

Universidade Federal do Piauí

**Controle genético dos caracteres relacionados à maturação e
produção em feijão-caupi**

Samíria Pinheiro dos Santos

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

**Teresina
2019**

Samíria Pinheiro dos Santos
Bacharel em Ciências Biológicas

**Controle genético dos caracteres relacionados à maturação e produção em
feijão-caupi**

Orientador:
Prof. Dr. Maurisrael de Moura Rocha

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

Teresina
2019

**Controle genético dos caracteres relacionados à maturação e produção em
feijão-caupi**

Samíria Pinheiro dos Santos

Aprovado em: ___/___/___

Comissão julgadora:

Profa. Dra. Aurinete Daienn Borges do Val - UESPI

Prof. Dr. Artur Mendes Medeiros - UFPI

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

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela graça da vida e por todos os pequenos e grandes milagres que me fizeram chegar até aqui.

À Universidade Federal do Piauí e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade concedida para a realização do curso e do meu desenvolvimento acadêmico.

À CAPES pelo incentivo à pesquisa através da bolsa acadêmica concedida à mim.

À Embrapa Meio-Norte, pela disponibilidade de recursos e de infraestrutura para a condução do trabalho.

Ao Dr. Maurisrael de Moura Rocha, pesquisador da Embrapa Meio-Norte, por ter me inserido nesta área de conhecimento, por ter me dado a oportunidade de estágio ainda na graduação, por depositar confiança e acreditar em mim, pelos ensinamentos e orientações, pelas caronas todos os dias pra casa, pela amizade e por toda a paciência que teve ao lidar com minhas dificuldades durante todos esses anos.

Ao Dr. Kaesel Jackson Damasceno-Silva, pesquisador da Embrapa Meio-Norte, por todo o apoio e disponibilidade para tirar dúvidas sobre meus experimentos e pelas contribuições no meu crescimento acadêmico.

Ao funcionário da Embrapa Meio-Norte Manoel Gonçalves da Silva, por todo incentivo, por ser um pai pra mim durante esses anos, pelos conhecimentos diários e orientações, por tornar possível a realização deste trabalho.

Um agradecimento especial ao meu amigo, *coach* e colega de estágio, Walter Frazão Lelis de Aragão, sem o qual a condução deste experimento não teria sido possível. Obrigada por suportar os dias mais difíceis comigo e por ser meu braço forte nos dias de desesperança.

Ao amigo, colega de estágio e de mestrado, Maurício dos Santos Araújo, pela ajuda prestada, pelo companheirismo, pelas brincadeiras e por todo incentivo que constantemente me oferece.

Aos funcionários da Embrapa Meio-Norte, seu Agripino Ferreira do Nascimento, seu Antônio Carlos dos Santos, Antônio dos Reis França, Luis José Duarte Franco, Paulo Sérgio Monteiro, Adão Cabral das Neves, Francisco Mauro de Sousa e Úrsula Maria Barros de Araújo, pelas brincadeiras, pelo companheirismo, pelas

contribuições para este trabalho, por me proporcionar um ambiente de trabalho agradável e feliz, por serem uma família pra mim.

Às mulheres do caupi Francisca dos Santos Silva, Maria das Graças Silva Costa e Augustinha Rodrigues Santos, por todo carinho, atenção e por compartilhar dos almoços comigo.

Aos bolsistas e estagiários do setor do caupi da Embrapa Meio-Norte, em especial a Mariana Marinho, por todo o carinho e amizade, e aos meninos Adailton Soares e Marcos Victor Nunes, que, com muita paciência, ajudaram neste trabalho.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pelos conselhos, pelo conhecimento transmitido, pelo carinho e atenção que mostraram quando precisei de ajuda durante o curso.

À professora Ângela Celis de Almeida Lopes, pelo carinho, por despertar em mim o gosto pela genética na graduação e o gosto pela docência no mestrado.

Ao meu irmão, Inácio Pinheiro dos Santos, por ter sido meu apoio em Teresina e tornar possível meus estudos nos momentos de dificuldade financeira.

À toda minha família, pelo incentivo, por ser minha base, meu suporte e minha força para ir atrás dos meus sonhos.

Aos amigos que tornaram minha caminhada mais leve: Naide de Lucas da Silva Neta, Karoline Kelly Cruz Lima Silva, Taynara Barros Moreira e Ítalo Bruno Pereira Mata.

A todos que de alguma forma contribuíram para essa conquista.

“E como lhe faltava uma parte, não conseguia rolar muito rápido. Assim, podia parar pra conversar com uma minhoca, ou sentir o aroma de uma flor [...].

E este era o melhor momento de todos.”
(A Parte que Falta – Shel Silverstein)

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	9
LISTA DE FIGURAS	14
RESUMO.....	15
ABSTRACT	16
1 INTRODUÇÃO	17
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	19
2.1 Feijão-caupi.....	19
2.1.1 Melhoramento genético	21
2.2 Hibridação no melhoramento de feijão-caupi	23
2.2.1 Técnicas de cruzamento artificial em feijão-caupi	24
2.3 Estudos genéticos de caracteres em feijão-caupi	25
2.3.1 Componentes de variância e parâmetros genéticos	26
2.3.1.2 Coeficiente de herdabilidade	27
2.3.1.3 Ganho genético com a seleção de caracteres	29
2.3.1.4 Coeficiente de variação genética	30
2.3.2 Controle genético de caracteres.....	31
2.3.3 Coeficiente de correlação entre caracteres	35
3 MATERIAL E MÉTODOS	36
3.1 Material Genético	36
3.2 Metodologia Experimental	37
3.2.1 Obtenção de populações segregantes	37
3.2.2 Experimentos em condições de campo.....	39
3.3 Caracteres avaliados.....	41
3.4 Análises estatístico-genéticas	42
3.4.1 Análises de variância.....	42
3.4.2 Agrupamento de médias	43
3.4.3 Estimativas de parâmetros genéticos.....	43
3.4.4 Controle genético de caracteres.....	45
3.4.5 Correlação genética entre caracteres.....	47
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	49
4.1 Análises de variância	49
4.2 Contraste entre médias	51
4.3 Estimativas de parâmetros genéticos.....	59

4.4 Controle genético de caracteres.....	66
4.4.1 Controle genético do número de dias para a floração e maturação	67
4.4.2 Controle genético do tamanho do grão	74
4.4.3 Controle genético do comprimento de vagem e do número de grãos por vagem	80
4.5 Correlações genéticas entre caracteres.....	87
5 CONCLUSÕES	91
REFERÊNCIAS.....	92

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1** – Valores de coeficientes de herdabilidade ou de determinação genotípico encontrados na literatura para os caracteres produtividade e seus componentes, valor de cultivo (VC), tipo de porte (TP), número de dias para o início da floração (NDIF) e número de dias para a maturação (NDM).....28
- Tabela 2** – Valores de coeficientes de variação genética encontrados na literatura para os caracteres produtividade e seus componentes, valor de cultivo (VC), tipo de porte (TP), número de dias para o início da floração (NDIF) e número de dias para a maturação (NDM).30
- Tabela 3** – Relação de genótipos, origem e subclasse comercial, utilizados como genitores em dois cruzamentos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2018.36
- Tabela 4** – Algumas características morfológicas, fenológicas e nutricionais dos genitores utilizados em dois cruzamentos de feijão-caupi: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), número de grãos por vagem (NGV), tipo de porte da planta (TP), peso de 100 grãos (P100G), tamanho de vagem e teor de zinco no grão (TZ). Teresina, PI, 2018..36
- Tabela 5** – Simbologia e significados das dez populações de feijão-caupi obtidas em cada cruzamento (Cruzamento 1: BRS Xiquexique (P₁) e MNC01-631F-15 (P₂); Cruzamento 2: MNC05-828C-1-9-1 (P₁) e MNC04-792F-146 (P₂)). Teresina, PI, 201838
- Tabela 6** – Resumo das análises de variância para os caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte da planta (TP) e valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), peso de 100 grãos (P100G), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), produtividade de grãos (PROD), obtidos a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.50

- Tabela 7** – Média dos caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), peso de 100 grãos (P100G), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV) e produtividade (PROD), obtidas a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15). Teresina, PI, 2018.54
- Tabela 8** – Média dos caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), peso de 100 grãos (P100G), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV) e produtividade (PROD), obtidas a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.58
- Tabela 9** – Variâncias (S^2) e estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidade no sentido amplo entre e dentro de populações, coeficiente de variação genética entre, coeficiente de variação genética dentro, relação entre coeficiente de variação genética entre populações e o coeficiente de variação experimental e a relação entre o coeficiente de variação genética dentro de populações e coeficiente de variação experimental) dos caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV) e produtividade (PROD), obtidas a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15). Teresina, PI, 2018.62
- Tabela 10** – Variâncias (S^2) e estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidade no sentido amplo entre e dentro de populações, coeficiente de variação genética entre, coeficiente de variação genética dentro, relação entre coeficiente de variação genética entre populações e o coeficiente de variação experimental e a relação entre o coeficiente de variação genética dentro de populações e coeficiente de variação experimental) dos caracteres tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), número de vagens por

- planta (NVP), índice de grãos (IG) e produtividade (PROD), obtidas a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi no cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.....65
- Tabela 11** – Número de plantas (N), média (\bar{u}), variância (S^2) e variância da média ($V(\bar{u})$) para o número de dias para o início da floração (NDIF) e número de dias para a maturação (NDM) em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).67
- Tabela 12** – Estimativas das variâncias fenotípica, ambiental, genotípica, aditiva e de dominância, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância, do número de genes que controlam os caracteres número de dias para o início da floração (NDIF) e número de dias para a maturação (NDM), o ganho genético com a seleção de 20% da geração F_2 e a média predita na geração F_3 após a seleção, obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).68
- Tabela 13** – Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir dos modelos completo e aditivo-dominante e coeficientes de correlação (r) e de determinação (R^2) entre as médias observadas e estimadas para cada modelo, com base nas médias do número de dias para o início da floração (NDIF) e do número de dias para a maturação (NDM) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).72
- Tabela 14** – Análise de variância mostrando a decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m , a , d , aa , ad , dd / m , a , d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do número de dias para o início da floração (NDIF) e do número de dias para a maturação (NDM) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).73
- Tabela 15** – Número de plantas (N), média (\bar{u}), variância (S^2) e variância da média ($V(\bar{u})$) para o peso de 100 grãos (g) em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) dos cruzamentos 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.74

- Tabela 16** – Estimativas das variâncias fenotípica, ambiental, genotípica, aditiva e de dominância, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância, do número de genes que controlam o caráter peso de 100 grãos (g), o ganho genético esperado com a seleção de 20% da geração F_2 e a média predita na geração F_3 após a seleção, obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) dos cruzamentos 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).....75
- Tabela 17** – Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir dos modelos completo e aditivo-dominante e coeficientes de correlação (r) e de determinação (R^2) entre as médias observadas e estimadas para cada modelo, com base nas médias do peso de 100 grãos (g) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) dos cruzamentos 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).78
- Tabela 18** – Análise de variância mostrando a decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m , a , d , aa , ad , dd / m , a , d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do peso de 100 grãos (g) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) dos cruzamentos 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).....79
- Tabela 19** – Número de plantas (N), média (\bar{u}), variância (S^2) e variância da média ($V(\bar{u})$) para o comprimento de vagem (COMPV) e o número de grãos por vagem (NGV) em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).....81
- Tabela 20** – Estimativas das variâncias fenotípica, ambiental, genotípica, aditiva e de dominância, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância, do número de genes que controlam os caracteres comprimento de vagem (COMPV) e número de grãos por vagem (NGV), o ganho genético com a seleção de 20% da geração F_2 e a média predita na geração F_3 após a seleção, obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).....83

- Tabela 21** – Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir dos modelos completo e aditivo-dominante e coeficientes de correlação (r) e de determinação (R^2) entre as médias observadas e estimadas para cada modelo, com base nas médias do comprimento de vagem (COMPV) e do número de grãos por vagem (NGV) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).....85
- Tabela 22** – Análise de variância mostrando a decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m , a , d , aa , ad , dd / m , a , d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do comprimento de vagem (COMPV) e do número de grãos por vagem (NGV) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).86
- Tabela 23** – Estimativa de correlação genotípica entre os caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte da planta (TP) e valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), peso de 100 grãos (P100G), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), produtividade de grãos (PROD), obtida a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.88

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1** – Genótipos utilizados como genitores plantados em condições de telado para realização de cruzamentos. Teresina, PI, 201737
- Figura 2** – Etapas da realização de cruzamentos artificiais em condições de telado. Teresina, PI, 2015-2018. (A): Emasculação; (B): Flor emasculada; (C): Polinização; (D) Etiquetagem da flor polinizada; (E): Vagem obtida de flor polinizada por cruzamento artificial39
- Figura 3** – Experimentos conduzidos em condições de campo. Teresina, PI, 2018.40
- Figura 4** – Precipitação diária (mm) durante o período de condução do experimento, entre outubro de 2018 e janeiro de 2019.....41
- Figura 5** – Distribuição de classes fenotípicas na geração F_2 para os caracteres: (A) peso de 100 grãos no cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15); (B) peso de 100 grãos, (C) comprimento de vagem, (D) número de grãos por vagem (E), número de dias para o início da floração e (F) número de dias para a maturação, no cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.....66

RESUMO

SANTOS, S. P. **Controle genético dos caracteres relacionados à maturação e produção em feijão-caupi**. 98 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2019.

A obtenção de populações segregantes é uma importante etapa inicial em programas de melhoramento. Os estudos de herança de caracteres constituem informações valiosas para a escolha de métodos mais eficientes para a condução dessas populações. Este trabalho teve como objetivo investigar o controle genético de caracteres relacionados com a maturação e produção e estimar parâmetros genéticos e as correlações entre caracteres em populações de dois cruzamentos de feijão-caupi. Primeiramente, realizaram-se dois cruzamentos: BRS Xiquexique e MNC01-631F-15 (1), e MNC05-828C-1-9-1 e MNC04-792F-146 (2), obtendo-se as populações F_1 , F_2 , RC_1 , RC_2 . As gerações e os genitores foram avaliadas em dois experimentos de campo, um para cada cruzamento, na área experimental da Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI, no período de outubro de 2018 a janeiro de 2019. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com três repetições, totalizando-se 10 populações por experimento. Foram mensurados os seguintes caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), comprimento da vagem (COMPV), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), peso de cem grãos (P100G), índice de grãos (IG), produtividade de grãos (PROD), tipo de porte (TP) e valor de cultivo (VC). Maior variabilidade para os caracteres foi observada no cruzamento entre MNC05-828C-1-9-1 e MNC04-792F-146. Ausência de efeito materno foi evidenciada para todos os caracteres estudados. Os parâmetros genéticos estimados mostram que é possível obter ganhos com a seleção, desde que realizada concomitantemente dentro e entre populações. O estudo de controle genético do NDIF, NDM, COMPV, NGV e P100G evidenciou uma natureza quantitativa e predominância da ação gênica aditiva em todos os caracteres, com presença de contribuições menores de epistasia e/ou ação gênica de dominância, indicando a possibilidade de ganhos com a seleção no melhoramento desses caracteres. Altos graus médios de dominância foram encontrados para os caracteres NDIF, NDM e COMPV. O número de genes evidenciou que esses caracteres apresentam controle genético variando de oligogênico a poligênico. O melhoramento para aumento da produtividade via componentes de produção e precocidade será mais fácil no cruzamento 1; genótipos superiores em tamanho de grão e produtividade serão mais difíceis de se conseguir no cruzamento 2; genótipos com porte da planta mais ereto e ao mesmo tempo altamente produtivos serão mais difíceis de se obter em ambos os cruzamentos.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, parâmetros genéticos, herança genética, populações segregantes, melhoramento genético.

ABSTRACT

SANTOS, S. P. **Genetic control of traits related to maturity and yield in cowpea.** 98 p. Dissertation (Master/Genetics and Breeding) – Federal University of Piauí, Teresina, 2019.

Obtaining segregating populations is an important initial step in breeding programs. Character inheritance studies are valuable information for choosing more efficient methods for conducting these populations. This study aimed to investigate the genetic control of the traits related to maturity and yield and to estimate genetic parameters and correlations between traits in populations of two cowpea crosses. First, two crosses were realized: BRS Xiquexique and MNC01-631F-15 (1), and MNC05-828C-1-9-1 and MNC04-792F-146 (2), developing the populations F_1 , F_2 , RC_1 , RC_2 . Generations and genitors were evaluated in two field experiments, one for each cross, in the experimental area of Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI, at the period of October from 2018 to January from 2019. A randomized complete block design was used with three replications and a total of 10 populations per experiment. The following traits were measured: number of days to start flowering (NDSF), number of days to maturity (NDM), pod length (PL), number of pods per plant (NPP), number of grains per pod (NGP), one hundred grains weight (HGW), grain index (GI), and grain yield (GY), plant type (PT) and cultivation value (CV). Higher variability for the traits was observed at cross 2. Absence of maternal effect was evidenced for all studied traits. The estimated genetic parameters show that it is possible to obtain gains from selection, as long as it is performed concomitantly within and between populations. The genetic control study of HGW, PL, NGP, SF and NMD evidenced a quantitative nature, predominance of the additive gene action in all traits, with the presence of minor contributions of epistasis and/or dominance gene action, which the possibility of obtain genetic gain with the selection and breeding these traits. High mean degrees of dominance were found for NDSF, NDM, and PL. The number of genes evidenced that the agronomic traits studied presented genetic control ranging from oligogenic to polygenic. The breeding to increase the yield through the production components and precocity will be easier at cross 1; higher genotypes in grain size and yield will be more difficult to achieve at cross 2; genotypes with plant more erect and at the same time highly yielding will be difficult to obtain in both crosses.

Key words: *Vigna unguiculata*, genetic parameters, genetic inheritance, segregant populations, genetic breeding.

1 INTRODUÇÃO

O Brasil é um importante consumidor e produtor de feijão, cujas espécies principais cultivadas são o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e o feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). O cultivo deste ocorre predominante nas regiões Norte e Nordeste, tendo-se expandido recentemente para as regiões Centro-Oeste e Sudeste (CONAB, 2018). Por possuir grãos ricos em proteínas, carboidratos, fibras, vitaminas e minerais, o feijão-caupi tem sido uma importante fonte nutricional para populações mais carentes (GONÇALVES et al., 2016).

O baixo custo de produção, a ampla adaptabilidade, o elevado potencial produtivo em regiões mais secas dos trópicos, onde há maior dificuldade de desenvolvimento de outras culturas leguminosas, e a crescente demanda para exportação, tem feito do feijão-caupi uma cultura atrativa para os produtores brasileiros. Diante disso, pesquisas voltadas para o melhoramento da leguminosa têm sido realizadas com o intuito de atender as necessidades tanto do agricultor familiar quanto do empresarial (FREIRE FILHO, 2011).

A partir de recursos genéticos, melhoristas tem sido hábeis em desenvolver cultivares mais adaptadas para regiões específicas, para os sistemas mecanizados, e para as demandas da população consumidora. Embora avanços no melhoramento tenham possibilitado a expansão do cultivo da cultura, há uma constante necessidade de ajuste às exigências de mercado e de condições ambientais.

Dentre os caracteres a serem melhorados em feijão-caupi, destacam-se a resistência à pragas e doenças, a tolerância a diferentes estresses ambientais, a produtividade e seus componentes, a precocidade, adaptabilidade e estabilidade, arquitetura moderna de planta e a biofortificação de grãos (FREIRE FILHO, 2011; ROCHA et al., 2013).

O potencial genético para a produtividade de grãos em feijão-caupi ainda está longe de ser alcançado em sua cadeia de produção atual, pelas diversas dificuldades de cultivo e variações das condições ambientais (GUERRA et al., 2017; RODRIGUES et al., 2018). As características genéticas, fisiológicas e morfológicas intrínsecas de cada cultivar respondem de maneiras diferentes às diferentes condições endofoclimáticas (SANTOS, 2013).

Para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas a diferentes condições de lavoura, o programa de melhoramento geralmente inicia-se

com a exploração da variabilidade genética na espécie. Essa variabilidade é comumente ampliada através de cruzamentos artificiais, obtendo-se populações segregantes com potencial para a obtenção de indivíduos transgressivos e superiores para uma série de características de interesse socioeconômico. Dessa forma, a realização de cruzamentos é mais frequentemente usada para aumentar a diversidade e melhorar a qualidade de caracteres em feijão-caupi (FREIRE FILHO et al., 2014).

O uso da hibridação para a obtenção de novas recombinações gênicas tem tido ganhos mais satisfatórios que os métodos que envolvem introdução de plantas ou seleção de linhas puras em programas de melhoramento (BORÉM; MIRANDA, 2013). O sucesso de um programa de melhoramento está relacionado ao potencial de segregação das populações geradas por estes cruzamentos (RODRIGUES et al., 2018). Esse potencial é explorado a partir dos estudos genéticos, permitindo que o melhorista acompanhe suas populações segregantes, preveja seus comportamentos com a seleção e defina melhores métodos estratégicos para conduzi-las.

