,22	1393,6
18	3	234,74	1222,1	349,06	1336,4
29	4	232,27	1219,6	319,86	1307,2
12	5	222,48	1209,8	300,39	1287,7
1	6	200,97	1188,3	283,82	1271,2
36	7	174,68	1162	268,23	1255,6
7	8	150,09	1137,4	253,46	1240,8
24	9	144,89	1132,2	241,4	1228,7
5	10	115,03	1102,4	228,76	1216,1
37	11	91,844	1079,2	216,31	1203,7
30	12	78,249	1065,6	204,81	1192,1
8	13	76,537	1063,9	194,94	1182,3
11	14	73,25	1060,6	186,25	1173,6
34	15	71,058	1058,4	178,57	1165,9
23	16	55,752	1043,1	170,89	1158,2
3	17	44,418	1031,8	163,45	1150,8
32	18	43,528	1030,9	156,79	1144,1
2	19	34,248	1021,6	150,34	1137,7
6	20	20,037	1007,4	143,83	1131,2
35	21	-15,609	971,73	136,23	1123,6
22	22	-20,472	966,87	129,11	1116,5
16	23	-32,628	954,71	122,08	1109,4
27	24	-33,586	953,76	115,59	1102,9
38	25	-50,81	936,53	108,94	1096,3
17	26	-59,987	927,35	102,44	1089,8
4	27	-71,322	916,02	96,003	1083,3
13	28	-83,067	904,28	89,608	1077
31	29	-130,9	856,44	82,004	1069,3
33	30	-174,46	812,88	73,455	1060,8
21	31	-183,23	804,12	65,175	1052,5
10	32	-217,13	770,22	56,354	1043,7
14	33	-243,7	743,64	47,261	1034,6
9	34	-253,77	733,58	38,407	1025,7
20	35	-309,37	677,97	28,471	1015,8
19	36	-316,7	670,64	18,883	1006,2
25	37	-338,07	649,27	9,2351	996,58
26	38	-341,7	645,64	0	987,34
Média geral			987,3421		

O ganho genético obtido para a PROD pela última linhagem integrante do intervalo de seleção foi de 73,25 kg ha⁻¹ ou 7,4% e o primeiro do rank 547,95 kg ou 55,5%, com ganho genético geral de 186,25 kg ha⁻¹ (18,86%), ou seja, em relação aos demais genótipos avaliados, estas linhagens foram superiores, uma vez que apresentaram os maiores ganhos genéticos quando comparados à média geral. Esses ganhos foram superiores aos observados por Rocha *et al.* (2017a), ao avaliar a produtividade de grãos em 20 genótipos de feijão-caupi na região Nordeste do Brasil obtendo ganhos de 10,56; 8,52 e 7,76% para os três melhores genótipos. Da mesma forma, os ganhos no presente estudo foram superiores aos encontrados por Torres *et al.* (2016), que encontraram estimativas para os dois melhores genótipos de aproximadamente 18,79% e 18,04%, ao avaliarem a produtividade de grãos na Região Centro-Oeste.

4.4 Seleção simultânea via Índice de Soma de Postos ou Ranks de Mulamba & Mock (1978)

As estimativas de ganhos genéticos esperados, tanto em porcentagem quanto em valores inteiros com base na seleção simultânea dos caracteres NDIF, COMPV, NGV, P100G e PROD são mostradas na Tabela 9 e o ranqueamento das linhagens está disposto na Tabela 10. O ranqueamento das linhagens foi realizado tomando por base os valores genéticos, fazendo uso de correção da média geral pelos desvios dos BLUPs preditos.

Portanto, o ganho genético geral para cada caráter, bem como o ganho genético subsequente para o próprio índice, foi estimado com base no índice de soma de postos por Mulamba e Mock (IMM), combinado com o ganho genético previsto para cada linhagem. Dessa forma, os valores gerais de ganho genético para os caracteres NDIF, COMPV, NGV, P100G e PROD obtidos pelo IMM foram -0,47 (-1,15%), 0,57 (2,93%), 0,27 g (1,83%), 1,35 (6,79%) e 90,72 (9,19%), respectivamente. O ganho de IMM geral médio com base na seleção simultânea de todos esses caracteres foi de 19,59%. Valores de ganhos genéticos semelhantes foram obtidos por Oliveira *et al.* (2017), ao avaliar 12 caracteres simultaneamente em populações de progênies F₄ de feijão-caupi com ganhos genéticos variando de 5% a 31,25%.