O conhecimento da variabilidade genética é uma etapa crucial no melhoramento de populações segregantes, pois permite a predição de ganhos e de fixação genética pela seleção e o conhecimento da relação entre os caracteres. Neste sentido, as estimativas de parâmetros genéticos, de correlações genéticas e o estudo do controle genético de caracteres constituem informações valiosas para a escolha de métodos mais adequados para o melhoramento da população e são importantes indicativos das possíveis dificuldades nesse processo (RAMALHO et al., 2012b; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Embora muitos estudos dissertem sobre o controle genético e a estimativa de parâmetros genéticos da produtividade e seus componentes, divergências entre os mesmos sugerem que os avanços genéticos são diferentes para cada população. Portanto, é necessário conhecer o potencial genético dos genótipos de cada programa de melhoramento para a combinação de características que promovam desempenho superior em relação às cultivares encontradas no mercado.

Diante do exposto, este trabalho tem como finalidade investigar o controle genético de caracteres envolvidos na maturação e produção e estimar parâmetros genéticos e correlações genotípicas entre caracteres agronômicos em populações de dois cruzamentos de feijão-caupi.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Feijão-caupi

O feijão-caupi é uma planta dicotiledônea classificada na ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolineae, gênero *Vigna*, subgênero *Vigna*, espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp. e subespécie *unguiculata*. É uma leguminosa que possui ampla adaptabilidade e um elevado potencial produtivo em regiões mais secas dos trópicos, onde há maior dificuldade de desenvolvimento de outras culturas leguminosas. Seu cultivo é feito principalmente para a produção de grãos secos ou grãos verdes para o consumo humano, além de incluir o consumo de vagens verdes e a produção de farinha para ser usado como ingrediente culinário (GONÇALVES et al., 2016; FREIRE FILHO; LIMA; RIBEIRO, 2005; FREIRE FILHO, 2011).

A cultura, originária da África, foi introduzida no Brasil pelos portugueses no século XVI. Teve cultivo inicial no Estado da Bahia, sendo disseminada por todo o Nordeste e posteriormente para as demais regiões do País. Dependendo da região do país, pode ter diferentes denominações: feijão-macassar, feijão-de-corda, feijão-de-praia, feijão-da-colônia, feijão-de-estrada e feijão-miúdo. Os grãos servem de alimentação básica para populações do Norte e do Nordeste, cujo consumo tem se expandido para outros estados (FREIRE FILHO, 2011).

No mundo, o cultivo do feijão-caupi abrange regiões do Oriente, Oriente Médio, Sul da Europa, África, Sul dos Estados Unidos, América Central, América do Sul e da Oceania, contabilizando-se mais de 100 países (FATOKUN et al., 2002; FREIRE FILHO, 2011; GONÇALVES et al., 2016). No Brasil, a produção ocorre principalmente nas regiões Norte e Nordeste, com recente expansão para o Centro-Oeste, concentrando-se no estado de Mato Grosso, e uma atual expansão para o sudeste, representado pelo estado de Minas Gerais (CONAB, 2018).

A Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) apresenta dados de produção de feijão-caupi de 42 países, onde se identifica os maiores produtores do mundo: Nigéria e Niger, cujas produções em 2016 foram cerca de 3 e 1,9 milhões de toneladas, respectivamente (FAOSTAT, 2018). Embora o Brasil não esteja presente no banco de dados da FAO, se inserido nessa lista, ele apresenta a terceira maior produção mundial. Sua produção em 2017/2018 foi de 786,8 mil toneladas, com área total de produção de 1.512,7 mil hectares e uma produtividade de 520kg/ha (CONAB, 2018). Um dos motivos da baixa produtividade

é a carência no investimento tecnológico. A produtividade do Centro-Oeste é acima da média nacional (1.045 kg ha^{-1}) exatamente por ter um sistema de cultivo em larga escala e com emprego de alta tecnologia (CONAB, 2018; FREIRE FILHO, 2011).

O feijão-caupi é uma leguminosa de expressiva importância nutricional, pois é rica em proteínas, carboidratos, vitaminas, minerais e fibras, com baixos conteúdos de gordura, o que é relacionado com a prevenção de várias doenças metabólicas e cardíacas. Por ser um alimento básico de populações mais carentes e apresentar várias vantagens agronômicas, ambientais e econômicas, o desenvolvimento de cultivares biofortificadas tem sido um dos objetivos do programa de melhoramento de feijão-caupi (FREIRE FILHO, 2011; GONÇALVES et al., 2016).

No Brasil, o consumo da leguminosa é amplamente difundido no Nordeste, onde cerca de 25 milhões de pessoas consomem os grãos e nos estados do Maranhão e Sergipe o consumo médio chega a 18 kg/pessoa/ano. Assim, espera-se que a sua biofortificação alcance um grande número de pessoas (NUTTI et al., 2009; CARVALHO et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2017). Assim, a obtenção de populações segregantes ou de acessos com potencial para o desenvolvimento de genótipos com desempenho superior para ambos os caracteres agronômicos e nutricionais é um importante objetivo no melhoramento da cultura.

Como pode ser observado, o feijão-caupi tem grande importância socioeconômica para o país, gerando renda e empregos. A alta qualidade na produção tem possibilitado uma boa aceitação do produto pelos comerciantes, agroindústrias, distribuidores e consumidores, atraindo ainda o interesse de firmas de exportação. A alta diversidade de grãos no Brasil permite que o país produza diferentes tipos, agradando diferentes preferências no mercado internacional. A exportação no Brasil teve início em 2007, alcançando países como o Canadá, Índia, Israel, Portugal e Turquia (FREIRE FILHO, 2011). Em 2018, só o tipo Fradinho foi responsável pela arrecadação de mais de 17 milhões de dólares, através da exportação de 39,6 mil toneladas de grãos para países principalmente do Oriente Médio, Ásia e Europa (MAPA, 2018). A expansão de mercado para o feijão-caupi no Brasil tem impulsionado o desenvolvimento de pesquisas para o melhoramento da cultura.

2.1.1 Melhoramento genético

O feijão-caupi é uma espécie autógama, apresentando a autofecundação como reprodução predominante, em decorrência da abertura da flor após a autopolinização (cleistogamia) (ROCHA et al., 2013). A obtenção de linhas puras, ou linhagens, é a principal via de melhoramento para esta espécie. No Brasil, esse melhoramento teve início no final do século XVI, com a introdução das primeiras cultivares no país. Entretanto, foi a partir de 1925 que se iniciou as pesquisas nessa área, com introduções de germoplasma. Na década de 1963 a 1973 houve uma integração das pesquisas entre diferentes institutos, envolvendo caracterizações de germoplasma e liberação das primeiras cultivares pela Universidade Federal do Ceará (FREIRE FILHO, 2011; ROCHA et al., 2013).

Com o início em 1973, a entrada da Embrapa no sistema de pesquisa de feijão-caupi ocorreu com a estruturação de equipes de pesquisa em uma rede nacional, liderada pela Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio do Goiás. Foi em 1991 que a Embrapa Meio-Norte assumiu a liderança da rede de melhoramento de feijão-caupi, sendo ampliada para o Norte e Nordeste, e os estados de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais e São Paulo (FREIRE FILHO, 2011).

O manejo de recursos genéticos é uma etapa primordial para o pré-melhoramento do feijão-caupi. Os bancos de germoplasma de feijão-caupi estão distribuídos entre a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, a Embrapa Meio-Norte e a Universidade Federal do Ceará. A primeira etapa do melhoramento consiste em estruturar hibridações entre genótipos elites divergentes, a partir dos recursos genéticos disponíveis, para os caracteres a serem melhorados. Posteriormente, são realizadas as etapas subsequentes de avanço de gerações, da F_2 a F_6 , da abertura de linhas e avaliação preliminar, da realização de ensaios preliminares, ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), da produção de sementes e do lançamento de cultivares (ROCHA et al., 2013).

O método de melhoramento mais utilizado no programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa é o genealógico ou "Pedigree", seguido do método de descendência de uma única vagem (*SPD*). Outros métodos utilizados incluem a seleção massal, a introdução de germoplasma, a seleção de plantas com teste de progênie e o método de descendência de uma única semente (*SSD*). Os progressos obtidos com o melhoramento incluem a qualidade do grão, a resistência a vírus, a

precocidade e arquitetura da planta, o que viabilizou o cultivo mecanizado em larga escala da cultura (FREIRE FILHO, 2011; ROCHA et al., 2013).

Cerca de 73 cultivares de feijão-caupi já foram desenvolvidas pelo melhoramento no Brasil, a maioria lançada pela Embrapa em parceria com outras instituições. Esse número é considerado baixo, se comparado a outras culturas. As últimas cultivares registradas são a BRS Tumucumaque, BRS Aracê, BRS Itaim, BRS Acauã, BRS Carijó, BRS Tapaihum, Miranda IPA 207 e BRS Imponente (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017).

O melhoramento tem sido conduzido de acordo com as necessidades de agricultores familiares e empresários, considerando toda a cadeia produtiva da cultura: produtor, comerciante, agroindustrial, distribuidor, consumidor e exportador. A produtividade média das cultivares lançadas entre 1990 a 2015 apresenta uma variação de 500 a 2000 kg ha⁻¹ em condições de sequeiro (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017). O aumento cronológico da produtividade por cultivares sendo lançadas se deve ao ganho genético e ambiental obtidos pelos avanços no melhoramento (ROCHA et al., 2013).

As perspectivas para o melhoramento do feijão-caupi incluem a obtenção de grãos que satisfaçam as demandas do mercado consumidor, o desenvolvimento de cultivares com inflorescência composta para aumentar a produtividade, aumentar a eficácia de associação com bactérias fixadoras de nitrogênio, obter maior precocidade de cultivares para cultivo em safrinha ou irrigado, tolerância ao estresse hídrico e altas temperaturas, realizar a biofortificação para ferro e zinco, diminuir o tempo de cocção, aumentar os teores de compostos bioativos, aprimorar a viabilidade para o processamento industrial, amplificar a produtividade, adaptabilidade e estabilidade aos diversos biomas brasileiros (FREIRE FILHO, 2011; ROCHA et al., 2013).

Tem-se notado que os níveis de produtividade são inferiores ao potencial genético do feijão-caupi. A expectativa é que este potencial ultrapasse 6t ha⁻¹ (FREIRE FILHO et al., 1999). Esse baixo rendimento geralmente ocorre em função de problemas edáficos, irregularidades das chuvas ou dos sistemas de irrigação, fatores fitossanitários e ao uso de sistemas de produção de baixo nível tecnológico (MATOS FILHO et al., 2009; ROCHA et al., 2003; SILVA et al., 2018).

A incorporação do uso de alta tecnologia na cultura tem sido uma tendência nas últimas décadas, com a mecanização de todas as etapas do cultivo. Portanto,

além da produtividade e da qualidade, o melhoramento das características relacionadas à arquitetura da planta, com vistas à obtenção de plantas eretas e de arquitetura mais compacta, que resultem em ciclos de maturação mais curtos e maiores densidades, tem sido almejado para possibilitar a colheita mecanizada (FREIRE FILHO, 2011; MATOS FILHO et al., 2009).

Há muito a ser explorado quanto ao potencial genético do feijão-caupi. O melhoramento genético desta cultura é o principal modo de aumentar sua produtividade média. A escolha de uma estratégia que possibilite selecionar genótipos melhor adaptados às condições edafoclimáticas brasileiras representa uma etapa crucial nos programas de melhoramento. Dessa forma, os estudos que envolvem o controle genético de caracteres e a estimação de parâmetros genéticos são guias fundamentais para a escolha do método de seleção mais adequado e, conseqüentemente, o maior sucesso no desenvolvimento de novas cultivares (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; ROCHA et al., 2003).

2.2 Hibridação no melhoramento de feijão-caupi

A hibridação é definida como a fusão entre gametas geneticamente diferentes, resultando em indivíduos híbridos heterozigóticos para um ou mais *loci*. A partir da hibridação, o objetivo do melhoramento de espécies autógamas é obter indivíduos homozigóticos por sucessivas gerações de autofecundação. Na população segregante, realiza-se a seleção de indivíduos com as características desejáveis de ambos os genitores. As linhagens originadas desses indivíduos são avaliadas em testes comparativos de produtividade, sendo as comprovadamente superiores lançadas como cultivares (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Na hibridação de espécies autógamas, os genitores são cruzados artificialmente. Em essência, a técnica de cruzamento consiste na emasculação da flor a ser utilizada no genitor feminino antes que as anteras iniciem a derriça de pólen. Posteriormente, coleta-se o pólen do genitor masculino, que é aplicado sobre o estigma da flor emasculada. Uma variação da técnica é esperada entre espécies diferentes (BORÉM; MIRANDA, 2013; BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001).

Tem-se evidenciado que os ganhos genéticos obtidos com métodos de melhoramento que originem recombinações gênicas são maiores do que com métodos que envolvem introdução de plantas ou seleção de linhas puras. O planejamento cuidadoso dos cruzamentos aumenta as chances de desenvolvimento

de cultivares superiores, já que maximiza a utilização de alelos desejáveis. O cruzamento entre genitores divergentes e a inclusão daqueles agronomicamente superiores e adaptados pode ser vantajoso, pois, respectivamente, aumenta a variabilidade na geração F_2 e a probabilidade de obtenção de genótipos superiores (BORÉM; MIRANDA, 2013; BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001).

A utilização de métodos de hibridação no melhoramento do feijão-caupi no Brasil começou em 1977, com a realização dos primeiros cruzamentos. O método de melhoramento por hibridação utilizado nesta época foi o genealógico. Atualmente o método mais utilizado é o da descendência de uma única vagem - *SPD* (FREIRE FILHO, 2011; ROCHA et al., 2017).

2.2.1 Técnicas de cruzamento artificial em feijão-caupi

As flores do feijão-caupi são completas e cleistógamas, sendo autopolinizadas geralmente antes de sua abertura no final da manhã. Assim, a emasculação antes da abertura das anteras é imprescindível para a obtenção de cruzamentos controlados. O tamanho relativamente grande das partes das flores de feijão-caupi, com estigma e quilha retos, facilita o manuseio desses órgãos na hibridação, principalmente na emasculação (FREIRE FILHO et al., 2014).

Freire Filho et al. (2014) descrevem quatro tipos de metodologias de cruzamento artificial adotadas para o feijão-caupi, que diferem quanto ao momento da emasculação do botão floral, quanto à coleta e utilização do pólen e quanto ao momento da polinização. No primeiro método descrito, o genitor feminino tem sua flor emasculada no fim de tarde que antecede a antese; coleta-se a flor aberta do genitor masculino na manhã da antese; e poliniza-se na mesma manhã o botão floral emasculado no dia anterior, portanto, de 0 a 3 horas após a antese.

No segundo método, coleta-se a flor masculina na manhã da antese, levando-a para conservação em câmara fria ou refrigerador. No mesmo dia, pela tarde, emascula-se a flor feminina, polinizando-a logo em seguida com a flor conservada, e portanto, 12 a 14 horas antes de sua antese. O primeiro e o segundo método são os principais utilizados, e de forma simultânea, no programa de melhoramento da Embrapa Meio-Norte.

O terceiro método consiste na emasculação da flor feminina na manhã do dia que antecede a antese, coletando-se a flor aberta masculina na mesma manhã, e na

polinização na mesma manhã da emasculação e da coleta do pólen, portanto 20 a 24 horas antes da antese do botão floral emasculado. A quarta metodologia consiste na emasculação da flor feminina na tarde antecedente à sua antese, na coleta da flora masculina aberta na mesma tarde, após sua antese, e na polinização na mesma tarde, portanto 12 a 14 horas antes da antese do botão floral emasculado.

Rêgo et al. (2006) testaram o sucesso dos 4 tipos de procedimentos de cruzamentos artificiais, totalizando 276 cruzamentos entre linhagens de feijão-caupi e 23,18% de pagamento. O método de coleta de flores pela manhã, conservadas em refrigeração e polinização no fim de tarde foi o mais eficiente, com 44,9% de pega. Segundo os autores, a polinização artificial foi influenciada pela habilidade do operador e pelas condições climáticas, onde as temperaturas baixas e umidade relativa do ar elevada favoreceram a porcentagem de pega. Também concluíram que a viabilidade do pólen é satisfatoriamente mantido pela conservação da flor sob refrigeração.

Nunes et al. (2010) realizaram 214 cruzamentos artificiais entre cultivares de feijão-caupi, utilizando os dois métodos de cruzamento: o método de coleta de flores pela manhã, armazenadas em refrigerador, com emasculação e polinização no fim de tarde; e o método de emasculação no fim de tarde com polinização realizada na manhã do dia seguinte. A taxa total de pagamento foi de 8,87%, obtendo-se 19 vagens. O primeiro método mencionado teve maior sucesso de pagamento. Os autores atribuem isso às boas condições de temperatura e umidade observadas no fim da tarde e do bom acondicionamento do pólen.

2.3 Estudos genéticos de caracteres em feijão-caupi

Os estudos genéticos de caracteres baseiam-se na estimação de parâmetros genéticos, tais como: variâncias fenotípicas, genotípicas e ambientais; coeficiente de variação genotípico; relação entre coeficiente de variação genotípico e o coeficiente de variação experimental; herdabilidade; ganho genético; correlações entre caracteres; e nos estudos de herança, que envolvem a avaliação de presença de efeito materno, de presença de heterose e grau médio de dominância, na determinação dos efeitos gênicos aditivos, de dominância e epistáticos e estimação do número de genes controlando o caráter.

A determinação do controle genético dos caracteres alvos da seleção constitui uma etapa inicial que orienta a escolha dos procedimentos mais adequados nos programas de melhoramento. Em função da enorme variabilidade genética observada para o feijão-caupi e da grande variação nas condições de seu cultivo, essas estimativas são fundamentais para o estabelecimento de programas de melhoramento com intuito de desenvolver cultivares mais produtivos e adaptados a essas diferentes condições (CORREA et al., 2012).

Os parâmetros genéticos são intrínsecos para cada população estudada. Como esses parâmetros dependem da composição genética da população e das condições sob as quais esta é avaliada, resultados diferentes são esperados para os parâmetros genéticos e estatísticos. Assim, parâmetros obtidos a partir de outros locais e outras populações não podem ser utilizados para prever o progresso genético de uma população específica (MORETI et al., 1994). O melhorista deve, portanto, conhecer o seu material genético de modo a estimar esses valores e conhecer seu potencial para o melhoramento.

2.3.1 Componentes de variância e parâmetros genéticos

Segundo Ramalho et al. (2012b), as estimativas dos componentes da variabilidade em populações e a quantificação do quanto dessa variabilidade é decorrente das diferenças genéticas são fundamentais nos programas de melhoramentos, pois fornecem informações sobre o controle genético do caráter e o potencial da população para a seleção. As variâncias genéticas e ambientais são essenciais para a obtenção da herdabilidade, um importante parâmetro para o melhorista, que permite prever a possibilidade de sucesso com a seleção.

Os componentes de variância representam as variâncias associadas aos efeitos de um modelo estatístico, podendo ser estimadas por meio da obtenção das esperanças matemáticas dos quadrados médios de uma análise de variância. No melhoramento, eles são utilizados para estimar parâmetros importantes, como o coeficiente de herdabilidade, o ganho esperado com a seleção e a correlação entre caracteres, os quais são encontradas nos compêndios da Genética Quantitativa (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012).

A variância ambiental é a que atua contra os interesses do melhorista, por não ser transmitida para a próxima geração, denotando a influência do ambiente na

expressão dos caracteres. A variância genética é a porção da variação fenotípica que é herdável, ou seja, é obtida da diferença da variação fenotípica com a variação ambiental. A variância genotípica é ainda dividida entre dois tipos: a variância genética aditiva e a variância genética não-aditiva, sendo essa última correspondente a variância genética de dominância e a variância genética epistática (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012b).

A variância aditiva é determinante na covariância entre parentes, sendo um indicativo de grande relação entre o comportamento da unidade de seleção e da unidade melhorada, pois, sob ação gênica aditiva, a descendência é semelhante aos progenitores selecionados. Enquanto na ação gênica aditiva cada genótipo tem um valor próprio, na dominante, genótipos iguais tem valores diferentes e a heterozigose promove a segregação dos genótipos selecionados para tipos inferiores. Logo, a presença da variação aditiva é um indicativo da facilidade na seleção, proporcionando maiores ganhos com esta. No entanto, a variância atribuída à dominância é desejável em programas que objetivam a exploração do vigor híbrido (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2.3.1.2 Coeficiente de herdabilidade

A herdabilidade informa o quanto da variação fenotípica é de natureza genética ou decorrente da variação genética, sendo portanto uma estimativa de confiabilidade do fenótipo como indicador do valor reprodutivo. Há dois tipos de herdabilidade: a do sentido amplo e a do sentido restrito. Enquanto a herdabilidade do sentido amplo avalia o fenótipo em função de toda a variação genética, incluindo ações gênicas aditivas, dominantes e epistáticas, a herdabilidade no sentido restrito considera apenas a variação genética aditiva. Esta herdabilidade é importante no melhoramento de autógamas porque quando seu valor é alto a seleção é facilitada, já que indivíduos superiores produzirão prole superior. (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001; RAMALHO et al., 2012b).

Muitos trabalhos tem explorado a herdabilidade como indicativo do potencial de populações estudadas para o melhoramento de caracteres importantes no feijão-caupi. A Tabela 1 mostra uma revisão simples da literatura para valores de coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, ou de determinação genotípico, de caracteres comumente avaliados.

Em estudo de controle genético do comprimento de pendúnculo, Rocha et al. (2009) encontraram herdabilidade no sentido amplo e restrito de 67,52 e 53,37%, respectivamente. Silva et al. (2006) obtiveram magnitudes de 73,3 e 70,36%, respectivamente, para a herdabilidade no sentido amplo e restrito do comprimento de vagem. Lopes, Gomes e Freire Filho (2003) obtiveram valores de 68,46 e 59,87%, respectivamente, para o tamanho de grãos.

Tabela 1 – Valores de coeficientes de herdabilidade ou de determinação genotípico encontrados na literatura para os caracteres produtividade e seus componentes, valor de cultivo (VC), tipo de porte (TP), número de dias para o início da floração (NDIF) e número de dias para a maturação (NDM).

Autor	População	Coeficientes de herdabilidade ou de determinação genotípico				
		Produtividade e seus componentes	VC	TP	NDIF	NDM
Lopes et al. (2001)	Linhagens	4,51 a 75,66%	26,57%	-	62,25%	-
Rocha et al. (2003)	Linhagens e cultivares de tegumento branco	15,7 a 96,25%	68,71%	-	75,7%	-
Teixeira et al. (2007)	Cultivares e linhagens de porte ereto	62,21 a 92,81%	85,14%	-	-	-
Matos Filho et al. (2009)	Populações obtidas de cruzamentos	49,86 a 75,80%	-	-	25,29%	-
Andrade et al. (2010)	Linhagens e cultivares para feijão fresco	84,58 a 98,72%	90,21%	87,18%	-	-
Correa et al. (2012)	Cultivares e linhagens de porte ereto e semi-ereto	71,33 a 94,41%	-	-	75,01%	89,8%
Silva et al. (2014)	Linhagens	82,29 a 98,57%	-	-	99,37%	-
Correa et al. (2015)	Linhagens e cultivares	61,29 a 98,14%	-	-	35,93%	83,78%
Aliyu e Makinde (2016)	Linhagens	75 a 91%	-	-	86%	82%

2.3.1.3 Ganho genético com a seleção de caracteres

Uma das grandes contribuições da genética quantitativa ao melhoramento é a possibilidade de prever o avanço genético, conseguido pelo uso de técnicas seletivas. A herdabilidade é utilizada na obtenção do ganho esperado com a seleção (GS), uma estimativa que quantifica o valor fenotípico a ser alcançado com a seleção dos indivíduos superiores da população em estudo. Informações sobre o ganho permitem avaliar a eficiência dos métodos de melhoramento, bem como o êxito do material melhorado (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012b).

Na literatura existem estudos com feijão-caupi com estimativas de ganhos com a seleção truncada, ou direta, baseada em caracteres isoladamente, e com a seleção simultânea de caracteres. Lopes et al. (2001) obtiveram ganhos para cada caráter agrônomico avaliado em 28 linhagens de feijão-caupi, com intensidade de seleção de 20%. Os ganhos esperados foram: 4,14 dias para o início da floração, 1,28 para o número de vagens por pedúnculo, 13,4 cm para o comprimento de vagem, 4,2 para o número de grãos por vagem, 21,73 g para o peso de 100 grãos, 2,57 para o valor agrônomico e 19,77 kg/ha para a produtividade.

Barros et al. (2011), ao avaliar progênies obtidas de retrocruzamentos quanto ao tipo de inflorescência, obtiveram ganhos esperados para a seleção de 5, 10 e 15 progênies de cada tipo, com inflorescência simples e composta. O estudo aponta ganhos máximos desejados de 0,82 cm para o comprimento de vagem, -0,63 dias para o início da floração, 2,77% para o índice de grãos, 1,36 para o número de grãos por vagem, 22,59 para o número de pedúnculos com vagem, 0,22 número de vagens por pedúnculo, 0,5 g para o peso de 100 grãos e 159,82 g para a produção de grãos.

A seleção simultânea de caracteres é vantajosa para garantir que o material melhorado apresente várias características adequadas ao consumo e à produção. Oliveira et al. (2017) estimaram o ganho esperado com a seleção de populações segregantes para caracteres agrônomicos, nutricionais e culinários. Os ganhos variaram de acordo com os 3 tipos de índice de seleção simultânea adotados: clássico, multiplicativo e de soma de ranks, que teve maior ganho, atingindo valor máximo de 31,25%.

2.3.1.4 Coeficiente de variação genética

O coeficiente de variação genética representa a razão entre o desvio-padrão genético e a média da população, em porcentagem, expressando a magnitude da variação genética em relação à média do caráter. Também pode ser utilizado para estudar sua relação com o coeficiente de variação experimental. A razão entre eles (CVg/CVe) fornece informações análogas à herdabilidade, e, quando atinge ou ultrapassa o valor da unidade (1), indica uma situação favorável à seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RANGEL, et al., 2000).

Estimativas do coeficiente de variação genética é comum em estudos de feijão-caupi, principalmente para caracteres agronômicos. Uma breve revisão desses trabalhos é observada na Tabela 2.

Tabela 2 – Valores de coeficientes de variação genética encontrados na literatura para os caracteres produtividade e seus componentes, valor de cultivo (VC), tipo de porte (TP), número de dias para o início da floração (NDIF) e número de dias para a maturação (NDM).

Autor	População	Coeficientes de variação genética				
		Produtividade e seus componentes	VC	TP	NDIF	NDM
Lopes et al. (2001)	Linhagens	4,32 a 23,9%	3,56%	-	3,77%	-
Rocha et al. (2003)	Linhagens e cultivares de tegumento branco	9,53 a 19,55%	20,74%	-	4,47%	-
Teixeira et al. (2007)	Cultivares e linhagens de porte ereto	7,76 a 18,54%	23,08%	-	-	-
Matos Filho et al. (2009)	Populações segregantes	11,13 a 26,35%	-	-	2,28%	-
Correa et al. (2012)	Cultivares e linhagens de porte ereto e semi-ereto	6,37 a 31,49%	2,42%	3,75%	-	-
Silva et al. (2014)	Linhagens	6,19 a 27,71%	-	-	8,26%	-
Correa et al. (2015)	Linhagens e cultivares	4,48 a 60,34%	-	-	1,77%	1,86%
Aliyu e Makinde (2016)	Linhagens	15,9 a 43,6%	-	-	10,3%	10,8%
Oliveira et al. (2017)	Populações segregantes	3,48 a 10,91%	3,72%	9,53%	2,64%	1,05%

2.3.2 Controle genético de caracteres

O estudo de herança genética é constituído por uma série de estimativas que fornecem informações sobre a forma que caracteres de interesse são herdados, fornecendo subsídios para a escolha de metodologias mais adequadas no melhoramento. Em um primeiro momento, é comum verificar se as ações gênicas nucleares sofrem efeito citoplasmático, ou seja, se existe efeito materno no controle do caráter. Posteriormente, realiza-se um estudo do controle genético do caráter para fins de identificar a natureza oligogênica ou poligênica do caráter e definir as contribuições e tipos de efeitos gênicos envolvidos na expressão do mesmo.

O estudo de controle genético de caracteres em espécies autógamas é realizado por meio da avaliação de populações obtidas de cruzamentos. É necessário que os genitores sejam endógamos, ou seja, não estejam sob segregação, e que sejam bastante divergentes quanto as características em estudo (BORÉM; MIRANDA, 2013; RAMALHO et al., 2012a). As principais populações obtidas para este intuito são as gerações F_1 , F_2 e retrocruzamentos RC_1 e RC_2 , sendo avaliadas conjuntamente com os parentais em condições experimentais para a verificação da segregação fenotípica (RAMALHO et al., 2012a).

O efeito materno é um tipo de herança controlada por genes nucleares do genitor feminino, cujos produtos promovem condições do citoplasma do óvulo, determinando a expressão fenotípica de alguns caracteres da prole, independente dos genes do genitor masculino. Esse efeito se dá apenas por uma ou duas gerações. No melhoramento, a presença desse tipo de controle genético indica que a seleção deve ser feita na geração F_3 , já que esta expressa fenotipicamente a real variabilidade genética da geração F_2 (RAMALHO et al., 2012b; PIERCE, 2011). Testes estatísticos de comparação de médias de cruzamentos e seus recíprocos cujas diferenças são significativas indicam a presença do efeito.

A determinação da influência das ações gênicas aditivas e dominantes em caracteres quantitativos também são fundamentais no melhoramento. Na ação gênica de dominância, os alelos dominantes, quando presentes, determinam a formação do fenótipo em detrimento dos alelos recessivos. A descendência de qualquer indivíduo heterozigoto tem a média menor que a desse indivíduo, pois a segregação ocorre para tipos inferiores. A ação gênica aditiva é o efeito somatório dos efeitos individuais dos alelos para formar o fenótipo. Neste caso, a

descendência de um indivíduo qualquer tem valor fenotípico igual a desse indivíduo, e por isso, essa ação é a mais vantajosa para o melhorista, pois há uma melhor resposta à seleção (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001).

Através dos estudos das médias de gerações, considerando o modelo completo, são obtidos os efeitos genéticos da média, aditivo, de dominância, de interação gênica aditivo x aditivo, de interação gênica aditivo x dominante, e de interação gênica dominante x dominante. O modelo reduzido, também chamado de aditivo-dominante, exclui os efeitos epistáticos do estudo. Embora mais simples, este modelo tem sido rotineiramente utilizado no melhoramento, por prover as informações indispensáveis na avaliação da eficiência de métodos empregados e do êxito deste (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012a).

O estudo de controle genético fornece também o grau médio da dominância, ou desvios da dominância. A estimativa revela a relação entre o valor genotípico codificado do heterozigoto, expresso pela variação decorrente da dominância, e o valor genotípico codificado do homozigoto, expresso pela variância aditiva. Quanto maior o parâmetro, maior a interação alélica de dominância. A negatividade e positividade indicam que a dominância ocorre em direção à manifestação fenotípica de menor e maior grandeza do caráter, respectivamente (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A estimação dos componentes de médias pode ser feito por diferentes métodos. Um deles é o método dos mínimos quadrados ponderados, conforme Mather e Jinks (1974). Outros métodos incluem o teste de escala proposto por Cavalli (1952), o teste de escala de Tan (1974), e os modelos de Jinks e Jones (1958) e Hayman (1958) (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; GALE; MATHER; JINKS, 1977; RAHMAN; SAAD, 2000; RAMALHO et al., 2012a; RASHWAN, 2010).

Efeitos gênicos também podem ser estimados a partir dos delineamentos genéticos dialelos. A metodologia proposta por Hayman (1954), por exemplo, dá informações sobre o mecanismo básico de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos dos progenitores utilizados e do limite de seleção. No entanto, fatores limitantes do método podem restringir sua utilização, como por exemplo a exigência de distribuição independente dos genes entre os progenitores, ausência de efeito materno, ausência de alelismo múltiplo e ausência de epistasia (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Evidências de efeito materno tem sido observada para a herança dos caracteres teores de ferro, zinco e proteínas no grão em feijão-caupi (MONTEIRO et al., 2015; MOURA et al., 2011) e para a tolerância ao déficit hídrico (RODRIGUES et al., 2018).

Muitos estudos envolvendo a estimação dos efeitos gênicos já foram realizados em feijão-caupi. Silva et al. (2006) estudaram o controle genético do comprimento de vagem baseado nas médias e variâncias de seis gerações, onde encontraram maior contribuição da média e dos efeitos gênicos aditivos na herança do caráter. Baixo grau médio de dominância indicou presença de alguma dominância parcial, e obteve-se uma estimativa de 7,53 genes no controle genético.

Rocha et al. (2009) estudaram a herança genética do controle do comprimento do pedúnculo de feijão-caupi, utilizando-se de os modelos completo e reduzido. Os componentes gênicos aditivos, de dominância e epistáticos foram todos significativos, embora tenha-se detectado maior importância da ação aditiva, indicando maior facilidade no melhoramento. O grau médio de dominância indicou presença de dominância parcial, e o número de genes envolvidos no controle genético foi cinco.

O controle genético do tamanho do grão em feijão-caupi foi estudado por Lopes, Gomes e Freire Filho (2003). Testando previamente o modelo completo, os autores obtiveram suficiência total do modelo aditivo-dominante para explicar a variabilidade existente na população F_2 . Os efeitos de média e os gênicos aditivos foram os únicos aparentemente importantes para a determinação do caráter, indicando facilidades no melhoramento. Os autores detectaram ainda a presença de dominância parcial, através do grau médio de dominância, e um número de cinco genes controlando esse caráter.

Egbadzor et al. (2013) também avaliaram o controle genético do tamanho do grão em feijão-caupi e identificaram a presença de oito genes. Observou-se significância para as ações gênicas de dominância, aditivas, e das interações aditivo x dominante e dominante x dominante. Os autores concluíram que, neste caso, uma combinação de diferentes abordagens seria uma estratégia para obter progressos com a seleção.

Santos et al. (2012) investigaram a herança do teor de proteínas no grão de feijão-caupi em dois cruzamentos. Em ambos, o estudo apontou maior contribuição da média e do efeito gênico aditivo na herança, pelo modelo completo. O número de

genes variou de três a sete em um cruzamento e de três a menos que 25 no cruzamento. Embora o caráter tenha natureza poligênica, os autores sugerem que o mesmo pode ser melhorado por métodos convencionais de melhoramento de plantas autógamas. Outro estudo de herança do mesmo caráter foi feito através de cruzamentos dialelos, onde identificou-se a presença de efeitos aditivos e não-aditivos, com maior importância da variância decorrente de dominância (TCHIAGAM et al., 2011).

Rashwan (2010) estudou o controle genético da produtividade e seus componentes em gerações de feijão-caupi pela metodologia de Jinks e Jones (1958). Todos os tipos de epistasia, a dominância e a aditividade foram reportadas como ações gênicas importantes no controle de todos os caracteres. Umaharan, Ariyanayagam e Haque (1997) avaliaram a herança de características envolvidas na qualidade de vagens em feijão-caupi. Por meio de cruzamentos dialelos, os autores identificaram contribuição significativa de ambos efeitos gênicos aditivos e de dominância na determinação dos caracteres.

A herança do período de floração foi estudada por Ishiyaku, Singh e Craufurd (2005), por médias de gerações. O componente aditivo e o da interação aditivo x dominante foram os mais importantes no controle do caráter, identificando-se cerca de 7 genes. Além desses componentes, Adeyanju e Ishiyaku (2007) identificaram também importância para as interações aditivo x aditivo e dominante x dominante, ao estudar o mesmo caráter nas gerações de outro cruzamento, sugerindo, ainda, uma natureza poligênica do caráter.

Os estudos com heterose em feijão-caupi são comuns na literatura (ANITHA et al., 2016; OLAJIDE; ILORI, 2016; PATHAK; NAIK; JOSH, 2017; PETHE et al., 2017). Embora o vigor híbrido não possa ser explorado comercialmente em autógamas, como na cultura, as gerações F1 heteróticas podem ser úteis para isolar uma maior frequência de descendentes produtivos em suas gerações posteriores. O conhecimento da extensão da heterose contribui para identificar híbridos com potencial para produzir segregantes transgressivos desejáveis (PETHE et al., 2017).

2.3.3 Coeficiente de correlação entre caracteres

Quando se explora a variabilidade por meio da seleção sobre determinado caráter, outros caracteres podem ser simultaneamente alterados, devido à correlação genética entre eles. As correlações são explicadas por dois fatores: a ligação física de genes que estão no mesmo cromossomo e que afetam diferentes características e, principalmente, pelo efeito de um mesmo gene em mais de uma característica (pleiotropia). Ligações gênicas são causas transitórias, especialmente em populações derivadas de cruzamento entre linhagens divergentes. Deve-se conhecer e quantificar essas correlações para que se possa prever o efeito da seleção em todos os caracteres de interesse (CORREA et al., 2012; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A vantagem de se conhecer a associação entre caracteres é que, se a seleção em um deles apresentar dificuldades, em razão da baixa herdabilidade, e, ou, tenha problemas de medição, então a seleção indireta pode ser utilizada para obter ganhos para ambos. A correlação que pode ser mensurada a partir de medidas de dois caracteres é a fenotípica. Essa correlação tem causas genéticas e ambientais, porém só as genéticas envolvem uma associação de natureza herdável, podendo, portanto, ser usada na orientação de programas de melhoramento. (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O conhecimento da associação entre os principais componentes morfoagronômicos de produtividade é de grande importância nos programas de melhoramento de feijão-caupi, visando o aumento da produtividade de grãos e a seleção simultânea de caracteres. Existe um consenso quanto ao fato de que vários componentes, como número de grãos por vagem, comprimento de vagem e peso de cem grãos, estão fortemente relacionados com a produtividade de grãos. Outro importante componente da produção de feijão-caupi é o número de vagens por planta, sendo considerado um dos componentes mais determinantes na produtividade. Também tem-se encontrado alta correlação genética positiva do valor de cultivo com a produtividade (LOPES et al., 2001; ROCHA et al., 2003; SILVA et al., 2014).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material Genético

O material genético foi constituído de quatro genótipos de feijão-caupi utilizados como genitores, compreendendo uma cultivar e três linhagens procedentes do programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte. Os genótipos incluíram a cultivar BRS Xiquexique e as linhagens elite MNC05-828C-1-9-1, MNC04-792F-146 e MNC01-631F-15 (Tabela 3).

Tabela 3 – Relação de genótipos, origem e subclasse comercial, utilizados como genitores em dois cruzamentos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2018.

Cultivar/Linhagem	Origem	Subclasse Comercial
MNC05-828C-1-9-1	MNC00-553D-8-1-2-3 x MNC01-626F-11-1	Branco rugoso
BRS Xiquexique	TE87-108-6G x TE87-98-8G	Branco liso
MNC04-792F-146	MNC00-553D-8-1-2-3 x TVx5058-09C	Mulato
MNC01-631F-15	CNCx 409-11F-P2-195 x TE97-341-1E-1-1	Mulato

Os genitores apresentam contrastes para alguns caracteres. As linhagens MNC05-828C-1-9-1 e MNC04-792F-146 são divergentes para o tamanho do grão, o comprimento da vagem, o número de grãos por vagem, o número de dias para o início da floração e número de dias para a maturação, além de teor de zinco no grão (Tabela 4). A cultivar BRS Xiquexique e a linhagem MNC01-631F-15 divergem para o tamanho de grãos e o teor de zinco no grão.

Tabela 4 – Algumas características morfológicas, fenológicas e nutricionais dos genitores utilizados em dois cruzamentos de feijão-caupi: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), número de grãos por vagem (NGV), tipo de porte da planta (TP), peso de 100 grãos (P100G), tamanho de vagem e teor de zinco no grão (TZ). Teresina, PI, 2018.

Cultivar/Linhagem	NDIF (dias)	NDM (dias)	NGV	TP	P100G (g)	Tamanho de vagem	TZ (mg/ kg)
MNC05-828C-1-9-1	36	54	6	Ereto	26	Pequena	67,23
BRS Xiquexique	42	59	14	Semi- prostrado	15	Grande	61,85
MNC04-792F-146	43	61	12	Semi- ereto	16	Grande	48,83
MNC01-631F-15	44	62	13	Semi- prostrado	20	Grande	48,77

3.2 Metodologia Experimental

3.2.1 Obtenção de populações segregantes

Para a obtenção de populações segregantes, os quatro genótipos de feijão-caupi foram inicialmente plantados em ambiente de telado na Embrapa Meio-Norte, município de Teresina, PI, localizado em latitude de 05° 05' S, longitude de 42° 48' W Gr e em 72 m de altitude. Os seguintes cruzamentos biparentais foram realizados: O cruzamento 1 compreendeu os genótipos BRS Xiquexique (P_1) e MNC01-631F-15 (P_2). O cruzamento 2 foi realizado entre as linhagens MNC05-828C-1-9-1 (P_1) e MNC04-792F-146 (P_2). Cada genótipo foi disposto em 2 fileiras, com espaçamento de 1,0 m entre fileiras e 0,25 m entre covas, totalizando 20 plantas por parental (Figura 1). O parental precoce MNC05-828C-1-9-1 foi semeado 10 dias após o plantio dos outros parentais, a fim de coincidir o período de floração de todos. Após a obtenção da F_1 e seus recíprocos, as mesmas foram plantadas em fileiras no mesmo telado juntamente com os parentais para obtenção dos retrocruzamentos, totalizando oito genótipos em um segundo plantio. Assim, para cada cruzamento foram realizados cruzamentos recíprocos e retrocruzamentos (Tabela 5).