Ainda que os valores de ganho genético apresentados tenham sido muito inferiores ao ganho geral obtido pelos genótipos selecionados por BLUP individual, com NDIF: -1,03 (-2,56%), COMPV: 1,03 cm (6,2%) NGV: 0,88 (6,0%), P100G: 1,57g

(7,9%) e PROD: 186,25 kg ha⁻¹ (18,86%), os genótipos selecionados pelo IMM mantiveram os ganhos mínimos desejados no sentido de seleção do melhorista, principalmente para a PROD.

De acordo com as estimativas do IMM (Tabela 10), as 26 linhagens selecionadas para fazer parte do ensaio avançado do programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte em ordem decrescente do IMM são: 36, 5, 24, 8, 2, 23, 29, 28, 34, 6, 19, 11, 7, 20, 26, 31, 22, 18, 17, 12, 25, 15, 3, 27 e 32.

As linhagens 36 (Pingo de Ouro-17-96), 5 (Bico de Ouro-17-21) e 24 (Pingo de Ouro-17-69), pertencentes à classe comercial cores e, respectivamente, às subclasses Canapu, Sempre-verde e Canapu, destacam-se das demais por apresentarem superioridade para o conjunto de caracteres avaliados em relação à melhor testemunha (38 – BRS Pajeú).

Tabela 9 - Ganho de seleção geral e específico dos caracteres número de dias para início de florescimento (NDIF), comprimento de vagem (COMePV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PROD) obtidos via índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978) (IMM) a partir da avaliação de 38 genótipos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2022.

IMM											
		NDIF		COMePV		NGV		P100G		PROD	
Linhagem	Rank	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %
36	1	-0,37	-0,90%	1,99	10,12%	-1,27	-8,63%	2,64	13,24%	174,68	17,69%
5	2	-1,06	-2,61%	1,45	7,37%	1,08	7,33%	2,15	10,77%	115,03	11,65%
24	3	1,03	2,52%	1,84	9,37%	2,03	13,78%	2,94	14,75%	144,89	14,67%
38	4	-1,76	-4,33%	0,76	3,86%	0,63	4,27%	0,45	2,25%	-50,81	-5,15%
8	5	-2,45	-6,04%	0,17	0,86%	-0,52	-3,54%	2,01	10,09%	76,54	7,75%
2	6	-2,45	-6,04%	0,02	0,11%	0,48	3,25%	-0,57	-2,86%	34,25	3,47%
23	7	1,37	3,38%	1,10	5,62%	0,93	6,31%	2,09	10,47%	55,75	5,65%
29	8	-0,37	-0,90%	0,22	1,11%	-0,02	-0,14%	0,33	1,67%	232,27	23,52%
28	9	0,33	0,81%	0,46	2,36%	-0,67	-4,56%	2,56	12,85%	547,95	55,50%
34	10	-0,02	-0,05%	1,10	5,62%	0,48	3,25%	-0,05	-0,25%	71,06	7,20%
6	11	-0,71	-1,76%	-0,77	-3,90%	-0,17	-1,16%	1,31	6,58%	20,04	2,03%
37	12	-0,37	-0,90%	-0,59	-3,02%	0,30	2,06%	0,98	4,91%	91,84	9,30%
19	13	0,68	1,67%	0,71	3,61%	1,08	7,33%	1,30	6,50%	-	-32,08%
11	14	-0,37	-0,90%	-0,42	-2,14%	-0,57	-3,88%	0,82	4,12%	316,70	73,25
Ganho geral		-0,47	-1,15%	0,57	2,93%	0,27	1,83%	1,35	6,79%	90,72	9,19%

Tabela 10 - Classificação individual de 38 genótipos de feijão-caupi com base na seleção simultânea de cinco caracteres via índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978) (IMM). Teresina, PI, 2022.

IMM						
Genótipo	NDIF	COMPV	NGV	P100G	PROD	Soma de Ranks
1	24	34	17	35	6	116
2	1	14	10	21	19	65
3	4	27	29	32	17	109
4	27	25	20	27	27	126
5	6	4	18	4	10	42
6	7	28	21	7	20	83
7	10	23	13	37	8	91
8	2	13	27	6	13	61
9	21	20	24	36	34	135
10	11	38	37	22	32	140
11	12	21	28	12	14	87
12	13	29	33	19	5	99
13	8	31	36	25	28	128
14	14	37	26	26	33	136
15	5	36	31	33	2	107
16	15	33	34	30	23	135
17	9	19	22	20	26	96
18	16	30	23	24	3	96
19	28	10	4	8	36	86
20	36	5	6	9	35	91

21	25	24	32	29	31	141
22	30	15	14	13	22	94
23	32	6	7	5	16	66
24	31	3	1	1	9	45
25	38	1	11	15	37	102
26	33	7	2	11	38	91
27	29	17	25	23	24	118
28	26	11	30	3	1	71
29	17	12	19	16	4	68
30	18	35	38	28	12	131
31	22	16	9	17	29	93
32	37	22	3	38	18	118
33	34	32	35	31	30	162
34	23	8	12	18	15	76
35	35	18	15	34	21	123
36	19	2	5	2	7	35
37	20	26	16	10	11	83
38	3	9	8	14	25	59

5 CONCLUSÕES

As linhagens 36, 5, 24, 8, 2, 23, 29, 28, 34, 6, 19, 11, 7, 20, 26, 31, 22, 18, 17, 12, 25, 15, 3, 27 e 32 são promissoras para compor o ensaio avançado do programa de melhoramento genético da Embrapa Meio-Norte, pois apresentam produtividade de grãos acima da média geral e ganhos genéticos simultâneos para os caracteres alvo da seleção segundo o índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock.

A herdabilidade dos caracteres avaliados apresenta magnitude variando de moderada a alta, indicando certa facilidade para a seleção dos caracteres avaliados, com alta acurácia seletiva, exceto para o índice de grãos e o teor de ferro.

A seleção de linhagens superiores para precocidade pode levar a uma diminuição do tamanho da vagem e do número de grãos por vagem, bem como aumento da produtividade de grãos e da qualidade de cozimento; enquanto o aumento do tamanho do grão e da produtividade de grãos pode contribuir para aumento da qualidade comercial do grão.

A seleção simultânea de caracteres nos genótipos de feijão-caupi avaliados proporciona maiores ganhos genéticos reais.

6 REFERÊNCIAS

- ABREU, H. K. A.; CECCON, G.; CORREA, A. M.; FACHINELLI, R.; YAMAMOTO, E. L. M.; TEODORO, P. E. Adaptability and stability of cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE BIPLLOT. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 4, p. 1071-1082, 2019.
- ADU, M. O.; ASARE, P. A.; YAWSON, D. O.; DZIDZIENYO, D. K.; NYADANU, D.; ASARE-BEDIAKO, E.; ... AMOAH, M. N. Identifying key contributing root system traits to genetic diversity in field-grown cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) genotypes. **Field crops research**, v. 232, p. 106-118, 2019.
- ALMEIDA, W. S.; FERNANDES, F. R. B.; TEÓFILO, E. M.; BERTINI, C. H. C. M. Adaptability and stability of grain yield in cowpea under different biometrics. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 18, p. 221-227, 2013.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v. 46, p. 269-278, 1992.
- AOAC, ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS. **Official Methods of Analysis of AOAC International**. 20. ed. Rockville: AOAC International, 2016.
- ARAÚJO, M. D. S.; SANTOS, S. P.; ARAGÃO, W. F. L.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M. Selection of superior cowpea lines for multi-traits and adaptabilities to the Piauí semi-arid using genotype by yield*trait biplot analysis. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 45, 2021.
- ASIWE, J. N. A.; SEKGOBELA, M. M. S.; MODIBA, P. P. Heritability formorphological traits determine adaptability of elite cowpea genotypes in different environments. **International Journal of Agriculture and Biology**, v. 26, n. 1, p. 105–114. 2021.
- BARROS, N. V. A.; ABREU, B. B.; ARAÚJO, M. A. M.; ROCHA, M. M.; MOREIRA-ARAÚJO, R. S. R. Conteúdo de bioativos e atividade antioxidante em cultivares de feijão-Caupi antes e após o cozimento. In: ANDRADE, D. F. (Org.). **Ciência e Tecnologia dos Alimentos**. Belo Horizonte: Poisson, v. 2, p. 93-96, 2019.
- BELAY, F.; FISSEHA, K. Genetic variability, heritability, genetic advance and divergence in Ethiopian cowpea [*Vigna unguiculata* (L) Walp] landraces. **International Journal of Agricultural Science and Food Technology**, v. 7, n. 1, p. 138-146, 2021.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative plants**. Woodbury; Stemma Press, 2020.390p.
- BERNARDO, K. A. S.; FREIRE, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; VIEIRA, P. F. D. M. J.; LOPES, Â. C. D. A.; OLIVEIRA, R. M. D. M. Incorporation of compound

inflorescences and selection of high-yielding progenies in cowpea. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 10, p. 1150-1157, 2018.