Figura 1 – Genótipos plantados em condições de telado para realização de cruzamentos. Teresina, PI, 2017.

Fonte: Dados da autora (2017).

Tabela 5 – Simbologia e significados das dez populações de feijão-caupi obtidas em cada cruzamento (Cruzamento 1: BRS Xiquexique (P_1) e MNC01-631F-15 (P_2); Cruzamento 2: MNC05-828C-1-9-1 (P_1) e MNC04-792F-146 (P_2)). Teresina, PI, 2015-2018.

Símbolo	Significado
P_1	Parental 1
P_2	Parental 2
$F_{1(12)}$	Geração F_1 proveniente do cruzamento $P_1 \times P_2$
$F_{1(21)}$	Geração F_1 proveniente do cruzamento $P_2 \times P_1$
$F_{2(12)}$	Geração F_2 proveniente da autofecundação de $F_{1(12)}$
$F_{2(21)}$	Geração F_2 proveniente da autofecundação de $F_{1(21)}$
$RC_{1(12)}$	Retrocruzamento proveniente do cruzamento $F_{1(12)} \times P_1$
$RC_{1(21)}$	Retrocruzamento proveniente do cruzamento $F_{1(21)} \times P_1$
$RC_{2(12)}$	Retrocruzamento proveniente do cruzamento $F_{1(12)} \times P_2$
$RC_{2(21)}$	Retrocruzamento proveniente do cruzamento $F_{1(21)} \times P_2$

As gerações F_1 , F_2 e os retrocruzamentos foram obtidos no mesmo telado em ciclos de cruzamentos executados entre os períodos de agosto de 2015 e setembro de 2018, conforme a necessidade de obtenção de grãos para cada população. No primeiro ciclo de cruzamento, os parentais foram plantados em agosto de 2015, obtendo-se apenas sementes F_1 . Os próximos ciclos foram feitos para obtenção de retrocruzamentos, demais sementes F_1 , e colheita de sementes F_2 , sendo instalados em fevereiro de 2016, agosto de 2016, junho de 2017, setembro de 2017, dezembro de 2017 e junho de 2018. Um limite mínimo de 30 sementes por cruzamento foi obtido, a fim de possibilitar seu plantio no seguinte experimento de campo. Para os cruzamentos biparentais 1 e 2, totalizou-se 16 cruzamentos artificiais, compreendendo as gerações e os retrocruzamentos, com seus respectivos recíprocos.

A técnica de cruzamento aplicada consistiu na coleta de pólen do parental no turno da manhã e na emasculação do botão floral do parental feminino, no período da tarde (FREIRE FILHO et al., 2014). A polinização foi realizada com alternância de dois turnos: na parte da tarde logo após a emasculação, utilizando o pólen de flores coletadas pela manhã do mesmo dia e guardadas na geladeira; e na parte da manhã logo após a coleta das flores do parental masculino (Figura 2).



Figura 2 – Sequência de etapas da realização de cruzamentos em condições de telado. Teresina, PI, 2015-2018. (A): Emasculação; (B): Flor emasculada; (C): Polinização; (D) Etiquetagem da flor polinizada; (E): Vagem obtida de flor polinizada por cruzamento artificial. Fonte: Dados da autora (2015).

O sistema de irrigação utilizado em condição de telado durante os cruzamentos foi do tipo gotejamento, com turno de rega de cinco dias e duração de duas horas. As pragas observadas, principalmente larva da mosca minadora (*Liriomyza sativae*, Blanchard) e pulgão (*Aphis gossypii* (Glover)), foram controladas pela aplicação manual de inseticida a base de Tiametoxam e Lambda-cialotrina. As ervas daninhas foram eliminadas por capinas manuais.

3.2.2 Experimentos em condições de campo

Dois experimentos foram executados em condições de campo: um com os materiais do cruzamento 1 e o outro com os do cruzamento 2. Ambos foram conduzidos na mesma área na Embrapa Meio-Norte, Teresina – PI, entre o período de 23 de outubro de 2018 e 20 de janeiro de 2019. Em cada experimento, utilizou-se o delineamento experimental de blocos completos casualizados, com dez tratamentos e três repetições para cada cruzamento. Os tratamentos consistiram nas populações P_1 , P_2 , $F_{1(12)}$, $F_{1(21)}$, $F_{2(12)}$, $F_{2(21)}$ e retrocruzamentos $RC_{1(12)}$, $RC_{1(21)}$, $RC_{2(12)}$, $RC_{2(21)}$.

A parcela experimental teve dimensões diferenciadas para os tratamentos em virtude da disponibilidade de sementes provenientes dos cruzamentos. Adotou-se

um espaçamento de 0,8 m entre fileiras e de 0,25 m entre covas dentro da fileira de 2,5 m, resultando em 10 covas por fileira (Figura 3). Para os parentais, cada um foi disposto em três fileiras, utilizando-se a do meio como área útil, cuja parcela teve dimensão de 2,4 x 2,5 m. As parcelas das populações $F_{1(12)}$, $F_{1(21)}$, $RC_{1(12)}$, $RC_{1(21)}$, $RC_{2(12)}$, $RC_{2(21)}$ foram constituídas de uma única fileira (0,8m x 2,5m). Para cada geração F_2 ($F_{2(12)}$ e $F_{2(21)}$), o tamanho da parcela foi maior (12m x 2,5m), abrangendo 15 fileiras e totalizando 150 plantas, de modo a se avaliar a variabilidade existente nesta população.



Figura 3 – Experimentos conduzidos em condições de campo. Teresina, PI, 2018. Fonte: Dados da autora (2018).

A área foi preparada com aração e subsequente gradagem, sem uso de adubação. Após o plantio, a área foi tratada com herbicida para o controle de plantas daninhas, utilizando-se o herbicida pós-emergente a base de S-Metolaclo, cuja dosagem foi de 1,25 l/ha.

A semeadura abrangeu até quatro sementes por cova, conforme disponibilidade de sementes, no dia 23 de outubro de 2018. O replantio para sementes que não germinaram ocorreu 7 dias após o plantio. O desbaste foi realizado 14 dias após o plantio e replantio, mantendo-se duas plantas por cova. Após 30 dias da instalação do experimento, em todas as parcelas, uma das plantas

de cada cova foi aleatoriamente selecionada e etiquetada para ser avaliada, totalizando 10 plantas por fileira. Em casos de perda da planta, a outra planta foi utilizada para substituir a perdida, conservando-se a mesma planta para avaliação de todos os caracteres.

No decorrer do experimento, as pragas foram controladas pela aplicação do tipo costal de inseticida a base de Imidacloprido e Beta-ciflutrina com dosagem de 800 ml/ha. Um total de três aplicações foram realizadas: nos dias 10 e 22 de novembro, e no dia 12 de dezembro de 2018. Dentre os insetos mais observados na área, destacam-se o pulgão (*Aphis gossypii* (Glover)), percevejos e lagartas.

Inicialmente, a irrigação foi feita por aspersão convencional, aplicando uma lâmina d'água média de 13 mm, com um período de duas horas de irrigação e turno de rega de cinco dias. No início do mês de dezembro começou o período de chuvas e a irrigação foi permanentemente interrompida. A precipitação durante o período experimental está apresentada na figura 4.



Figura 4 – Precipitação diária (mm) durante o período de condução do experimento, entre outubro de 2018 e janeiro de 2019.

Fonte: INMET (2019) (<http://www.inmet.gov.br/portal/>).

As capinas foram realizadas manualmente nos dias 8 e 14 de dezembro de 2018, conforme avanço das ervas daninhas no decorrer do experimento.

A colheita dos materiais foi realizada entre o início de dezembro e o dia 20 de janeiro de 2019, em decorrência da variabilidade de duração de ciclo reprodutivo existente nas plantas das gerações.

3.3 Caracteres avaliados

Os caracteres foram avaliados nas populações P_1 , P_2 , $F_{1(12)}$, $F_{1(21)}$, $F_{2(12)}$, $F_{2(21)}$, $RC_{1(12)}$, $RC_{1(21)}$, $RC_{2(12)}$, $RC_{2(21)}$, de cada experimento, obtendo-se dados de

plantas individuais. Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), comprimento da vagem (COMPV), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade por planta (PROD). Os caracteres peso da vagem (PV) e peso de grãos por vagem (PGV) foram avaliados a fim de se estimar o índice de grãos (IG) e o peso de 100 grãos (P100G).

O número de dias para o início da floração (NDIF) foi obtido pelo número de dias transcorrido do plantio ao aparecimento das primeiras flores em cada planta individual avaliada. Os caracteres COMPV, NVP, NGV e PGV foram avaliados a partir da média de 5 vagens selecionadas aleatoriamente de cada planta, com exceção de casos em que a produção da planta foi inferior a 5 vagens. Neste caso, obteve-se a média de todas as vagens.

O índice de grãos (IG) foi obtido a partir dos valores do peso da vagem (PV) e peso de grãos por vagem (PGV), pela expressão $(PGV/PV) \times 100$, constituindo-se a percentagem de grãos nas vagens. O peso de 100 grãos foi estimado por meio da fórmula $(PGV \times 100)/NGV$ e reflete o caráter tamanho do grão.

Os caracteres TP e VC foram avaliados por meio de escala de notas visuais (TP: 1 = porte ereto, 2 = porte semi-ereto, 3 = semiprostrado, 4 = Prostrado; VC: 1 = Planta sem características apropriadas ao cultivo comercial, 2 = Planta com poucas características apropriadas ao cultivo comercial, 3 = Planta com boa parte das características adequadas ao cultivo comercial, 4 = Planta com a maioria das características adequadas ao cultivo comercial e 5 = Planta com todas as características adequadas ao cultivo comercial), cujos dados foram transformados para $\sqrt{x + 0,5}$ para a realização das análises estatísticas.

3.4 Análises estatístico-genéticas

3.4.1 Análises de variância

Os dados obtidos pela avaliação das populações dos dois cruzamentos em experimento de campo foram submetidos a análises de variância com plantas individuais, considerando o efeito dos tratamentos como aleatório, e adotando-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + G_i + B_j + E_{ij} + P_{ijk} \quad (1)$$

Com:

$i = 1, 2, \dots, g$;

$j = 1, 2, \dots, r$;

$k = 1, 2, \dots, p$.

Onde:

Y_{ijk} : efeito da k-ésima planta, do i-ésimo genótipo, avaliada no j-ésimo bloco;

m : média geral;

G_i : efeito da i-ésimo genótipo;

B_j : efeito do j-ésimo bloco;

E_{ij} : efeito aleatório da variação entre parcelas;

P_{ijk} : efeito da variação entre plantas dentro da parcela.

Este modelo estatístico foi adaptado para um modelo desbalanceado, que considera o número de plantas por parcela como o número médio de plantas dentro de parcelas, já que a quantidade de plantas difere entre as populações avaliadas.

3.4.2 Agrupamento de médias

As médias das populações foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Por meio deste, testou-se também as hipóteses de contraste entre os genitores e a existência de efeito materno no controle genético dos caracteres.

A existência de efeito materno foi testada comparando-se as médias das populações: F_1 e seu recíproco, F_2 e seu recíproco, RC_1 e seu recíproco, RC_2 e seu recíproco, de cada cruzamento. Cada combinação híbrida de médias de duas populações quaisquer foi contrastada. Dessa forma, caso as médias de cruzamentos/retrocruzamentos e de seus recíprocos sejam estatisticamente iguais, o caráter é controlado somente por genes nucleares, caso contrário, o caráter é condicionado também por genes citoplasmáticos.

3.4.3 Estimativas de parâmetros genéticos

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos: coeficiente de variação genética entre populações (CVge), coeficiente de variação genética dentro de populações (CVgd), herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) entre e dentro de

populações, as relações entre os coeficientes de variação genética entre populações e de variação experimental (CVge/CV), variação genética dentro de populações e de variação experimental (CVgd/CV).

O coeficiente de variação genético (CVg) foi obtido de acordo com o modelo:

$$CVg (\%) = \frac{100 \sqrt{\sigma_g^2}}{m} \quad (2)$$

Onde, σ_g^2 = Variância genotípica e m = média geral do caráter.

A herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) foi estimada a partir da equação:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} 100 \quad (3)$$

Em que:

σ_g^2 : variância genotípica;

σ_f^2 : variância fenotípica.

O coeficiente de variação genético entre (CVge) foi obtido de acordo com o modelo:

$$CVge (\%) = \frac{100 \sqrt{\sigma_{ge}^2}}{m} \quad (4)$$

Onde, σ_{ge}^2 = Variância genotípica entre populações e m = média geral do caráter.

O coeficiente de variação genético dentro (CVgd) foi obtido de acordo com o modelo:

$$CVgd (\%) = \frac{100 \sqrt{\sigma_{gd}^2}}{m} \quad (5)$$

Onde, σ_{gd}^2 = Variância genotípica dentro de populações e m = média geral do caráter.

O CV foi obtido através da seguinte equação:

$$CV = \frac{\sqrt{\sigma}}{m} 100 \quad (6)$$

Em que:

σ : desvio padrão da média do caráter;

m : média geral do caráter.

Os parâmetros genéticos dentro de populações foram estimados considerando-se apenas as populações segregantes resultantes dos cruzamentos: geração F₂ e retrocruzamentos com seus respectivos recíprocos. A exclusão das

gerações F_1 's e dos parentais se dá pelo fato de, em teoria, não haver variabilidade genética dentro dessas populações, não entrando no escopo de seleção para o melhoramento dos caracteres estudados a partir dos cruzamentos realizados. Pela mesma razão, a variância ambiental dentro de populações foi obtida pela variância fenotípica dessas mesmas populações, em concordância com Ramalho et al. (2012b). Assim, a variância ambiental dentro de parcela foi considerada equivalente a esperança do quadrado médio de plantas dentro de parcela obtida pela análise de variância estimada apenas para as populações: Parentais 1 e 2, e gerações F_1 e F_1 recíproco.

3.4.4 Controle genético de caracteres

Os caracteres que apresentaram contraste entre os parentais de cada cruzamento foram submetidos ao estudo de controle genético, condição necessária para minimizar erros no estudo de herança (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os estudos de controle genético foram realizados através da análise de médias e variâncias baseadas em indivíduos das gerações obtidas em ambos os cruzamentos, conforme Mather e Jinks (1974) e Cruz, Regazzi e Carneiro (2012). As estimativas das ações gênicas envolvidas na herança do caráter foram obtidas a partir dos modelos: completo, considerando os componentes aditivos, dominantes e epistáticos; e do modelo aditivo-dominante, excluindo-se os componentes epistáticos. Esse método permite a estimação dos parâmetros genéticos, do grau médio de dominância, do ganho com a seleção e do número aproximado de genes que controlam o caráter.

A avaliação do ajustamento de cada modelo foi efetuada por meio do coeficiente de determinação (R^2) e pela correlação (r) entre os dados observados e estimados. Aplicou-se também o teste t para verificar se as estimativas obtidas para os componentes genéticos são diferentes de zero. Como as gerações geralmente não são obtidas com a mesma precisão, a estimação dos parâmetros é feito pelo método dos mínimos quadrados ponderados. As variâncias dos pais e da geração F_1 , por exemplo, são menores que as obtidas para as gerações segregantes, e, por isso, os dados devem ser ponderados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012a).

Dentro do estudo de herança de caracteres, as variâncias foram estimadas a partir das seguintes fórmulas:

$$\sigma_F^2 = \sigma_{F2}^2 \quad (7)$$

$$\sigma_e^2 = \frac{2\sigma_{F1}^2 + \sigma_{P1}^2 + \sigma_{P2}^2}{4} \quad (8)$$

$$\sigma_g^2 = \sigma_F^2 - \sigma_e^2 \quad (9)$$

$$\sigma_a^2 = 2\sigma_{F2}^2 - (\sigma_{RC1}^2 + \sigma_{RC2}^2) \quad (10)$$

$$\sigma_d^2 = \sigma_g^2 - \sigma_a^2 \quad (11)$$

Em que:

σ_F^2 : variância fenotípica;

σ_{F2}^2 : variância na população F₂;

σ_e^2 : variância ambiental;

σ_{F1}^2 : variância na população F₁;

σ_{P1}^2 : variância na população do parental 1;

σ_{P2}^2 : variância na população do parental 2;

σ_g^2 : variância genotípica;

σ_a^2 : variância aditiva;

σ_{RC1}^2 : variância na população do retrocruzamento 1;

σ_{RC2}^2 : variância na população do retrocruzamento 2;

σ_d^2 : variância decorrente de dominância.

O grau médio de dominância (Gmd) foi mensurado da seguinte maneira:

$$Gmd = \frac{2\bar{F}1 - (\bar{P}1 + \bar{P}2)}{(\bar{P}1 - \bar{P}2)} \quad (12)$$

Em que:

\bar{F} : média da geração F₁;

\bar{P}_1 : média do parental 1;

\bar{P}_2 : média do parental 2.

O número de genes controlando o caráter (*n*) foi estimado a partir da expressão:

$$n = \frac{R^2}{8\sigma_a^2} \quad (13)$$

Em que:

R: amplitude fenotípica total na população F₂;

σ_a^2 : variância aditiva.

Estimou-se a herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) conforme a equação (3), e a herdabilidade no sentido restrito (h_r^2) a partir da equação:

$$h_r^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2} 100 \quad (14)$$

Em que:

σ_a^2 : variância genotípica aditiva;

σ_f^2 : variância fenotípica.

o ganho esperado (ΔG) na geração F_3 com a seleção na população F_2 foi estimado por meio do seguinte modelo:

$$\Delta G = h_r^2 \cdot ds \quad (15)$$

Em que:

h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito;

ds: diferencial de seleção, obtido pela diferença entre a média da população original de F_2 e a média da população selecionada.

As análises estatísticas de variância, agrupamento de médias, estimativas de parâmetros e controle genético dos caracteres foram realizadas por meio do programa computacional GENES (CRUZ, 2013).

3.4.5 Correlação genética entre caracteres

As correlações genotípicas entre os caracteres agronômicos foram estimadas através do programa Selegen (RESENDE, 2016), onde as variâncias e covariâncias foram obtidas usando o procedimento de modelos lineares mistos via REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não-Viesado).

O modelo misto utilizado foi o seguinte:

$$Y = Xr + Zg + Wp + e \quad (16)$$

Em que:

Y: vetor de dados;

X, Z e W: matrizes de incidência para r, g e p, respectivamente.

r: vetor dos efeitos fixos de repetição somados à média geral;

g: vetor dos efeitos genotípicos aleatórios;

p: vetor dos efeitos de parcela;

e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

A obtenção da correlação genotípica foi realizada a partir das estimativas de variância e covariância, através da expressão:

$$r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gy}^2}} \quad (17)$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{gxy}$: estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y;

$\hat{\sigma}_{gx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gy}^2$: estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de variância

O resumo das análises de variância para os caracteres no cruzamento 1 (Tabela 6), apontou diferenças significativas ($P < 0,05$ e $P < 0,01$) entre as populações para o número de vagens por planta, o peso de 100 grãos, a produtividade de grãos, o tipo de porte de planta e o valor de cultivo. Isso evidencia a existência de variabilidade entre as populações avaliadas e a possibilidade de sucesso com a seleção para esses caracteres. Por outro lado, não houve significância para o índice de grãos, o comprimento de vagem, o número de grãos por vagem, o índice de floração e o número de dias para a maturação, indicando haver uma certa similaridade entre os genitores e as populações segregantes.

O resumo das análises de variância para os caracteres no cruzamento 2 (Tabela 6), mostrou diferenças significativas ($P < 0,05$ e $P < 0,01$) entre populações para todos os caracteres, exceto para o valor de cultivo. A existência de diferenças entre populações para um maior número de caracteres neste cruzamento, evidencia uma maior variabilidade, como resultado possivelmente de maior divergência entre os parentais. Essa condição é vantajosa para a realização da seleção e do melhoramento genético desses caracteres nas populações deste cruzamento em gerações mais avançadas de endogamia.

Em ambos os cruzamentos, a precisão experimental foi boa para a maioria dos caracteres, obtendo-se coeficientes de variação experimental abaixo de 10%. As exceções foram os caracteres número de vagens por planta e produtividade, que tiveram valores intermediários no cruzamento 2 (15,69 e 22,25% , respectivamente), com relativa precisão experimental, e valores altos no cruzamento 1 (31,05 e 46,63%, respectivamente), indicando baixa precisão.

Baixa precisão experimental é esperada para a produtividade de grãos. Segundo Ramalho et al. (2012b), esse caráter possui alta influência das condições ambientais, o que explicaria altos coeficientes de variação experimental. Por ser um componente de importante contribuição na produtividade, não é surpreendente que número de vagens por planta apresente resultado similar. Coeficientes de variação desses dois caracteres estão frequentemente entre os maiores valores encontrados em feijão-caupi (ALIYU; MAKINDE, 2016; PÚBLIO JÚNIOR et al., 2017; MATOS FILHO et al., 2009; SILVA et al., 2014).