BOURNE, M. C. **Food Texture and viscosity**: concept and measurement. San Diego: Academic Press, 2002.

BYNG, W.; CHASE, M. W.; CHISTENHUSZ, M. J. M.; FAY, M. F.; JUDD, W. S.; MABBERLEY, B. J.; SENNIKOV, A. N.; SOLTIS, D. E.; SOLTIS, P. S.; STEVENS, P. F. An update of the angiosperm phylogeny group classification for the orders and families of flowering plants: **Botanical Journal of Linnean Society**, v. 181, p. 1-20, 2016.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; RESENDE, M. D. V.; REIS, M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 27, n. 3, p. 478-490, 2009.

BOUKAR, O.; FATOKUN, C. A.; HUYNH, B. L.; ROBERTS, P. A.; CLOSE, T. J. Genomic tools in cowpea breeding programs: status and perspectives. **Frontiers in Plant Science**, 7(1):1-13, 2016.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Instrução Normativa nº 12 de 28 mar. 2008. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil, Brasília**, DF, 31 mar. Seção 1, p: 11-14, 2008.

BURDON, R. D.; KLÁPŠTĚ, J. Métodos alternativos de seleção e funções de valor econômico explícitas ou implícitas para diferentes características no melhoramento de árvores. **Tree Genetics & Genomes**, v. 15, n. 6, p. 1-15, 2019.

CAMPOS-VEGAS, R.; LOARCA-PINA, G.; OOMAH, B. D. Componentes menores de leguminosas e seus impactos potenciais na saúde humana. **Food Research Internacional**, v. 43, n. 2, p. 461-482, 2010.

ARAMÉNDIZ-TATIS, H.; CARDONA-AYALA, C.; ESPITIA-CAMACHO, M. Heritability, genetic gain, and correlations in cowpea bean (*Vigna unguiculata* [L.] (Walp.)). *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, v. 15, n. 2, p. 1-18, 2021.

CARVALHO, B.; RAMALHO, M.; JÚNIOR, I.; ABREU, A. New strategy for evaluating grain cooking quality of progenies in dry bean breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 2, p. 115-123, 2017a.

CARVALHO, L. C. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. D. M.; OLIVEIRA, G. C. X. Genotype x environment interaction in cowpea by mixed models. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 48, n. 5, p. 872-878, 2017b.

CARVALHO, L. J.; CORRÊA, M.; PEREIRA, E.; NUTTI, M.; CARVALHO, J. V.; RIBEIRO, E. G.; FREITAS, S. Iron and zinc retention in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) after home cooking. **Food & Nutrition Research**, v. 56, e15618, 2012.

COBB, J. N.; JUMA, R. U.; BISWAS, P. S.; ARBELAEZ, J. D.; RUTKOSKI, J.; ATLIN, G.; HAGEN, T.; QUINN, M.; NG, E. H. Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: Lessons from the breeder's equation. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, n. 1, p. 627-645. 2019.

COELHO, R. C. *et al.* Expanding information on the bioaccessibility and bioavailability of iron and zinc in biofortified cowpea seeds. **Food Chemistry**, v. 347, e129027, 2021.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira: grãos, oitavo levantamento, v. 5, n. 7, p. 1-139, (2017/2018). **Companhia Nacional de Abastecimento**. 2018. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info...da.../16780_e7a4a52ee1db76ad1a8cfda9b2343c48>. Acesso em: 15 de jul. 2021.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de grãos, v. 7, (2020/2021). **Companhia Nacional de Abastecimento**. 2021. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 15 de jul. 2021.

CORREA, A. M. *et al.* Variabilidade genética e correlações entre caracteres de feijão-caupi. **Revista Agro@Mambiente**, v. 9, n. 1, p. 42-47, 2015.

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

CRUZ, D. P. D., GRAVINA, G. D. A., VIVAS, M., ENTRINGER, G. C., SOUZA, Y. P. D., ROCHA, R. S; JAEGGI, M. E. P. C.; ALBUQUERQUE, D. P.; AMARAL JUNIOR, A. T.; GRAVINA, L. M.; ROCHA, M. M.; SILVA, R. D. K. G. D. Combined selection for adaptability, genotypic stability and cowpea yield from mixed models. **Ciência Rural**, v. 51, 2021.

CRUZ, F. J. R.; ALMEIDA, H. J.; DOS SANTOS, D. M. M. Growth, nutritional status and nitrogen metabolism in *Vigna unguiculata* (L.) Walp. is affected by aluminum. **Australian Journal of Crop Science**, v. 8, n. 7, p. 1132-1139, 2014.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 390p. 2012.

CYSNE, J. R. B.; PITOMBEBE, J. B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de sorgo granífero em diferentes ambientes do estado do Ceará. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, p. 273-278, 2012.

DAKORA, F. D.; BELANE, A. K. Evaluation of protein and micronutrient levels in edible cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) leaves and seeds. **Front Sustain Food Syst**, v. 3, n. 1, p. 1-10, 2019.

EMBRAPA. **A cultura do feijão-caupi no Brasil**. 2018. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1065493/a-cultura-do-feijao-caupi-no-brasil>> Acesso em: 15 maio. 2021.

FAOSTAT - FOOD AND AGRICULTURE DATA. Food Organization of the United Nations. **Production/Crops and Livestock Products. Cow peas, dry: area harvested, production quantity, and yield, 2020**. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>>. Acesso em: 06 mai. 2022.

FORNI-MARTINS, E. R. Citogenética de *Vigna unguiculata* (L.) Walp. In: ARAÚJO, J. P. P.; WATT, E. E. (org.). **O caupi no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa – CNPAF; Ibadan: IITA, 1988. 141-157 p.

FREIRE FILHO, F.R.; *et al.* A Cultura: Aspectos Socioeconômicos; In: Vale, J. C.; BERTINI, C.; BORÉM, A. (eds). **Feijão-Caupi: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2017. 9-34 p.

FREIRE FILHO, F. R. **Feijão-caupi no Brasil: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Teresina: Embrapa Meio - Norte, 2011. 84p.

FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; RIBEIRO, V. Q.; RAMOS, S. R. R.; MACHADO, C. de F. Novo gene produzindo cotilédone verde em feijão-caupi. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 38, p. 286-290, 2007.

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

FREITAS, T. K. T.; GOMES, F. O.; ARAÚJO, M. S.; SILVA, I. C. V.; SILVA, D. J. S.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M. Potential of cowpea genotypes for nutrient biofortification and cooking quality. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 53, e20218048, 2022.

FREITAS, A. C. R. **Feijão-caupi: importância socioeconômica**. Cnptia, EMBRAPA. 2021. Disponível em:< <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao-caupi/pre-producao/socioeconomia/importancia-socioeconomica>>. Acesso em: 18 de jul. 2021.

FREITAS, T. G. G.; SILVA, P. S. L.; DOVALE, J. C.; SILVA, E. M. Green bean yield and path analysis in cowpea landraces. **Revista Caatinga**, v. 29, n. 4, p. 866-877. 2016.

GONÇALVES F. V.; MEDICI, L. O.; FONSECA, M. P. S.; PIMENTEL, C.; GAZIOLA, S. A.; AZEVEDO, R. A. Protein, phytate and minerals in grains of commercial cowpea genotypes. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 92, v. 1, p. 1-16, 2020.

GONDWE, T. M.; ALAMU, E. O.; MDZINISO, P.; MAZIYA-DIXON, B. Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) for food security: an evaluation of end-user traits of improved varieties in Swaziland. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1-6, 2019.

HOPPLER, M.; EGLI, I.; PETRY, N.; GILLE, D.; ZEDER, C.; WALCZYK, T.; BLAIR, M. W.; HURRELL, R. F. Iron speciation in beans (*Phaseolus vulgaris*) Biofortified by common breeding: Iron speciation in beans. **Journal of Food Science**, v. 79, n. 9, p. 1629–1634, 2014.

INMET - INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa. 2021. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/portal/>>. Acesso em: 19 de jul. 2021.