Tabela 6 – Resumo das análises de variância para os caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte da planta (TP) e valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), peso de 100 grãos (P100G), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), produtividade de grãos (PROD), obtidos a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.

Cruzamento 1		Quadrado Médio									
FV	GL	NDIF (dia)	NDM (dia)	TP ⁺ (nota)	VC ⁺ (nota)	NVP (unid.)	IG (%)	P100G (g)	COMPV (cm)	NGV (unid.)	PROD (kg ha ⁻¹)
Blocos	2	136,41	133,27	0,066	0,277	44,96	10,63	31,16	0,001	1,64	1201344,55
Populações	9	52,32 ^{ns}	46,92 ^{ns}	0,273 ⁺	0,682 ^{**}	289,1 ^{**}	25,67 ^{ns}	71,75 ^{**}	0,0012 ^{ns}	9,66 ^{ns}	4768899,71 ^{**}
Entre parcela	8	55,42	28,19	0,086	0,083	46,76	39,94	10,38	0,0006	5,23	1061586,22
Dentro de parcela	982 994 ⁽¹⁾ 567 ⁽²⁾ 1047 ⁽³⁾	25,22	14,34	0,065	0,069	18,37	20,27	7,98	0,0003	5,34	195072,13
CV(%)		6,08	4,19	5,61	5,82	31,05	2,96	7,08	4,9	6,01	46,63
Cruzamento 2		Quadrado Médio									
FV	GL	NDIF (dia)	NDM (dia)	TP ⁺ (nota)	VC ⁺ (nota)	NVP (unid.)	IG (%)	P100G (g)	COMPV (cm)	NGV (unid.)	PROD (kg ha ⁻¹)
Blocos	2	228,71	157,29	0,042	0,20	23,26	89,27	70,41	0,0004	0,98	26596,27
Populações	9	388,09 ^{**}	133,36 ^{**}	1,836 ^{**}	0,24 ^{ns}	61,83 ^{**}	312,69 ⁺	158,96 ^{**}	0,0092 ^{**}	88,42 ^{**}	558001,06 [*]
Entre parcela	8	42,61	28,32	0,029	0,11	15,74	96,68	19,78	0,0003	6,31	182978,27
Dentro de parcela	982 994 ⁽¹⁾ 567 ⁽²⁾ 1047 ⁽³⁾	24,76	15,90	0,084	0,09	24,52	42,27	19,71	0,0004	6,41	150433,37
CV(%)		4,72	4,21	3,51	6,72	15,69	4,74	7,66	3,74	9,73	22,25

^{ns} Não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F;

⁽¹⁾GL para o caráter número de dias para o início da floração (NDIF);

⁽²⁾GL para o caráter número de dias para início da maturação (NDM);

⁽³⁾GL para os caracteres tipo de porte (TP) e valor de cultivo (VC);

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

4.2 Contraste entre médias

O contraste entre as médias foi realizado por meio do teste de Skott-Knott ($p < 0,05$). A comparação entre médias é importante para detectar diferenças significativas entre os parentais e entre os cruzamentos/retrocruzamentos e seus recíprocos. A estimativa de divergência de desempenho entre os pais permite que se realize a análise de controle genético do caráter com maior precisão (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Já o contraste entre médias de cruzamentos e seus recíprocos é um indicativo de presença de efeito materno na expressão do caráter, comprovando que o fenótipo do descendente é dependente do genótipo materno (POSSOBOM et al., 2015).

O efeito materno é um caso especial de herança controlada por genes nucleares do genitor feminino, porém que são responsáveis por certas condições do citoplasma do óvulo. Tais condições determinam a expressão fenotípica do caráter na descendência, independente dos genes paternos. Como consequência para o melhoramento, a seleção na geração F_2 é ineficaz, devendo ser realizada na geração F_3 , onde há a expressão da variabilidade genética de F_2 (Ramalho et al., 2012b).

O agrupamento de médias das populações para todos os caracteres avaliados no cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) estão apresentadas na Tabela 7. Não houveram diferenças significativas entre as médias das populações avaliadas para os caracteres número de dias para o início da floração e número de dias para a maturação, índice de grãos, comprimento de vagens e número de grãos por vagem, pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$), confirmando os resultados obtidos pelo teste F na análise de variância.

As médias do número de dias para o início da floração (42,12) e do número de dias para a maturação (57,9) foram inferiores às encontradas por Correa et al. (2015), de 49,91 e 76,47, respectivamente, por Aliyu e Makinde (2016), de 53,9 e 69,6, e por Silva et al. (2014) de 44,6 dias para a floração, o que torna estas populações promissoras para a obtenção de linhagens precoces. Cultivares de feijão-caupi que possuem ciclo de maturação precoce, tem médias maiores que a da população deste trabalho: 60-65 dias. Exemplos são a BRS Acauã, BRS Novaera, BRS Tumucumaque e BRS Itaim (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017).

A média geral do índice de grãos foi de 77,17%, similar à média encontrada por Públio Júnior et al. (2017), de 78% para linhagens e cultivares de feijão-caupi. Um alto valor desse caráter é importante por implicar em uma eficiência da produção de vagens, pois a massa dessas é atribuída em maioria aos grãos.

O número médio de grãos por vagens (14,2) foi inferior à média relatada por Aliyu e Makinde (2016), mas superior as obtidas por Correa et al. (2015), Pethe et al. (2017), Lachyan, Desai e Dalvi (2016), Silva et al. (2014) e Públio Júnior et al. (2017). A média de comprimento de vagem (19 cm) superou as médias reportadas nos mesmos trabalhos citados. Maiores valores desses dois caracteres podem ser preferidos para um aumento na produtividade e para uma eficácia da colheita manual em feijão-caupi (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017).

Para o número de vagens por planta, a média geral das populações avaliadas foi de 9,86, superior a reportada por Públio Júnior et al. (2017) e inferior a encontrada em outros trabalhos na literatura (ALIYU; MAKINDE, 2016; CORREA et al., 2015; LACHYAN; DESAI; DALVI, 2016; PETHE et al., 2017; SILVA et al., 2014). No entanto, é importante ressaltar que esse desempenho varia também com as condições ambientais em que estão sendo avaliados, tal como o sistema de manejo utilizado. Não houve contraste entre os parentais, impossibilitando a realização de estudo de controle genético do caráter. As médias não diferiram entre si, exceto para a geração F_1 , que foi superior às demais médias, inclusive a de seu recíproco. O mesmo resultado foi obtido para a produtividade, indicando que o número de grãos por vagem é um componente importante da produtividade.

O peso de 100 grãos (P100G) apresentou média geral de 17,33 g, superior ao valor obtido por Lachyan, Desai e Dalvi (2016) e inferior a outros trabalhos (ALIYU; MAKINDE, 2016; CORREA et al., 2015; PÚBLIO JÚNIOR et al., 2017; SILVA et al., 2014). Observou-se diferenças significativas ($p < 0,5$) entre médias dos r genitores, havendo diferenças entre as outras populações e permitindo a execução do estudo de herança do caráter. A ausência de diferenças entre as médias das gerações F_1 e recíproco ($F_{1(12)} \times F_{1(21)}$), geração F_2 e recíproco ($F_{2(12)} \times F_{2(21)}$), retrocruzamento 1 e recíproco ($RC_{1(12)} \times RC_{1(21)}$) e retrocruzamento 2 e recíproco ($RC_{2(12)} \times RC_{2(21)}$), indica a não existência de efeito materno controlando o tamanho do grão neste cruzamento.

O tamanho de grão é grande importância em feijão-caupi, tanto para o mercado interno quanto para o externo. Ao longo do processo seletivo, deve-se

selecionar genótipos que atendam às necessidades do mercado, visando à obtenção de um novo cultivar (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017).

A produtividade apresentou média de 1.079,88 kg ha⁻¹. Para gerações segregantes é um valor satisfatório e promissor para o melhoramento em feijão-caupi. Apenas uma das gerações F₁ diferiu de todas as demais populações, apresentando superioridade. Os genitores, portanto, apresentaram comportamento médio similar.

Os tipos de portes da planta médios observados nas populações foram principalmente prostrado e semi-prostrado, com média geral (1,9), superior à encontrada por Oliveira et al. (2017), em populações segregantes (1,65). Esses tipos de porte são mais propícios para o sistema de agricultura familiar em feijão-caupi (FREIRE FILHO et al., 2011), e podem variar conforme as condições ambientais.

O genitor BRS Xiquexique, juntamente com as gerações F₁ mostraram portes médios de planta próximo ao prostrado, enquanto o parental MNC01-631F-15 e as demais populações tiveram portes principalmente semi-prostrados. Embora o agrupamento de médias sugira um contraste entre os genitores, a realização do estudo de herança do caráter é inadequado, pois para isso os mesmos devem apresentar classes fenotípicas extremas (Prostrado x Ereto).

Apesar de a cultivar BRS Xiquexique ser predominantemente semi-prostrada (FREIRE FILHO et al., 2008), as condições ambientais de alta precipitação ocorridas no período do experimento podem ter contribuído para o surgimento de plantas prostradas na parcela deste genitor, induzindo a um aumento de sua média. Segundo Guerra et al. (2017), condições chuvosas podem resultar em um aumento no crescimento das plantas, modificando sua arquitetura e tornando-as mais susceptíveis ao acamamento.

Para o valor de cultivo, quanto maior o valor da média, maior o número de características adequadas ao cultivo comercial. Dessa forma, percebe-se um vigor híbrido para a geração F₁. Os genitores não diferiram para esse caráter, apresentando boas condições para o cultivo, assim como o recíproco da geração F₁ e o retrocruzamento 1 (RC₁₍₁₂₎). A geração F₂, seu recíproco, e os demais retrocruzamentos apresentaram menores valores de cultivo. A média geral foi equivalente à obtida por Oliveira et al. (2017), que encontrou valor de 1,84.

Tabela 7 – Média dos caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), peso de 100 grãos (P100G), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV) e produtividade (PROD), obtidas a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15). Teresina, PI, 2018.

População	NDIF (dia)	NDM (dia)	TP ⁺ (nota)	VC ⁺ (nota)	NVP (unid.)	IG (%)	P100G (g)	COM PV (cm)	NGV (unid.)	PROD (kg ha ⁻¹)
P ₁	41,90 a	58,63 a	1,97 a	1,92 b	8,6 b	77,31 a	14,72 b	18 a	13,90 a	806,93 b
P ₂	44,16 a	62,10 a	1,77 b	1,84 b	6,3 b	75,56 a	19,92 a	19 a	12,89 a	779,10 b
F ₁₍₁₂₎	40,61 a	56,86 a	2,03 a	2,14 a	18,66 a	76,57 a	19,05 a	21 a	14,58 a	2235,70 a
F ₁₍₂₁₎	43,30 a	56,43 a	2,04 a	1,97 b	9,26 b	77,70 a	18,64 a	20 a	14,90 a	1156,38 b
F ₂₍₁₂₎	44,10 a	57,53 a	1,81 b	1,69 c	7,31 b	77,02 a	16,74 b	19 a	13,93 a	769,37 b
F ₂₍₂₁₎	41,53 a	55,92 a	1,77 b	1,71 c	8,05 b	77,18 a	15,85 b	18 a	13,31 a	731,93 b
RC ₁₍₁₂₎ (F ₁₍₁₂₎ x P ₁)	40,84 a	58,94 a	1,97 b	1,89 b	12,49 b	76,97 a	16,68 b	19 a	14,82 a	1347,42 b
RC ₁₍₂₁₎ (F ₁₍₂₁₎ x P ₁)	40,16 a	57,05 a	1,88 b	1,61 c	9,33 b	79,65 a	15,96 b	19 a	14,56 a	946,53 b
RC ₂₍₁₂₎ (F ₁₍₁₂₎ x P ₂)	42,50 a	57,69 a	1,86 b	1,71 c	8,76 b	76,59 a	18,45 a	19 a	14,22 a	945,61 b
RC ₂₍₂₁₎ (F ₁₍₂₁₎ x P ₂)	43,32 a	59,14 a	1,82 b	1,67 c	7,99 b	76,62 a	17,55 a	19 a	13,80 a	868,72 b
Média geral	42,12	57,90	1,9	1,83	9,86	77,17	17,33	19	14,12	1079,88

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

Médias seguidas pela mesma letra, na coluna, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott (P<0,05).

No cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146), houve maior divergência entre os parentais para os caracteres estudados (Tabela 8), corroborando com a maior variabilidade obtida entre populações obtida pela análise de variância.

Os genitores não diferiram entre si para o número médio de vagens por planta. No entanto, a maioria das gerações foram superiores aos parentais, o que permite a seleção de variantes superiores nessas populações para o caráter. A média geral foi de 9,04 vagens, similar a encontrada no cruzamento 1.

O índice de grãos (%) foi similar entre todas as populações, com exceção da geração F_1 e seu recíproco, cujos valores foram um pouco inferiores. O desempenho médio foi de 70,9%, inferior ao do cruzamento 1 e à média encontrada por Públio Júnior et al. (2017). Ainda assim, essa magnitude indica que, no geral, a massa da vagem é predominantemente atribuída aos grãos.

O peso de 100 grãos apresentou diferenças ($p < 0,05$) e entre os genitores, possibilitando o estudo de herança genética do caráter. O genitor MNC05-828C-1-9-1 mostrou comportamento superior às demais populações. As médias das gerações e seus recíprocos foram em maioria agrupadas no mesmo grupo de médias ($F_{1(12)}$ e $F_{1(21)}$; $F_{2(12)}$ e $F_{2(21)}$; $RC_{1(12)}$ e $RC_{1(21)}$), evidenciando uma ausência de efeito materno. Owusu et al. (2018) também identificou ausência de efeito materno para o tamanho do grão na descendência de um cruzamento de feijão-caupi.

O tamanho médio do grão foi superior ao encontrado no cruzamento 1, com peso médio de 100 grãos de 20,86 g, indicando uma alta contribuição do genitor MNC05-828C-1-9-1, que apresenta tamanho de grão grande. A média geral de todas as populações para o comprimento da vagem e o número de grãos por vagem foram de 17 cm e 9,17, respectivamente, sendo inferiores às encontradas no cruzamento 1 (19 cm e 14,4).

Os genitores também foram divergentes para o comprimento da vagem. As gerações F_1 apresentaram vigor híbrido, assim como as gerações do retrocruzamento 2. Não houve diferenças entre as médias das gerações F_1 e recíproco ($F_{1(12)} \times F_{1(21)}$), geração F_2 e recíproco ($F_{2(12)} \times F_{2(21)}$), retrocruzamento 1 e recíproco ($RC_{1(12)} \times RC_{1(21)}$) e retrocruzamento 2 e recíproco ($RC_{2(12)} \times RC_{2(21)}$), indicando ausência de efeito citoplasmático no controle do comprimento da vagem. Pelo contrário, a mudança de genitor masculino, ao invés de feminino, resultou em descendentes significativamente diferentes, como é observado ao se comparar os

retrocruzamentos 1 e 2. O mesmo padrão de resultados foi encontrado para o número de grãos por vagem, diferindo apenas na ausência de vigor híbrido nas gerações F_1 , que foram intermediárias aos genitores.

Embora os genitores não tenham divergido para a produtividade, observou-se diferenças significativas ($p < 0,05$) entre médias das populações. Vigor híbrido foi obtido para uma geração F_1 e uma geração de retrocruzamento 2. Segregantes mais produtivas nesta última geração, que contribuíram para a elevação da média, são promissoras para a seleção de progênies superiores em gerações avançadas de endogamia. A média geral do caráter foi de $712,36 \text{ kg ha}^{-1}$, muito inferior a obtida no cruzamento 1. A presença de uma cultivar (BRS Xiquexique) no cruzamento 1 pode ter contribuído para uma maior concentração de alelos favoráveis para a produtividade e seus componentes em suas populações descendentes do que nas do cruzamento 2.

O número de dias para o início da floração apresentou diferenças ($p < 0,05$) entre os genitores, permitindo o estudo do controle genético desse caráter com maior precisão. O genitor MNC05-828C-1-9-1 foi mais precoce que o outro genitor, sendo as demais populações tardias, não diferindo significativamente entre elas. Como resultado, a média geral foi de ciclo mais tardio, com valor de 43,73, similar a encontrada no cruzamento 1. Nenhum cruzamento/retrocruzamento diferiu do seu recíproco, o que evidencia a ausência de efeito gênico citoplasmático no controle do caráter. Manggoel e Uguru (2012) identificaram efeito materno para o número de dias para o início da floração em populações segregantes obtidas de cruzamentos de feijão-caupi, enquanto Owusu et al. (2018) encontraram resultados similares aos encontrados no presente trabalho, ou seja, ausência de efeito materno controlando o número de dias para a floração.

O número de dias para a maturação também foi contrastante entre os genitores, com média geral pouco superior a do cruzamento 1. O parental MNC05-828C-1-9-1, as gerações F_2 e um dos retrocruzamentos tiveram médias de maturação precoce. A precocidade de maturação é um dos objetivos do programa de melhoramento de feijão-caupi da Emprapa Meio-Norte (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017). Essas populações podem, portanto, ser exploradas para esta finalidade.

Diferenças entre um cruzamento/retrocruzamento e seu recíproco foi observada apenas para o retrocruzamento 1 ($RC_{1(12)} \times RC_{1(21)}$), que pode estar

relacionada a efeitos aleatórios do ambiente ou de amostra genética. A similaridade entre os demais cruzamentos e recíprocos, por maioria, permite dizer que o efeito citoplasmático não é evidente para este caráter, corroborando com o resultado de Owusu et al. (2018) para o número de dias para a maturação.

Maior variabilidade entre populações foi encontrada para o tipo de porte neste cruzamento. Os parentais MNC05-828C-1-9-1 e MNC04-792F-146 tiveram portes ereto e semi-ereto, respectivamente. A média geral superou a média obtida pelas populações de feijão-caupi avaliadas por Oliveira et al. (2017). As maiores médias para as gerações F_1 indicam presença de heterose, tornando esta geração de porte prostrado. A diferença obtida entre os parentais não é suficiente para se prosseguir com o estudo de controle genético do caráter, pois não reflete o contraste entre classes fenotípicas extremas.

A presença de todos os tipos de portes nas populações torna-as promissoras para a seleção de plantas com arquitetura adaptada para o cultivo mecanizado, eretas e semi-eretas, ou com arquitetura vantajosa para a agricultura familiar, semi-prostradas (FREIRE FILHO, 2011).

Todas as populações tiveram mesmo desempenho médio para o valor de cultivo, como demonstrado pelo teste F. As médias correspondem aproximadamente a nota fenotípica 3. Assim, a maioria das características das plantas, em média, foram satisfatórias para o cultivo, equiparando-se ao resultado médio obtido por Oliveira et al. (2017).

Em ambos os cruzamentos, a evidência de que não há efeito materno nos caracteres estudados com parentais contrastantes indica que a seleção deve ser realizada na geração F_2 . Isso é vantajoso por acelerar a seleção durante a condução das populações segregantes no programa de melhoramento.

Tabela 8 – Média dos caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), peso de 100 grãos (P100G), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV) e produtividade (PROD), obtidas a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.

Populações	NDIF (dia)	NDM (dia)	TP ⁺ (nota)	VC ⁺ (nota)	NVP (unid.)	IG (%)	P100G (g)	COMPV (cm)	NGV (unid.)	PROD (kg ha ⁻¹)
P ₁	36,86 b	54,4 b	1,22 e	1,80 a	7,06 b	74,10 a	25,77 a	13 c	5,73 c	487,83 b
P ₂	43,86 a	61,59 a	1,64 c	1,75 a	6,93 b	69,84 a	15,72 d	18 a	12,20 a	591,68 b
F ₁₍₁₂₎	46,67 a	62,00 a	2,10 a	1,94 a	10,52 a	62,68 b	20,87 b	19 a	9,37 b	946,83 a
F ₁₍₂₁₎	47,19 a	63,55 a	2,03 a	1,87 a	8,74 b	66,92 b	20,79 b	18 a	8,44 b	741,44 b
F ₂₍₁₂₎	43,89 a	56,54 b	1,67 c	1,67 a	9,21 a	72,84 a	20,29 b	16 b	8,88 b	691,26 b
F ₂₍₂₁₎	42,84 a	55,24 b	1,68 c	1,74 a	8,43 b	72,34 a	20,14 b	16 b	8,91 b	636,75 b
RC ₁₍₁₂₎ (F ₁₍₁₂₎ x P ₁)	45,30 a	59,41 a	1,49 d	1,75 a	10,78 a	72,19 a	21,94 b	16 b	7,75 b	755,09 b
RC ₁₍₂₁₎ (F ₁₍₂₁₎ x P ₁)	43,34 a	57,57 b	1,43 d	1,66 a	10,65 a	73,14 a	19,92 b	15 b	8,24 b	647,50 b
RC ₂₍₁₂₎ (F ₁₍₁₂₎ x P ₂)	44,37 a	60,16 a	1,84 b	1,93 a	10,75 a	73,45 a	19,64 b	18 a	11,25 a	971,38 a
RC ₂₍₂₁₎ (F ₁₍₂₁₎ x P ₂)	43,07 a	60,61 a	1,79 b	1,85 a	7,32 b	71,46 a	18,46 c	19 a	10,98 a	653,88 b
Média geral	43,73	59,1	1,82	1,8	9,04	70,9	20,86	17	9,17	712,36

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

Médias seguidas pela mesma letra, na coluna, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott (P<0,05).