ITTAH, M. A.; ARUA, C. L. Evaluation of cowpea root system and yield traits in humid tropical agro-ecology. **African Journal of Agricultural Research**, v. 12, n. 20, p. 1684-1688, 2017.

KHANPARA, S. V.; JIVANI, L. L.; VACHHANI, J. H.; KACHHADIA, V. H. Genetic variability, heritability and genetic advance studies in vegetable cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Electronic Journal Plant Breeding**, v. 7, p. 408-411, 2016.

KOUAM, E. B.; NGOMPE-DEFFO, T.; ANOUMMA, M.; PASQUET, R. S. Preliminary study on character associations, phenotypic and genotypic divergence for yield and related quantitative traits among cowpea landraces (*Vigna unguiculata*) from the Western Highland Region of Cameroon. **Open Agriculture**, v. 3, p. 84-97, 2018.

KUGBLENU, Y. O.; KUMAGA, F. K.; OFORI, K.; ADUGYAMFI, J. J. Evaluation of cowpea genotypes for phosphorus use efficiency. **Journal of Agricultural and Crop Research**, v. 2, n. 1, p. 202-210, 2014.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, n. 1, p. 193-198, 1988.

LOPES, M. A.; FALEIRO, F. G.; FERREIRA, M. E.; LOPES, D. B.; VIVIAN, R.; BOITEUX, L. S. Embrapa's contribution to the development of new plant varieties and their impact on Brazilian agriculture. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. SPE, p. 31-46, 2012.

LSPA - Levantamento Sistemática da Produção Agrícola. **Produção de feijão-caupi no Piauí**. Safra 2020/2021. IBGE, 2021.

MATOS, R. F. **Potencial genético de progênies de feijão-caupi para a obtenção de genótipos de porte ereto e ciclo precoce**. 2016. 76 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia)- Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2016.

MATOS FILHO, C. H. A. *et al.* Herança de caracteres relacionados à arquitetura da planta em feijão-caupi. **Ciência Rural**, v.44, n.4, p. 599-604, 2014.

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**, v. 39, n. 2, p. 348-354, 2009.

MATTSON, S. The cookability of yellow peas: a colloid-chemical and biochemical study. **Acta Agriculturae Suecana**, v. 2, p. 185-190, 1946.

MASUDA, H.; AUNG, M. S.; KOBAYASHI, T.; NISHIZAWA, N. K. Iron biofortification: the gateway to overcoming hidden hunger. **The Future of Rice Demand: Quality Beyond Productivity**, p. 149-177, 2020.

MEIRA, A. L. SANTANA, T. M.; AMORIM, Y. F.; SILVA, J. O.; MIGUEL, D. L.; AMARAL, C. L. F. Genetic parameters in the selection of cowpea under water stress in protected cultivation. **Acta Iguazu**, v. 9, p. 81-98, 2020.

MEIRA, A. L.; SANTANA, T. M.; AMARAL, C. L. F.; MIGUEL, D. L.; SANTOS JÚNIOR, N. S. S. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em feijão-caupi sob estresse hídrico severo. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 13, n. 1, p. 41-47, 2017.

MOFOKENG, M. A.; MASHILO, J.; RANTSO, P.; SHIMELIS, H. Genetic variation and genetic advance in cowpea based on yield and yield-related traits. **Acta Agriculturae Scandinavica**, v. 70, n. 5, p. 381-391, 2020.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, p. 40-57, 1978.

NETO, A. M. B. *et al.* Genetic variability and selection of extra-early cowpea progenies. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 698-707, 2017.

OWOSU, E. Y.; KARIKARI, B.; KUSI, F.; HARUNA, M.; AMOAH, R. A.; ATTAMAH, P.; ADAZEBRA, G.; SIE, E. K.; ISSAHAKU, M. Genetic variability, heritability and correlation analysis among maturity and yield traits in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L) Walp) in Northern Ghana. **Hellyon**, v. 7, e07890, 2021.

OLIVEIRA, D. G.; ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; SÁ, F. V.; LIMA, L. R. L.; RESENDE, M. D. V. Genotypic gain with simultaneous selection of production, nutrition, and culinary traits in cowpea crosses and backcrosses using mixed models. **Genetics Molecular Research**, v. 17, n. 3, gmr16039736, 2017.