4.3 Estimativas de parâmetros genéticos

Para o cruzamento 1, os maiores CVgs entre populações foram os obtidos pelos caracteres número de vagens por planta (32,95%) e produtividade (37,23%) (Tabela 9), indicando que estes são os caracteres com maior variabilidade entre famílias e evidenciando a possibilidade de ganhos com a seleção de populações. A variação genética dentro das populações segregantes foram também maiores para esses caracteres, com CVgs de 27,54% e 22,58%, respectivamente, apresentando, portanto, escopo satisfatório para a seleção entre plantas da mesma geração.

Maiores coeficientes de variação genética para esses caracteres, em relação aos demais caracteres agronômicos, são comuns na literatura, onde tem se observado menores valores que os obtidos entre populações e grandezas similares às obtidas dentro de populações neste trabalho. Correa et al. (2012) reportam um valor de 31,49% para a produtividade, enquanto Oliveira et al. (2017) obtiveram 10,91%. Matos Filho et al. (2009) apontam magnitudes de 20,14 e 26,35% para o número de vagens por planta e a produtividade, respectivamente. Para os mesmos caracteres, Andrade et al. (2010) relatam valores de 30,16 e 31,62% e Silva et al. (2014), valores de 27,71 e 14,44%, respectivamente.

Relativa variabilidade genética entre famílias foi encontrada para o valor de cultivo, cuja estimativa foi de 8,99%, superior ao reportado por Oliveira et al. (2017) e inferior ao obtido por Andrade et al. (2010). As magnitudes encontradas para o comprimento de vagem, o número de grãos por vagem, o número de dias para a maturação e o tipo de porte, foram inferiores a 5%, mostrando uma baixa herdabilidade entre populações para esses caracteres. Por outro lado, variabilidade dentro de famílias foi apontada para os mesmos caracteres, permitindo a obtenção de possíveis ganhos com a seleção entre plantas.

A variabilidade entre populações encontrada para o comprimento de vagem e o número de grãos por vagem foi inferior à reportada por outros estudos (ANDRADE et al., 2010; CORREA et al., 2012; MATOS FILHO et al., 2009; OLIVEIRA et al., 2017; ROCHA et al., 2003; SILVA et al., 2014), cuja amplitude de coeficientes de variação genética estão mais próximos dos valores obtidos dentro de famílias no presente trabalho. A magnitude encontrada para o número de dias para maturação foi superior à obtida por Oliveira et al. (2017) e inferior a relatada por Correa et al.

(2012). Para o tipo de porte, proporções superiores foram obtidas por Andrade et al. (2010) e Oliveira et al. (2017).

Os caracteres índice de grãos e número de dias para o início da floração não obtiveram variância entre populações suficiente para estimar os parâmetros, corroborando com o teste de significância da hipótese da nulidade de diferenças entre genótipos na análise de variância. Por outro lado, variância genética foi encontrada entre plantas dentro de famílias. Houve baixo indicativo de variabilidade para o índice de grãos ($CV_{gd} = 4,35\%$), estando dentro dos limites de valores encontrados por outros trabalhos (ANDRADE et al., 2010; OLIVEIRA et al., 2017). Relativa variabilidade foi obtida para o número de dias para o início da floração ($CV_{gd} = 10,71\%$), sendo superior as exibidas por Matos Filho et al. (2009), Andrade et al. (2010) e Correa et al. (2012), demonstrando o potencial para a seleção e o melhoramento dentro de famílias.

No cruzamento 1, a maioria dos caracteres teve um quociente abaixo de 1 entre populações, indicando que as condições ambientais foram expressivas nos fenótipos entre famílias. Por outro lado, dentro de famílias, a maioria dos caracteres alcançaram razões acima da unidade. Os resultados indicam o potencial para a seleção entre populações dos caracteres número de vagens por planta e valor de cultivo, e, dentro de populações, dos caracteres índice de grãos, comprimento da vagem, número de grãos por vagem, produtividade, número de dias para o início da floração, número de dias para a maturação e tipo de porte.

Silva et al. (2014) encontraram razões acima da unidade para todos os caracteres agrônômicos estudados em seu trabalho, enquanto Matos Filho et al. (2009) obtiveram o mesmo resultado apenas para o número de vagens por planta e Correa et al. (2012) apenas para o número de dias para a maturação.

Os coeficientes de herdabilidade tiveram magnitudes baixas, intermediárias e altas entre os caracteres estudados. As maiores proporções foram encontradas para os caracteres valor de cultivo (87,74%) e número de vagens por plantas (83,82%) entre populações, e para o tipo de porte (80,09%) dentro de populações, demonstrando que a maior parte do fenótipo foi atribuída a causas genéticas. Satisfatória magnitude também foi encontrada para o início da floração dentro de famílias (77,41%), indicando maior influência genética na determinação do caráter. Herdabilidades baixas a intermediárias foram obtidas para o índice de grãos, o

comprimento de vagens e o número de grãos por vagem, gerando dificuldades para o melhoramento com a seleção desses caracteres nessas populações.

As herdabilidades dos caracteres número de vagens por planta e produtividade tiveram amplitudes altas entre populações (83,82 e 77,74%, respectivamente) e baixas dentro de populações (39,50 e 31,63%), em decorrência da maior variabilidade observada entre famílias do que dentro delas e da maior variância ambiental obtida dentro de famílias. O mesmo resultado foi obtido para o valor de cultivo (87,74 entre e 57,27% dentro), que embora tenha tido variabilidade superior dentro de populações, teve maior variação ambiental entre plantas.

Por outro lado, maiores coeficientes de herdabilidade foram encontrados dentro de famílias para os caracteres número de dias para maturação e tipo de porte (70,1 e 80,09%, respectivamente), em relação aos coeficientes obtidos a partir das médias das populações (39,92 e 68,48%, respectivamente). Esses resultados sugerem que a seleção simultânea dentro e entre as populações do cruzamento pode ser vantajosa para o melhoramento desses caracteres.

A produção de grãos normalmente apresenta herdabilidades inferiores a 30% em decorrência da importância do ambiente na determinação desse caráter (RAMALHO et al., 2012b). Comparativamente, as proporções genóticas na influência da produtividade e seus componentes, neste trabalho, tiveram valores favoráveis. As magnitudes de herdabilidade encontradas para todos os caracteres estudados estão dentro dos limites observados na literatura para populações de cruzamentos de feijão-caupi (COSTA, 2013; MATOS FILHO et al., 2009; PATHAK; NAIK; JOSHI, 2017).

Tabela 9 – Variâncias (S^2) e estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidade no sentido amplo entre e dentro de populações, coeficiente de variação genética entre, coeficiente de variação genética dentro, relação entre coeficiente de variação genética entre populações e o coeficiente de variação experimental e a relação entre o coeficiente de variação genética dentro de populações e coeficiente de variação experimental) dos caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV) e produtividade (PROD), obtidas a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15). Teresina, PI, 2018.

Variância/Parâmetro	NDIF (dia)	NDM (dia)	TP ⁺ (nota)	VC ⁺ (nota)	NVP (unid.)	IG (%)	COMPV (cm)	NGV (unid.)	PROD (kg ha ⁻¹)
S^2 genética entre populações	-	1,26	0,0075	0,024	10,56	-	0,000026	0,19	161704,6
S^2 genética dentro de populações	20,37	11,01	0,056	0,041	7,37	11,27	0,000233	2,87	59471,87
S^2 fenotípica dentro de populações	26,31	15,70	0,070	0,072	18,67	20,22	0,000356	5,52	187986,79
S^2 ambiental dentro de populações	5,94	4,69	0,0139	0,031	11,29	8,94	0,000123	2,65	128514,92
CVge (%)	-	1,93	4,55	8,46	32,95	-	2,68	3,08	37,23
CVgd (%)	10,71	5,73	12,47	11,14	27,54	4,35	8,03	12,0	22,58
CV (%)	6,08	4,19	5,61	5,82	31,05	2,96	4,9	6,03	46,65
CVge/CV	-	0,46	0,81	1,45	1,06	-	0,54	0,51	0,79
CVgd/CV	1,76	1,36	2,22	1,91	0,88	1,47	1,63	1,99	0,48
h^2_a (%) entre populações	-	39,92	68,48	87,74	83,82	-	47,25	45,82	77,74
h^2_a (%) dentro de populações	77,41	70,1	80,09	57,27	39,50	55,76	65,44	51,99	31,63

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

No geral, entre os dois cruzamentos, o cruzamento 2 apresentou as maiores magnitudes de coeficiente de variação genética, que foram obtidos dentro de populações (Tabela 10). Isso se deve, possivelmente, a existência de maiores contrastes entre os genitores deste cruzamento.

Para o cruzamento 2, as magnitudes entre populações foram satisfatórios para o número de vagens por planta (15,5%), a produtividade (18,39%) e o tipo de porte (15,93%), evidenciando a existência de variabilidade suficiente para o melhoramento desses caracteres a partir dessas populações. Os valores do número de vagens por planta e a produtividade foram inferiores aos obtidos no cruzamento 1, que, portanto, possui maior variabilidade entre populações. Por outro lado, o tipo de porte no cruzamento 2 foi mais variável geneticamente. O índice de grãos e o valor de cultivo apresentaram coeficientes de variação genética inferiores a 5%, sugerindo uma baixa variabilidade genética entre as populações deste cruzamento.

Os coeficientes de variação genética dentro de populações foram todos superiores aos valores obtidos entre populações. Isso indica que a seleção dentro de famílias possui, portanto, maior possibilidade de sucesso do que entre famílias neste cruzamento. Os mesmos valores também foram superiores aos encontrados pelos mesmos caracteres no cruzamento 1, tanto entre quanto dentro de populações, indicando maior potencial para o melhoramento desses caracteres dentro das populações segregantes do cruzamento 2.

Os coeficientes de variação genética dentro de populações para o número de vagens por planta e a produtividade também foram superiores aos coeficientes encontrados na literatura (ANDRADE et al., 2010; CORREA et al., 2012; MATOS FILHO et al., 2009; OLIVEIRA et al., 2017; SILVA et al., 2014). A proporção obtida para o tipo de porte e o valor de cultivo foram inferiores às encontradas por Andrade et al. (2010) e superiores às obtidas por Oliveira et al. (2017). A variabilidade observada para o índice de grãos foi similar ao encontrado por Correa et al. (2012) e superior à reportada por Oliveira et al. (2017).

Entre populações, a razão CVg/CV foi inferior à unidade na maioria dos caracteres, enquanto dentro de populações, o quociente foi superior em todos os caracteres, resultados similares aos obtidos no cruzamento 1. Maior precisão da seleção é, portanto, esperada dentro de famílias. O caráter tipo de porte teve destaque na relação CVg/CV , cujo valor foi superior entre e dentro de populações e

a todos os valores obtidos no cruzamento 1, indicando grande potencial para o melhoramento nessas famílias.

Os caracteres estudados apresentaram herdabilidades no sentido amplo de magnitudes baixa, intermediária e alta. Os valores máximos encontrados, de 98,4% entre e 91,12% dentro de populações para o tipo de porte, foram superiores aos maiores valores alcançados no cruzamento 1, confirmando os resultados da relação CVg/CV . Costa (2013) reporta valor inferior (54%) em populações de um cruzamento de feijão-caupi. A influência do ambiente na expressão desse caráter nesse cruzamento foi quase inexistente diante da ampla variabilidade genética disponível.

Os coeficientes de herdabilidade entre populações dos caracteres número de vagens por planta e produtividade tiveram proporções de 74,54 e 67,21%, respectivamente, similares aos obtidos por Matos Filho et al. (2009), de 75,8 e 63,82%, respectivamente. Em similaridade com o cruzamento 1, esses valores foram maiores que os obtidos dentro de populações (55,18 e 45,89%). A mesma situação foi apresentada para o índice de grãos, que, neste cruzamento apresentou variabilidade genética entre populações, com herdabilidade superior (69,08%) à apontada dentro de populações (48,35%). O contrário ocorreu para o valor de cultivo, com herdabilidade baixa entre populações (52,8%) e intermediária dentro de populações segregantes (67,47%). Costa (2013) encontrou herdabilidade no sentido amplo entre populações de cruzamentos de feijão-caupi com magnitudes de 90 e 77% para o índice de grãos e 58% para o valor de cultivo.

Esses resultados indicam que, na ausência de variabilidade e na dificuldade de melhoramento dentro de populações segregantes, a seleção pode ser incrementada entre populações, sendo válida para a situação contrária. Neste sentido, ganhos com a seleção são possíveis de serem alcançados pela seleção entre e dentro de famílias.

Diferenças entre os parâmetros genéticos de ambos os cruzamentos avaliados são esperadas, em decorrência das diferentes amplitudes de variabilidade genética geradas pelos mesmos. Grande variação de coeficientes de herdabilidade foi observada para caracteres agrônômicos em oito cruzamentos de feijão-caupi no estudo de Pathak, Naik e Joshi (2017), para caracteres envolvidos no ciclo de maturação e para a produtividade e seus componentes.

Tabela 10 – Variâncias (S^2) e estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidade no sentido amplo entre e dentro de populações, coeficiente de variação genética entre, coeficiente de variação genética dentro, relação entre coeficiente de variação genética entre populações e o coeficiente de variação experimental e a relação entre o coeficiente de variação genética dentro de populações e coeficiente de variação experimental) dos caracteres tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG) e produtividade (PROD), obtidas a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi no cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.

Variância/Parâmetro	TP ⁺ (nota)	VC ⁺ (nota)	NVP (unid.)	IG (%)	PROD (kg ha ⁻¹)
S ² genética entre populações	0,07091	0,005	1,86	8,75	15197,08
S ² genética dentro de populações	0,08370	0,0654	14,27	20,81	69694,78
S ² fenotípica dentro de populações	0,09185	0,0969	25,87	43,04	151845,57
S ² ambiental dentro de populações	0,00815	0,0315	11,59	22,22	82150,78
CVge (%)	14,63	3,92	15,08	4,17	17,30
CVgd (%)	15,89	14,20	41,79	6,43	37,05
CV (%)	3,51	6,72	15,69	4,74	22,25
CVge/CV	4,16	0,58	0,96	0,88	0,77
CVgd/CV	4,52	2,11	2,66	1,35	1,66
h ² _a (%) entre populações	98,4	52,8	74,54	69,08	67,21
h ² _a (%) dentro de populações	91,12	67,47	55,18	48,35	45,89

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

4.4 Controle genético de caracteres

O estudo do controle genético foi realizado apenas para os caracteres cujos genitores apresentaram médias contrastantes nas populações dos cruzamentos, para melhor precisão na estimação dos parâmetros genéticos. Assim, procedeu-se com a análise de gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) para os caracteres: peso de 100 grãos no cruzamento 1, entre BRS Xiquexique (P_1) e MNC01-631F-15 (P_2) e no cruzamento 2, entre MNC05-828C-1-9-1 (P_1) e MNC04-792F-146 (P_2); comprimento de vagem, número de grãos por vagem, número de dias para o início da floração e número de dias para o início da maturação, no cruzamento 2, entre MNC05-828C-1-9-1 (P_1) e MNC04-792F-146 (P_2). A distribuição fenotípica desses caracteres é contínua, como observado na Figura 5, se assemelhando a uma curva normal na maioria das populações F_2 . Essa característica reforça a natureza quantitativa da herança desses caracteres (RAMALHO et al., 2012b).

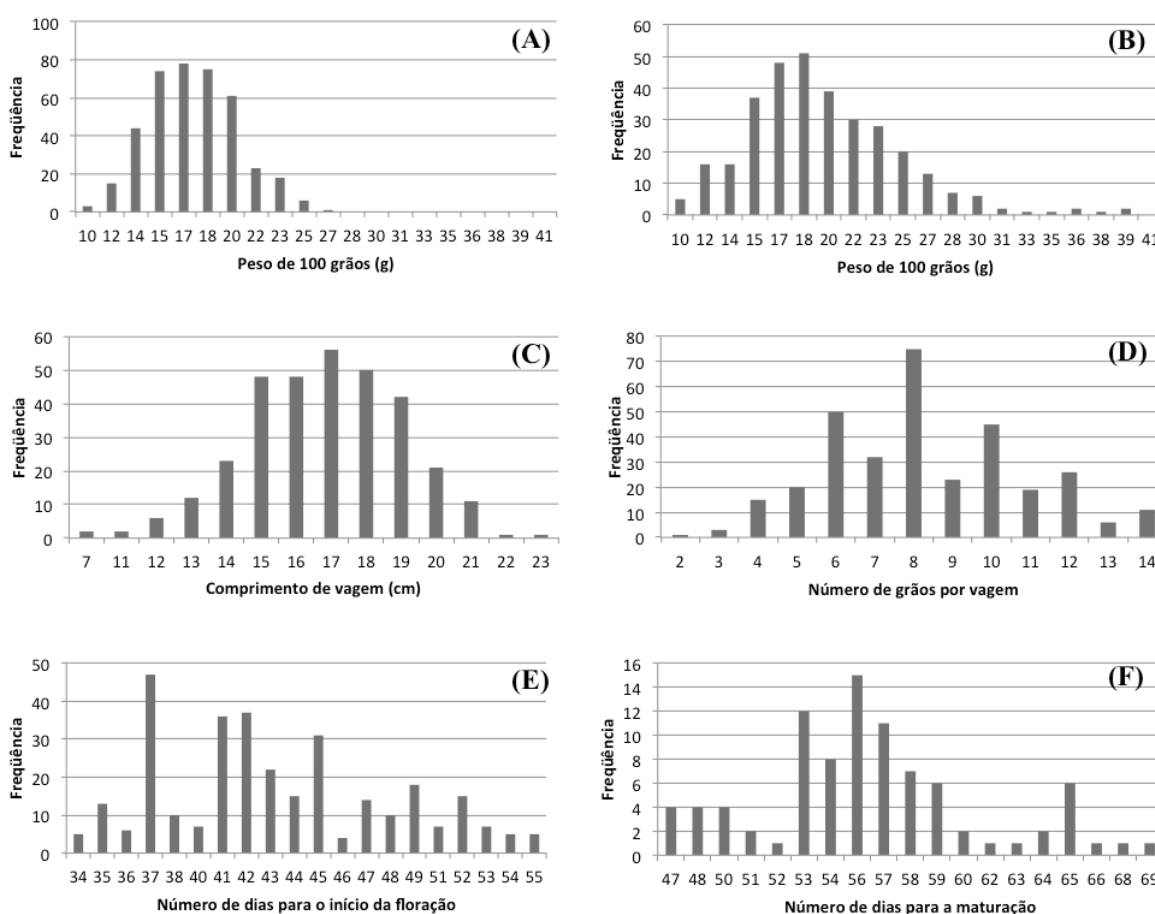


Figura 5 – Distribuição de classes fenotípicas na geração F_2 para os caracteres: (A) peso de 100 grãos no cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15); (B) peso de 100 grãos, (C) comprimento de vagem, (D) número de grãos por vagem (E), número de dias para o início da floração e (F) número de dias para a maturação, no cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.

4.4.1 Controle genético do número de dias para a floração e maturação

As médias dos genitores do cruzamento MNC05-828C-1-9-1 e MNC04-792F-146 foram contrastantes para o número de dias para o início da floração e para o número de dias para maturação, o que contribui para uma maior precisão do estudo do controle genético da precocidade reprodutiva nas populações segregantes resultantes deste cruzamento. As médias da geração F_1 de ambos os caracteres foram maiores que as do genitor mais tardio (MNC04-792F-146), havendo uma redução das médias em F_2 (Tabela 11). Observa-se também uma distribuição assimétrica da população F_2 para os dois caracteres (Figura 5). Essas características evidenciam a presença de efeito heterótico e ação gênica de dominância para os caracteres (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001; RAMALHO et al., 2012b).

Tabela 11 – Número de plantas (N), média (\bar{u}), variância (S^2) e variância da média ($V(\bar{u})$) para o número de dias para o início da floração (NDIF) e número de dias para a maturação (NDM) em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

População	NDIF (dia)				NDM (dia)			
	N	\bar{u}	S^2	$V(\bar{u})$	N	\bar{u}	S^2	$V(\bar{u})$
$P_{1(12)}$ (MNC05-828C-1-9-1)	30	36,8	2,6	0,086	25	54,4	5,62	0,22
$P_{2(12)}$ (MNC04-792F-146)	30	43,8	13,1	0,438	22	61,5	21,01	0,95
$F_{1(12)}$	21	46,6	13,3	0,635	4	62	1,33	0,33
$F_{2(12)}$	321	43,8	29,2	0,091	90	56,5	26,02	0,28
$RC_{1(12)}$	23	45,3	29,4	1,28	12	59,4	22,44	1,87
$RC_{2(12)}$	24	44,3	14,4	0,60	18	60,1	15,55	0,86

As variâncias genótípicas, fenotípicas, aditivas e decorrentes de dominância foram semelhantes para ambos os caracteres (Tabela 12). Contudo, o efeito do ambiente foi mais importante para o número de dias para o início da floração, obtendo por isso uma menor herdabilidade (63,77%) do que o número de dias para a maturação (71,85%). A distribuição de chuvas durante o período do experimento deve ter exercido influência no período reprodutivo das plantas. No entanto, a maior parte do fenótipo é atribuída a causas genéticas. A alta variância genotípica encontrada para o número de dias para o início da floração e maturação demonstra que tais condições não impediram a ocorrência de diferenças significativas entre as plantas para ambos os caracteres. Ampla variabilidade é favorável para o

melhoramento, podendo fornecer informação genética suficiente para a seleção de indivíduos precoces.

Tabela 12 – Estimativas das variâncias fenotípica, ambiental, genotípica, aditiva e de dominância, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância, do número de genes que controlam os caracteres número de dias para o início da floração (NDIF) e número de dias para a maturação (NDM), o ganho genético com a seleção de 20% da geração F_2 e a média predita na geração F_3 após a seleção, obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

Parâmetro	NDIF (dia)		NDM (dia)	
	Estimativa	Desvio-padrão	Estimativa	Desvio-padrão
S^2 fenotípica	29,29	2,3	26,02	3,85
S^2 ambiental	10,61	1,65	7,32	1,62
S^2 genotípica	18,68	10,42	18,69	7,86
S^2 aditiva	14,68	10,5	14,04	12,7
S^2 devida a dominância	4,001	19,57	4,65	17,7
h^2_a (%)	63,77	-	71,85	-
h^2_r (%)	50,11	-	53,97	-
Grau médio de dominância	-1,88	-	-1,10	-
Número de genes	4,12	-	5,12	-
Ganho por seleção	-3,31	-	-6,35	-
Média predita em F_3 após seleção	40,49	-	52,95	-

As proporções da variância genotípica decorrentes das variâncias aditiva e devida a dominância foram equivalentes para os dois caracteres. Em ambos, a variância aditiva foi superior, resultando em altas proporções da herdabilidade total. As herdabilidades no sentido restrito foram 50,11% para o número de dias para o início da floração e 53,97% para o início da maturação. Dessa forma, pouco mais da metade do fenótipo é controlado por herança genética de natureza aditiva. Essas estimativas estão dentro dos limites encontrados na literatura.

Pathak, Naik e Joshi (2017) obtiveram herdabilidades no sentido amplo variando de 37,46% a 86,43% para o número de dias para o início da floração e 34,52 a 95,83% para a maturação, em populações segregantes de cruzamentos de feijão-caupi. No sentido restrito, encontraram herdabilidades com variações de 4,26-82,34% e 4,79-93,73% para o número de dias para o início da floração e maturação, respectivamente. Ishiyaku, Singh e Craufurd (2005) reportam uma herdabilidade no sentido restrito de 86% no estudo do controle genético do número de dias para o início da floração em feijão-caupi, enquanto Adeyanju e Ishiyaku (2007) obtiveram

um valor de 90,87% em condições de telado. Owusu et al. (2018) relatam um valor de 82,2% e 73,6% para o número de dias para o início da floração e maturação, respectivamente, enquanto Ribeiro, Boiteux e Santos (2014) obtiveram coeficientes de 69,73% e 69,28% de herdabilidade no sentido amplo e restrito, respectivamente, para o número de dias para maturação.

Embora a variância aditiva tenha sido mais importante, o grau médio de dominância detectou presença de dominância total ou sobredominância na expressão dos caracteres. Isso confirma as conclusões feitas pela superioridade das médias das gerações F_1 s e pela distribuição fenotípica assimétrica das gerações F_2 . A negatividade dos desvios da dominância indicam que os mesmos ocorrem no sentido do menor número de dias para a floração e maturação, o que pode dificultar o desenvolvimento de linhagens precoces, pois plantas selecionadas podem segregar para tardias. A seleção deve ocorrer, portanto, no sentido de concentrar o maior número possível de alelos dominantes.

Ao avaliar populações F_2 de feijão comum, Santos e Vencovskv (1985) reportaram um efeito unidirecional da dominância no sentido de reduzir o início do florescimento. Os autores sugeriram que, em um programa de melhoramento, deve-se utilizar, em cruzamentos, cultivares com os menores números médios de dias gastos para o florescimento, diante da prevalência da ação gênica aditiva e por concentrarem a maior frequência de genes dominantes, que reduzem o ciclo da cultura.

O número de genes controlando os caracteres foi baixo para a precocidade: 4 para o número de dias para início da floração e 5 para o número de dias para maturação (Tabela 12). As estimativas de Ishiyaku, Singh e Craufurd (2005) foram de 7 genes controlando o início da floração, enquanto Santos et al. (2005) obtiveram até 3 genes para o mesmo caráter. Ribeiro, Boiteux e Santos (2014) encontraram uma média de 3 genes para o número de dias para a maturação em feijão-caupi. Apesar destes valores diferirem dos obtidos pelo presente trabalho, esses estudos confirmam a natureza oligogênica dos caracteres avaliados.

O baixo número de genes controlando os caracteres número de dias para o início da floração e maturação também explica a assimetria da distribuição fenotípica de F_2 . Segundo Bueno, Mendes e Carvalho (2001), a assimetria é acentuada quando há poucos genes presentes, à medida que estes aumentam a assimetria

diminui e a F_2 tende para a curva normal. Todavia, a existência de poucos genes controlando o caráter é vantajosa para o melhorista, visto que a probabilidade de se encontrar indivíduos com fenótipos extremos dentro das populações segregantes aumenta (RAMALHO et al., 2012b), o que facilita a seleção de plantas precoces.

O ganho com a seleção de 20% das plantas de F_2 foi maior para o número de dias para a maturação, o que pode ser justificado pela menor influência do ambiente no controle deste caráter. Ainda assim, os ganhos foram satisfatórios para ambos os caracteres, com a redução de aproximadamente 3 e 6 dias, e média predita em F_3 de aproximadamente 40 e 53 dias para o início da floração e da maturação, respectivamente. A transgressão observada na distribuição das classes fenotípicas em F_2 (Figura 5) em relação a média do genitor precoce (Tabela 11) propicia a seleção de indivíduos com menores períodos para o início da floração e maturação. Maior precocidade é, portanto, esperada na população no próximo ciclo após a seleção.

O estudo de médias e variâncias a partir do modelo completo demonstrou significância dos efeitos da média, aditivo, decorrente de dominância, e de interações epistáticas (Tabela 13). As interações aditivo x dominante e aditivo x aditivo foram significativas para o número de dias para o início da floração e para o início da maturação, respectivamente, confirmando a presença de mais de um gene no controle dos caracteres. A existência dos efeitos da média, aditivo e decorrente de dominância foram confirmados pelo modelo reduzido.

A avaliação da adequação dos modelos para o estudo genético do caráter é feito pela correlação ente as médias observadas e os valores estimados em cada modelo e pelo coeficiente de determinação R^2 (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O modelo completo foi totalmente suficiente para explicar a variabilidade para ambos os caracteres, cujas correlação e determinação da comparação das médias observadas e estimadas alcançaram valores máximos (Tabela 13). Embora os coeficientes obtidos pelo modelo aditivo-dominante tenham sido menores, foram satisfatórios para o estudo genético dos caracteres.

Embora a decomposição da soma de quadrados pelo Método de Eliminação de Gauss não seja ortogonal (Tabela 14), a medida designada por R^2 é utilizada para estimar a importância de um particular efeito genético sobre a variabilidade apresentada para o caráter em estudo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para o modelo completo, os valores de R^2 indicam que o efeito mais importante foi a média,

seguida pelo efeito aditivo, o efeito de epistasia (aditivo x dominante para o número de dias para o início da floração e aditivo x aditivo para a maturação), e o efeito de dominância, com menor contribuição. Ao se excluir os efeitos epistáticos, as contribuições dos efeitos aditivos e decorrentes de dominância se assemelham, como se observa no modelo reduzido.

Esses resultados estão em concordância com os relatados por Rashwan (2010). O autor reporta significância para os efeitos aditivos, de dominância e epistáticos para o número de dias para o início da floração, cujos tipos de interações diferiram entre cruzamentos diferentes. Os mesmos achados são relatados por Rahman e Saad (2000) em *Vigna sesquipedalis*, para os dias gastos para a floração e maturação. Por outro lado, Ishiyaku, Singh e Craufurd (2005) obtiveram significância apenas para a média, o efeito aditivo e o efeito da interação aditivo x dominante no controle do número de dias para o início da floração em feijão-caupi.

A contribuição da dominância só foi significativa no modelo aditivo-dominante, ao se excluir os efeitos epistáticos (Tabela 14). Significância para todos os tipos de efeitos gênicos, exceto para o decorrente de dominância, foi encontrada por Adeyanju e Ishiyaku (2007) para o início da floração. Outro estudo relata uma maior contribuição do efeito gênico aditivo, seguida de uma baixa contribuição do efeito epistático aditivo x dominante no controle do número de dias para maturação em feijão-caupi (RIBEIRO; BOITEUX; SANTOS, 2014).

Tabela 13 – Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir dos modelos completo e aditivo-dominante e coeficientes de correlação (r) e de determinação (R^2) entre as médias observadas e estimadas para cada modelo, com base nas médias do número de dias para o início da floração (NDIF) e do número de dias para a maturação (NDM) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

Efeito ⁽¹⁾	NDIF (dia)						NDM (dia)					
	Modelo completo			Modelo aditivo-dominante			Modelo completo			Modelo aditivo-dominante		
	Estimativa	S ²	“t”	Estimativa	S ²	“t”	Estimativa	S ²	“t”	Estimativa	S ²	“t”
m	36,24	9,12	12**	40,25	0,11	120,99**	44,82	15,86	11,25**	56,7	0,21	121,11**
a	-3,5	0,13	-9,65**	-3,27	0,11	-9,68**	-3,77	0,29	-6,95**	-2,97	0,23	-6,10**
d	19,54	75,45	2,24*	7,04	0,52	9,71**	29,69	119,95	2,71**	4,16	0,61	5,31**
aa	4,11	8,99	1,37 ^{ns}	-	-	-	12,98	15,56	3,29**	-	-	-
ad	8,85	8,05	3,12**	-	-	-	6,05	12,12	1,73 ^{ns}	-	-	-
dd	-8,83	34,65	-1,5 ^{ns}	-	-	-	-12,52	50,89	-1,75 ^{ns}	-	-	-
r (média observada e média estimada) = 1 R ² (%) = 100			r (média observada e média estimada) = 0,91 R ² (%) = 83,34			r (média observada e média estimada) = 1 R ² (%) = 100			r (média observada e média estimada) = 0,85 R ² (%) = 72,98			

⁽¹⁾m, média das plantas de F_2 ; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditivo x aditivo; ad, medida das interações gênicas aditivo x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante.

^{ns} Não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Tabela 14 – Análise de variância mostrando a decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd / m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do número de dias para o início da floração (NDIF) e do número de dias para a maturação (NDM) obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

F. V.	NDIF (dia)				NDM (dia)			
	Modelo completo		Modelo aditivo- dominante		Modelo completo		Modelo aditivo- dominante	
	S. Q.	R ² (%)	S. Q.	R ² (%)	S. Q.	R ² (%)	S. Q.	R ² (%)
m	144,0	56,2	14640,69	98,74	126,68	63,57	14667,96	99,56
a	93,29	36,41	93,72	0,63	48,31	24,24	37,27	0,25
d	5,06	1,97	94,30	0,63	7,35	3,7	28,24	0,19
aa	1,88	0,74	-	-	10,83	5,43	-	-
ad	9,73	3,8	-	-	3,02	1,51	-	-
dd	2,25	0,88	-	-	3,08	1,55	-	-
Total	256,24	100	14828,71	100	199,28	100	14733,48	100

⁽¹⁾m, média das plantas de F₂; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditivo x aditivo; ad, medida das interações gênicas aditivo x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante.

Os resultados obtidos demonstram que o controle genético para o número de dias para o início da floração e o número de dias para a maturação, envolve ações gênicas aditivas, dominantes e epistáticas. A alta variância aditiva, contribuindo para a maior parte da herdabilidade, juntamente com uma alta contribuição do efeito gênico aditivo, facilitam a obtenção de ganhos com a seleção. Há significativo efeito gênico decorrente de dominância, exigindo sucessivos ciclos de seleção para se desenvolver linhagens com maior concentração de alelos dominantes. No entanto, a natureza oligogênica dos caracteres e a menor influência do ambiente na herdabilidade implicam facilidade e rapidez no melhoramento com vistas à obtenção de genótipos mais precoces.

O melhoramento visando a precocidade tem sido enfatizado no desenvolvimento de cultivares de feijão-caupi, pois permite a realização de até três cultivos por ano, estabilizar a produção em regiões com longos períodos de estiagem, evitar prejuízos em regiões com curtos períodos de chuva e viabilizar a inserção da cultura em rotação, dentro de sistemas de produção (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017).

4.4.2 Controle genético do tamanho do grão

Ambos os cruzamentos 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146) apresentaram contraste entre as médias dos genitores para o tamanho do grão, sendo cabível proceder com o estudo genético nas duas populações. No geral, as variâncias da população do segundo cruzamento foram maiores (Tabela 15), indicando maior variabilidade em suas gerações, como facilmente observado ao se comparar a distribuição das gerações F_2 dos dois cruzamentos (Figura 5). Esse fato pode ser resultado de um maior contraste entre os genitores nesse cruzamento, possibilitando uma maior segregação em F_2 .

Tabela 15 – Número de plantas (N), média (\bar{u}), variância (S^2) e variância da média ($V(\bar{u})$) para o peso de 100 grãos (g) em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) dos cruzamentos 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.

Cruzamento	População	N	\bar{U}	S^2	$V(\bar{u})$
1 BRS Xiquexique (P_1) x MNC01-631F-15 (P_2)	$P_{1(12)}$	30	14,72	2,58	0,08
	$P_{2(12)}$	30	19,92	2,34	0,07
	$F_{1(12)}$	9	19,05	1,69	0,18
	$F_{2(12)}$	399	16,74	8,73	0,02
	$RC_{1(12)}$	21	16,68	5,09	0,24
	$RC_{2(12)}$	26	18,45	7,94	0,30
2 MNC05-828C-1-9-1 (P_1) x MNC04-792F-146 (P_2)	$P_{1(12)}$	30	25,77	7,62	0,25
	$P_{2(12)}$	30	15,72	3,59	0,11
	$F_{1(12)}$	14	20,87	9,61	0,68
	$F_{2(12)}$	326	20,29	26,17	0,08
	$RC_{1(12)}$	21	21,94	20,4	0,97
	$RC_{2(12)}$	21	19,64	19,88	0,94

Ambos os cruzamentos apresentaram alta magnitude de herdabilidade para o tamanho do grão nas populações, variando de 70,91% a 76,22% para herdabilidade no sentido amplo (Tabela 16). Assim, a expressão do caráter tem maior contribuição genética do que ambiental, permitindo a obtenção de maiores ganhos com a seleção. As variâncias genéticas aditivas foram superiores às decorrentes da dominância, sendo refletidas na herdabilidade no sentido restrito com valores de 46,05% e 50,77%.

Lopes, Gomes e Freire Filho (2003) encontraram herdabilidade no sentido amplo inferior (68,46%) e a do sentido restrito superior (59,87%) para o tamanho do grão no estudo envolvendo um cruzamento e populações segregantes de feijão-caupi. Alidu, Atokple e Akromah (2013) também encontraram herdabilidade no

sentido restrito superior (71%), assim como Umaharan, Ariyanayagam e Haque (1997), com valor de 88%, ambos em cruzamentos dialélicos. Ao estudar populações segregantes de 8 cruzamentos de feijão-caupi, Pathak, Naik e Joshi (2017) encontraram herdabilidades no sentido amplo e restrito variando de 20,45 a 92,15% e 8,36 a 85,69%, respectivamente, para o tamanho do grão.

Como reforça a literatura, a grande parte da herdabilidade do tamanho do grão é de natureza genética aditiva, favorecendo a seleção nas duas populações de feijão-caupi, já que é transmitida para a próxima geração (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Tabela 16 – Estimativas das variâncias fenotípica, ambiental, genotípica, aditiva e de dominância, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância, do número de genes que controlam o caráter peso de 100 grãos (g), o ganho genético esperado com a seleção de 20% da geração F_2 e a média predita na geração F_3 após a seleção, obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) dos cruzamentos 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

Parâmetro	Cruzamento 1		Cruzamento 2	
	Estimativa	Desvio-padrão	Estimativa	Desvio-padrão
S^2 fenotípica	8,73	0,61	26,17	2,04
S^2 ambiental	2,07	0,34	7,61	1,35
S^2 genotípica	6,66	2,16	18,56	7,69
S^2 aditiva	4,43	2,92	12,05	9,51
S^2 devida a dominância	2,22	7,19	6,50	18,54
h^2_a (%)	76,22	-	70,91	-
h^2_r (%)	50,77	-	46,05	-
Grau médio de dominância	-0,66	-	0,025	-
Número de genes	24,46	-	10,71	-
Ganho por seleção	2,11	-	3,55	-
Média predita em F_3 após seleção	18,86	-	23,84	-

Os graus médios de dominância encontrados neste trabalho foram baixos, mas diferentes para as duas populações (Tabela 16). Enquanto no cruzamento 2 o grau médio foi positivo e quase nulo (0,025), o do cruzamento 1 foi maior e negativo (-0,66). Desse modo, os valores obtidos salientam uma dominância parcial na expressão do caráter, sendo mais acentuada na população do cruzamento 1, onde a dominância se direciona para a expressão de tamanho menor do grão na geração F_2 .

As médias das gerações refletem esse resultado: enquanto no cruzamento 1 a geração F_1 se assemelha a um dos genitores, no cruzamento 2, a média dessa

geração é intermediária às médias dos genitores (Tabela 15), caracterizando uma maior aditividade e menor interação de dominância na herança. Outros estudos também reportaram a presença de dominância parcial no controle do tamanho do grão em feijão-caupi, tanto para grãos menores, quanto para maiores (EGBADZOR et al., 2013; LELEJI, 1975; LOPES; GOMES; FREIRE FILHO, 2003; UMAHARAN; ARIYANAYAGAM; HAQUE, 1997).

O número de genes estimado foi discrepante entre as populações: aproximadamente 24 na população do cruzamento 1 e 11 para o cruzamento 2, caracterizando um controle poligênico do tamanho do grão nestas populações de feijão-caupi. Lopes, Gomes e Freire Filho (2003) encontraram 5 genes controlando esse caráter na leguminosa, enquanto Aryeetey e Laing (1973) reportaram 10 e Egbadzor et al. (2013) estimaram 8 genes. Apesar de a estimativa de número de genes ser baseada em uma série de pressuposições, essa informação é útil como indicativo da natureza poligênica ou oligogênica do caráter, e por se referir à probabilidade de se obter determinado genótipo em uma população segregante (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012b).

Os ganhos esperados com base em uma intensidade de seleção de 20% (indivíduos superiores) da geração F_2 foram satisfatórios, sendo de 2,11 e 3,55 g, com médias preditas para o próximo ciclo de 18,86 e 23,84 g, nos cruzamentos 1 e 2, respectivamente (Tabela 16). A variabilidade presente nas duas populações possibilitou a obtenção de maiores ganhos. Percebe-se que as classes fenotípicas distribuídas em F_2 (Figura 5) ultrapassam as médias dos genitores (Tabela 15), havendo transgressão tanto para menor quanto para maior tamanho do grão. Isso possibilita a seleção de indivíduos com médias superiores aos dos genitores, para o desenvolvimento de novas cultivares de feijão-caupi.

Os testes de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo foram similares entre as duas populações (Tabela 17). Em ambos os cruzamentos, a média e o efeito aditivo dos genes foram significativos pelo teste t ($p \leq 0,05$). Efeito de epistasia foi significativo apenas no cruzamento 1, para a interação gênica aditivo x aditivo. Ao excluir os efeitos epistáticos, o modelo aditivo-dominante teve resultado idêntico entre as duas populações: significância apenas para a média e o efeito aditivo dos genes. De modo geral, a contribuição dos genes de efeito aditivo em relação aos genes com efeitos de dominância foi expressivo para o tamanho do grão.

Para o tamanho do grão nas duas populações estudadas, o modelo completo foi totalmente adequado para explicar as variações genéticas, apresentando correlação entre as médias observadas e estimadas igual a unidade, o que corresponde a uma determinação de 100%. O modelo aditivo-dominante apresentou valores de correlação e determinação altos em ambas as populações, sendo satisfatórios para a estimação dos parâmetros genéticos (Tabela 17).