OLIVEIRA, D. S. V. **Caracterização química, minerais, tempo de cocção e produtividade de genótipos de feijão-caupi**. 2016. 123 f. Dissertação (Mestrado em Alimentos e Nutrição) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2016.

OLIVEIRA, D. G. **Seleção simultânea para produção, biofortificação e culinária em populações segregantes de feijão-caupi**. 71f. Dissertação (Mestrado em

Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2014.

PADULOSI, S.; NG, N. Q. Origin taxonomy, and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. In SINGH, B. B.; MOHAN, R.; DASHIELL, K. E.; JACKAI, L. E. N. (Ed.). **Advances in Cowpea Research**. Tsukuba: IITA: JIRCAS, p. 1-12, 1997.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A. D.; RESENDE, M. D. V. D.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. D. A. S. D. C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, p. 882-890, 2014.

PÚBLIO-JÚNIOR, E. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-frade. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 41 n. 3, p. 806-814, 2018.

PUJOLA, M.; FARRERAS, A.; CASAÑAS, F. Protein and starch content of raw, soaked and cooked beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Chemistry**, v. 102, n. 4, p. 1034-1041, 2007.

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

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

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1-31, 2020.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.

RESENDE, M.D.V; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

RESENDE, M.D.V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57p.

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

RESENDE, M. D. V.; PRATES, D. F.; YAMADA, C. K.; JESUS, A. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima

verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 32-33, p. 23-42, 1996.

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

ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; MENEZES-JÚNIOR, J. Â. N.; CARVALHO, H. W. L.; COSTA, A. F.; LIMA, J. M. P.; SANTOS, J. F.; BERTINI, C. H. C. M.; POSSOS, A. R.; MORAIS, O. M. Yield adaptability and stability of semi-erect cowpea genotypes in the Northeast region of Brazil by REML/BLUP. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 48, n. 5spe, p. 862-871, 2017a.

ROCHA, M. de M.; DAMASCENO-SILVA, KJ; MENEZES JONIOR, JA de. Cultivares. In: VALE, IC do; BERTINI, C.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão-caupi: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2017b. p. 113-142.

ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, J. T.S.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARROS, F. R.; RODRIGUES, E. V. **Seleção de genótipos de feijão-caupi tipo comercial Canapu no semiárido piauiense**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, p. 25, 2011.

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

ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; CARVALHO, H. W. L.; BELARMINO FILHO, J.; RAPOSO, J. A. A.; ALCÂNTARA, J. P.; RAMOS, S. R. R. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi de porte semi-ereto na Região Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 9, p. 1283-1289, 2007.

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

SAEID, A.; PATEL, A.; JASTRZEBSKA, M.; KORCZYNSKI, M. Food Biofortification. **Journal of Chemistry**, v. 2019, n. 1, p. 1-2, 2019.

SANTOS, A.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; ALVAREZ, R. DE C. F.; SILVA, J. F. DA.; ALVES, V. B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot. **Bragantia**, v. 75, n. 3, p. 55-62, 2016.

SANTOS, C. A. F. **Feijão-caupi BRS Acauã: cultivar de grão tipo canapu para o vale do São Francisco**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2011. 1 Folder.

SANTOS, F. S. AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; FREITAS JÚNIOR; S. D. P.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na

população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, v. 66, n.3, p. 389-396, 2007.

SARRUGE, J.R.; HAAG, H.P. **Análises químicas em plantas**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1974. 56p.

SILVA, L. B. **Qualidade tecnológica de cultivares brasileiras de feijão e adaptabilidade ao processamento industrial**. 27f. Monografia (Graduação em Engenharia Agrícola) – Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados – MS. 2017.

SILVA, A. C.; MORAIS, O. M.; SANTOS, J. L.; D'AREDE, L. O.; SILVA, C. J.; ROCHA, M. M. Estimativa de parâmetros genéticos em *Vigna unguiculata*. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 37, n. 4, p. 399-407, 2014.

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

SILVA, A. J.; UCHÔA, S. C. P.; ALVES, J. M. A.; LIMA, A. C. S.; SANTOS, C. S. V.; OLIVEIRA, J. M. F.; MELO, V. F. Resposta do feijão-caupi a doses e formas de aplicação de fósforo em Latossolo Amarelo do Estado de Roraima. **Acta Amazonica**, v.40, p. 31-36, 2010.

SILVA, A. G.; ROCHA, L. C.; BRAZACA, S. G. C. Physico-chemical characterization, protein digestibility and antioxidant activity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Caracterização físico-química, digestibilidade proteica e atividade antioxidante de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Brazilian Journal of Food and Nutrition**, v. 20, n. 4, p. 591-598, 2009.

SILVA, D. J.; QUEIROZ, A. **Análise de alimentos: métodos químicos e biológicos**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2002. 235p.

SILVA, F.C. (org.). **Manual de análises químicas de solos, plantas e fertilizantes**. Brasília: Embrapa Produção de Informação, 1999. 370p.

SINGH, O. V. *et al.* Assessment of genetic variability and intercharacter association in the germplasm of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) in hot arid climate. **Legume Research**, v. 43, n. 3, p. 362-366. 2020.

SINGH, B. B. Recent progress in cowpea genetics and breeding. **Acta Horticulture**, v. 752, n. 13, p. 69-75, 2007.

SINGH, B. B.; EHLERS, J. D.; SHARMA, B.; FREIRE FILHO, F. R. Recent progress in cowpea breeding. In: FATOKUN, C. A.; TARAWALI, S. A.; SINGH, B. B.; KORMAW A, P. M.; TAMÒ, M. (Eds.). **Challenges and opportunities for enhancing sustainable cowpea production**. Ibadan: IITA, 2002. p. 22-40.

SOUSA, T. J. F.; ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; BERTINI, C. H. C. D. M., SILVEIRA, L. M. D.; SOUSA, R. R. D.; SOUSA, J. L. M. Simultaneous selection for yield, adaptability, and genotypic stability in immature cowpea using REML/BLUP. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 54, 2019.

SOUZA, V. B.; CARVALHO, A. J.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; LACERDA, M. L.; PEREIRA FILHO, I. A. Agronomic performance of cowpea elite lines in the States of Minas Gerais and Mato Grosso, Brazil. **Revista Caatinga**, v. 31, p. 90-98, 2018.

SOUSA, C. C. SILVA, K.; BASTOS, E. A.; ROCHA, M. D. M. Selection of cowpea progenies with enhanced drought-tolerance traits using principal component analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 15981-15987, 2015.

TEIXEIRA, N. J. P.; MACHADO, C. F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. 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, n. 314, p. 374-382, 2007.

TEÓFILO, E. M.; MAMEDE, F. B. F.; SOMBRA, N. S. Comunicação: Hibridação natural em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp. – Fabaceae). **Ciência e Agrotecnologia**, v. 23, n. 4, p.1010-1011, 1999.

The Angiosperm Phylogeny Group *et al.* An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 181, n. 1, p. 1-20, 2016.

TIMKO, M. P.; EHLERS, J. D.; ROBERTS, P. A. Cowpea. In: Kole, C (ed). **Pulses, sugar and tuber crops**. Berlin: Springer-Verlag, 2007. p. 49-67.

TORRES FILHO, J.; OLIVEIRA, C. N. G. D. S.; SILVEIRA, L.; NUNES, G. H. D. S.; SILVA, A. J. R. D.; SILVA, M. F. N. D. Interação genótipo por ambiente em feijão-caupi verde analisado por meio de modelos mistos. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 687-697, 2017.

TORRES, F.E. *et al.* Simultaneous selection for cowpea (*Vigna unguiculata* L.) genotypes with adaptability and yield stability using mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n. 1, 2016.

TORRES, F. E.; P. E., SAGRILO, E.; CECCON, G.; CORREA, A. M. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, v. 74, p. 255-260, 2015.

VATANASUCHART, N.; NIYOMWIT, B.; WONGKRAJANG, K.; RESISTANT. Starch contents and the *in vitro* starch digestibility of thai starchy foods. **Kasetsart Journal - Natural Science**, v. 43, n. 1, p. 178-186, 2010.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. **Sociedade Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, 1992. 496 p.

WELCH, R. M. The impact of mineral nutrients in food crops on global human health. **Plant and Soil**, v. 247, n. 1, p. 83-90, 2002.

XAVIER, T. F.; ARAÚJO, A. S. F.; SANTOS, V. B.; CAMPOS, F. L. Ontogenia da nodulação em dois cultivares de feijão-caupi. **Ciência Rural**, v. 37, n. 2, p. 561-564, 2007.