A decomposição não ortogonal da soma de quadrados dos parâmetros de cada modelo para o tamanho de grãos é apresentada na Tabela 18. É possível observar que em ambos os modelos, completo e aditivo-dominante, a média e os efeitos gênicos aditivos tem maior contribuição na determinação do tamanho do grão nas duas populações, sendo o efeito gênico decorrente de dominância, o de menor importância. Esses resultados confirmam aqueles obtidos pelos testes de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos (Tabela 17). Embora o efeito epistático aditivo x aditivo tenha sido significativo pelo teste t na população do cruzamento 1, sua contribuição no controle genético do caráter é baixa.

Outros estudos também encontraram uma herança do tamanho do grão em feijão-caupi influenciada predominantemente por efeitos gênicos aditivos, com presença de dominância e prováveis efeitos epistáticos, apresentando diferenças dos mecanismos genéticos entre populações de cruzamentos diferentes (DRABO et al., 1985; UMAHARAN; ARIYANAYAGAM; HAQUE, 1997). Rahman e Saad (2000) detectaram presença e ausência de epistasia, dependendo do cruzamento realizado, e uma contribuição significativa e positiva do efeito gênico aditivo para o tamanho do grão, em populações de quatro cruzamentos em *V. sesquipedalis*. Contribuição principal dos efeitos aditivos para o tamanho de grãos também foi reportada para o feijão comum (MULUGETA; HUSSEIN; HABTAMU, 2013).

Tabela 17 – Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir dos modelos completo e aditivo-dominante e coeficientes de correlação (r) e de determinação (R^2) entre as médias observadas e estimadas para cada modelo, com base nas médias do peso de 100 grãos (g) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) dos cruzamentos 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

Efeito ⁽¹⁾	Cruzamento 1						Cruzamento 2					
	Modelo completo			Modelo aditivo-dominante			Modelo completo			Modelo aditivo-dominante		
	Estimativa	S ²	“t”	Estimativa	S ²	“t”	Estimativa	S ²	“t”	Estimativa	S ²	“t”
m	14,01	2,58	8,71**	16,96	0,035	90,06**	18,04	9,05	6,23**	20,62	0,084	70,84**
a	-2,6	0,041	-12,83**	-2,55	0,038	-13,06**	5,02	0,093	16,43**	4,87	0,088	16,41**
d	5,86	21,69	1,26 ^{ns}	0,45	0,15	1,13 ^{ns}	4,01	75,74	0,46 ^{ns}	-0,29	0,445	-0,44 ^{ns}
aa	3,30	2,54	2,07*	-	-	-	1,97	8,95	0,66 ^{ns}	-	-	-
ad	1,67	2,35	1,09 ^{ns}	-	-	-	-5,45	8,04	-1,92 ^{ns}	-	-	-
dd	-0,82	10,03	-0,26 ^{ns}	-	-	-	-1,9	35,10	-0,32 ^{ns}	-	-	-
	r (média observada e média estimada) = 1 R ² (%) = 100			r (média observada e média estimada) = 0,92 R ² (%) = 85,89			r (média observada e média estimada) = 1 R ² (%) = 100			r (média observada e média estimada) = 0,96 R ² (%) = 93,88		

⁽¹⁾m, média das plantas de F_2 ; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditivo x aditivo; ad, medida das interações gênicas aditivo x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante.

^{ns} Não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Tabela 18 – Análise de variância mostrando a decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd / m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do peso de 100 grãos (g) obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) dos cruzamentos 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

F. V.	Cruzamento 1				Cruzamento 2			
	Modelo completo		Modelo aditivo-dominante		Modelo completo		Modelo aditivo-dominante	
	S. Q.	R ² (%)	S. Q.	R ² (%)	S. Q.	R ² (%)	S. Q.	R ² (%)
m	76,02	30,6	8111,41	97,923	38,9	12,41	5019,46	94,90
a	164,76	66,4	170,72	2,061	270,19	86,17	269,34	5,093
d	1,58	0,6	1,29	0,016	0,21	0,07	0,1961	0,004
aa	4,29	1,73	-	-	0,43	0,14	-	-
ad	1,19	0,4	-	-	3,69	1,18	-	-
dd	0,068	0,27	-	-	0,10	0,03	-	-
Total	247,93	100	8283,43	100	313,55	100	5289,0	100

⁽¹⁾m, média das plantas de F₂; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditivo x aditivo; ad, medida das interações gênicas aditivo x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante.

Lopes, Gomes e Freire Filho (2003) obtiveram total suficiência do modelo aditivo-dominante para a explicação da variabilidade genética, também encontrando significância e principal contribuição da média e da ação gênica aditiva na herança do caráter em feijão-caupi. Por outro lado, o modelo reduzido não foi suficiente para explicar a variabilidade das populações de dois cruzamentos no estudo de Rashwan (2010), onde o efeito da dominância e efeitos epistáticos foram significativos. No entanto, o autor relata que o efeito gênico aditivo foi altamente significativo e positivo, sugerindo o potencial de melhoramento do caráter através do método de seleção genealógico (*pedigree*). Egbadzor et al. (2013) também encontraram significância para as ações gênicas de dominância, aditiva e epistáticas em um cruzamento de feijão-caupi, sugerindo uma seleção desde as populações segregantes até gerações avançadas e estágios de avaliação de linhagens.

A variabilidade para o tamanho do grão presente nas duas populações F₂ de feijão-caupi estudadas neste trabalho resultaram principalmente de efeitos gênicos aditivos, sendo coincidente com os relatos da literatura. É possível, portanto, desenvolver linhagens superiores para o caráter a partir da seleção de populações derivadas da população F₂, obtendo-se ganhos satisfatórios, já que a variância aditiva pode ser fixada pela seleção e é o componente mais importante na predição de ganhos (RAMALHO et al., 2012b).

A importância do tamanho do grão em feijão-caupi está diretamente

relacionada com sua influência na produtividade e na qualidade dos grãos para a comercialização (LOPES; GOMES; FREIRE FILHO, 2003). Há grande variação quanto ao tamanho dos grãos para cada tipo comercial, onde a preferência de mercado por determinado tipo tem influência cultural (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017). Dessa forma, a variabilidade existente nessas populações permite o melhoramento desse caráter conforme a demanda que se deseja atender.

4.4.3 Controle genético do comprimento de vagem e do número de grãos por vagem

O contraste entre as médias dos genitores do cruzamento MNC05-828C-1-9-1 e MNC04-792F-146 para o comprimento da vagem (cm) e o número de grãos por vagem possibilitou a realização do estudo de controle genético do caráter nas populações segregantes resultantes deste cruzamento. A presença de heterose é evidenciada pela superioridade da média da geração F_1 em relação ao genitor com vagens mais compridas (MNC04-792F-146), e pela redução das médias em F_2 (Tabela 19). Isso é um indicativo da presença de ação gênica de dominância no controle do caráter (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001; RAMALHO et al., 2012b). Já para o número de grãos por vagem, as médias das gerações F_1 e F_2 são intermediárias aos valores dos genitores, sugerindo a presença de ação gênica aditiva na herança.

A distribuição fenotípica da população F_2 (Figura 5) indica a presença de indivíduos com médias superiores ao do genitor de maior desempenho para ambos os caracteres. Tais segregantes transgressivos podem ser utilizados no programa de melhoramento. Lachyan, Desai e Dalvi (2016) indicam a presença de sobredominância e transgressão pela superioridade da média do comprimento da vagem de uma população F_2 em relação aos genitores, em feijão-caupi. Os autores também encontraram média intermediária das gerações F_1 e F_2 para o número de grãos por vagem.

Para os dois caracteres, a diferença entre as médias de ambos os retrocruzamentos sugere uma contribuição diferencial dos genitores para a descendência. O retrocruzamento 1 (RC_1 : F_1 x MNC05-828C-1-9-1) teve médias menores que o 2 (RC_2 : F_1 x MNC04-792F-146), o que demonstra que o genitor

MNC04-792F-146 contribuiu com mais alelos favoráveis para a superioridade de médias desta última população de retrocruzamento. Isso demonstra a importância da escolha de genitores na hibridação.

Tabela 19 – Número de plantas (N), média (\bar{u}), variância (S^2) e variância da média ($V(\bar{u})$) para o comprimento de vagem (COMPV) e o número de grãos por vagem (NGV) em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

População	COMPV (cm)				NGV (unid.)			
	N	\bar{U}	S^2	$V(\bar{u})$	N	\bar{u}	S^2	$V(\bar{u})$
$P_{1(12)}$ (MNC05-828C-1-9-1)	30	13	$1,38^{-4}$	$0,5^{-5}$	30	5,73	2,27	0,075
$P_{2(12)}$ (MNC04-792F-146)	30	18	$1,31^{-4}$	$0,4^{-5}$	30	12,20	4,64	0,154
$F_{1(12)}$	14	19	$1,54^{-4}$	$1,1^{-5}$	14	9,37	3,28	0,234
$F_{2(12)}$	326	16	$5,06^{-4}$	$0,2^{-5}$	326	8,88	6,40	0,019
$RC_{1(12)}$	21	16	$3,65^{-4}$	$1,7^{-6}$	21	7,75	5,52	0,263
$RC_{2(12)}$	21	19	$3,05^{-4}$	$1,5^{-5}$	21	11,25	5,50	0,262

O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo exibiu magnitude alta para o comprimento de vagem (Tabela 20), evidenciando que a maior parte do fenótipo é atribuída a causas genéticas e indicando possibilidades de ganhos genéticos para o caráter com a seleção. Notadamente, a maior parte dessa herdabilidade é devida a variância aditiva, obtendo-se um alto coeficiente para o sentido restrito. A superioridade dessa variância indica uma maior facilidade na identificação de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Ao estudar o controle genético do comprimento da vagem em cruzamento e populações segregantes de feijão-caupi, Silva et al. (2006) encontraram herdabilidades similares: 73,3% no sentido amplo e 70,63% no sentido restrito.

Para o número de grãos por vagem, a variância ambiental foi superior aquela de natureza genética, resultando em uma baixa proporção da herdabilidade no sentido amplo e restrito (47,29% e 27,57%, respectivamente). Assim, o fenótipo tem baixa confiabilidade para a seleção de genótipos superiores, dificultando o melhoramento do caráter. Em contrapartida, mais da metade da variação genética é de natureza aditiva, evidenciando a possibilidade de obtenção de genótipos homozigóticos superiores a partir de seleção nas populações derivadas de F_2 (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012b). Dessa forma, dependendo das condições ambientais, indivíduos superiores podem produzir uma descendência também superior.

Pathak, Naik e Joshi (2017) reportaram um intervalo de magnitude de 23,42-82,37% para herdabilidade no sentido amplo e 7,65-53,22% para herdabilidade no sentido restrito para o comprimento da vagem em populações de oito cruzamentos de feijão-caupi. No mesmo trabalho, um intervalo de 38,68-91,04% para herdabilidade no sentido amplo e 6,60-87,65% para herdabilidade no sentido restrito foi obtida para o número de grãos por vagem. As diferenças de variabilidade entre populações de cruzamentos distintos podem ser um fator explicativo para a variação dos coeficientes de herdabilidade para o comprimento da vagem e o número de grãos por vagens em feijão-caupi.

A magnitude do grau médio de dominância revela a presença de dominância completa ou sobredominância no controle da expressão do comprimento da vagem, evidenciada pelo vigor híbrido apresentado pela geração F_1 . O valor negativo para a estimativa sugere que a dominância ocorre em direção à manifestação fenotípica de menor grandeza do caráter, ou seja, vagens curtas foram dominantes sobre vagens compridas. O trabalho de Silva et al. (2006) detectou dominância parcial pelo grau médio da dominância. Em análise dialélica de seis cruzamentos de feijão-caupi,

Umaharan, Ariyanayagam e Haque (1997) encontraram dominância parcial com predominância da dominância na direção de menores comprimentos de vagem, relatando que a direção pode diferir entre cruzamentos diferentes. Em um estudo sobre a herança da qualidade de vagens em feijão comum, Mariguele et al. (2008) encontraram maior importância dos efeitos não aditivos na herança do comprimento da vagem, sendo controlada principalmente por genes dominantes. Os autores sugerem que os alelos dominantes não atuam todos no mesmo sentido, havendo alelos que tendem a aumentar e alelos que tendem a diminuir o comprimento da vagem.

Para o número de grãos por vagem, o grau médio de dominância foi baixo e negativo, revelando uma baixa participação dos alelos dominantes na herança, que ocorrem no sentido de menor quantidade de grãos por vagem. Em populações segregantes de feijão-caupi estudadas por Drabo et al. (1985), os autores reportaram que muitas sementes foram dominantes sobre poucas sementes por vagem.

Tabela 20 – Estimativas das variâncias fenotípica, ambiental, genotípica, aditiva e de dominância, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância, do número de genes que controlam os caracteres comprimento de vagem (COMPV) e número de grãos por vagem (NGV), o ganho genético com a seleção de 20% da geração F_2 e a média predita na geração F_3 após a seleção, obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

Parâmetro	COMPV (cm)		NGV (unid.)	
	Estimativa	Desvio-padrão	Estimativa	Desvio-padrão
S^2 fenotípica	0,000506	0,00004	6,4	0,50
S^2 ambiental	0,000144	0,000023	3,37	0,53
S^2 genotípica	0,000362	0,00015	3,02	3,39
S^2 aditiva	0,000342	0,000164	1,76	2,55
S^2 devida a dominância	0,00002	0,000408	1,26	3,40
h^2_a (%)	71,51	-	47,29	-
h^2_r (%)	67,63	-	27,57	-
Grau médio de dominância	-1,42	-	-0,12	-
Número de genes	10,07	-	10,88	-
Ganho por seleção	2,1	-	1,04	-
Média predita em F_3 após seleção	18	-	9,92	-

O número de genes estimados na herança do comprimento de vagem e do número de grãos por vagem foi de aproximadamente 10 e 11, respectivamente, sinalizando uma natureza poligênica dos caracteres. Silva et al. (2006) estimaram 7,56 número de genes para o comprimento de vagem. Nenhum relato foi encontrado na literatura para o número de genes controlando o número de grãos por vagem. Segundo Ramalho et al. (2012b), a existência de um número muito grande de genes envolvidos no controle de um caráter dificulta os trabalhos de seleção, pois a segregação na F_2 tende para uma distribuição contínua e há menor probabilidade de se encontrar classes fenotípicas extremas desejadas.

O ganho predito com a seleção de 20% de indivíduos superiores na população F_2 foi de 2,1 cm de comprimento de vagem e 1 grão por vagem para o próximo ciclo. A predição de desempenho da população selecionada em F_3 está estimada para o comprimento médio da vagem de 18 cm e o número médio de grãos por vagem de aproximadamente 10. A baixa herdabilidade do número de grãos por vagem proporcionou um reduzido ganho com a seleção, mas suficiente para obter uma média predita com a seleção superior a média original de F_2 .

As estatísticas e a significância da hipótese de que cada parâmetro é nulo demonstram que, a partir dos modelos completo e reduzido (Tabela 21), os efeitos

da média, os efeitos gênicos aditivo, decorrentes de dominância, e da interação aditivo x aditivo diferem de zero e, portanto, contribuem para o controle genético do comprimento de vagem nessa população de feijão-caupi. Caracteres controlados pelas ações gênicas aditiva e de interação aditiva x aditiva possibilitam o melhoramento através da seleção genealógica ou *pedigree* (RAHMAN; SAAD, 2000), um dos métodos mais usados em melhoramento de feijão-caupi (FREIRE FILHO et al., 2011).

Para o modelo completo, o vetor de valores estimados foi idêntico ao vetor de valores observados ($r = 1$) e, conseqüentemente, a determinação foi total ($R^2 = 100\%$). A presença de epistasia tornou o modelo reduzido menos adequado para a avaliação da variabilidade da população F_2 , o que justifica os valores menores dos coeficientes de correlação e determinação. Silva et al. (2006) relatam magnitudes menores dos mesmos coeficientes para a adequação do modelo aditivo-dominante.

Para o número de grãos por vagem, o efeito da dominância não difere significativamente de zero, corroborando com o baixo valor do grau médio de dominância. Com ausência também de significância para os efeitos epistáticos, o controle do caráter está aparentemente atribuído apenas pelos efeitos da média e pelos efeitos aditivos, de acordo com ambos os modelos utilizados. Por esse motivo, o modelo reduzido teve uma alta adequação para o estudo da variabilidade, pois as médias se correlacionaram com as médias observadas em magnitude de 0,99, o que equivale a uma determinação de 98,7%.

Tabela 21 – Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir dos modelos completo e aditivo-dominante e coeficientes de correlação (r) e de determinação (R^2) entre as médias observadas e estimadas para cada modelo, com base nas médias do comprimento de vagem (COMPV) e do número de grãos por vagem (NGV) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

Efeito ⁽¹⁾	COMPV (cm)						NGV (unid.)					
	Modelo completo			Modelo aditivo-dominante			Modelo completo			Modelo aditivo-dominante		
	Estimativa	S ²	"t"	Estimativa	S ²	"t"	Estimativa	S ²	"t"	Estimativa	S ²	"t"
m	0,1262	1,55 ⁻⁴	10,15 ^{**}	0,159	0,2 ⁻⁵	113,78 ^{**}	6,48	2,47	4,12 ^{**}	8,91	0,047	40,68 ^{**}
a	-0,023	0,2 ⁻⁵	-15,89 ^{**}	-0,024	0,2 ⁻⁵	-16,8 ^{**}	-3,23	0,057	-13,46 ^{**}	-3,24	0,051	-14,33 ^{**}
d	0,089	12,79 ⁻⁴	2,49 [*]	0,022	0,9 ⁻⁵	7,53 ^{**}	6,70	20,92	1,46 ^{ns}	0,18	0,204	0,40 ^{ns}
aa	0,036	1,52 ⁻⁴	2,93 ^{**}	-	-	-	2,48	2,41	1,59 ^{ns}	-	-	-
ad	-0,011	1,37 ⁻⁴	-1,008 ^{ns}	-	-	-	-0,53	2,33	-0,35 ^{ns}	-	-	-
dd	-0,019	5,88 ⁻⁴	-0,79 ^{ns}	-	-	-	-3,81	9,89	-1,21 ^{ns}	-	-	-
	r (média observada e média estimada) = 1 R ² (%) = 100			r (média observada e média estimada) = 0,96 R ² (%) = 92,51			r (média observada e média estimada) = 1 R ² (%) = 100			r (média observada e média estimada) = 0,99 R ² (%) = 98,7		

⁽¹⁾m, média das plantas de F_2 ; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditivo x aditivo; ad, medida das interações gênicas aditivo x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante.

^{ns} Não significativo; * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

A contribuição relativa dos efeitos em termos de variação pode ser verificado pela decomposição ortogonal da soma de quadrados de parâmetros, obtidas das somas de quadrados ajustadas através do método de eliminação de Gauss (Tabela 22). A medida R^2 demonstra que o efeito da média e o efeito gênico aditivo são os mais importantes para a determinação tanto do comprimento da vagem quanto do número de grãos por vagem. Pelo modelo completo, observa-se que os efeitos da epistasia aditivo x aditivo e da dominância contribuem em menores proporções para a variação total observada para o comprimento da vagem, embora tenham sido significativos pelo teste t.

Tabela 22 – Análise de variância mostrando a decomposição não ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd / m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do comprimento de vagem (COMPV) e do número de grãos por vagem (NGV) obtidas a partir de plantas em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146).

F. V.	COMPV (cm)				NGV (unid.)			
	Modelo completo		Modelo aditivo-dominante		Modelo completo		Modelo aditivo-dominante	
	S. Q.	R^2 (%)	S. Q.	R^2 (%)	S. Q.	R^2 (%)	S. Q.	R^2 (%)
m	103,061	27,68	12946,76	97,44	17,00	8,31	1655,43	88,9
a	252,71	67,88	282,276	2,12	181,36	88,61	205,50	11,02
d	6,24	1,68	56,83	0,42	2,14	1,05	0,1613	0,08
aa	8,62	2,32	-	-	2,55	1,25	-	-
ad	1,01	0,27	-	-	0,12	0,06	-	-
dd	0,62	0,17	-	-	1,47	0,72	-	-
Total	372,3	100	13285,87	100	204,66	100	1861,09	100

⁽¹⁾m, média das plantas de F_2 ; a, medida do efeito gênico aditivo; d, medida dos desvios de dominância; aa, medida das interações gênicas aditivo x aditivo; ad, medida das interações gênicas aditivo x dominante; dd, medida das interações gênicas dominante x dominante.

Umaharan, Ariyanayagam e Haque (1997) e Silva et al. (2006) encontraram significâncias para os efeitos gênicos aditivos e de dominância no controle genético do comprimento da vagem em feijão-caupi, tendo os efeitos aditivos maior contribuição na herança. Por outro lado, Rashwan (2010) obteve análise significativa para a existência de todos os tipos epistáticos, além dos efeitos aditivos e de dominância, para o comprimento da vagem e o número de grãos por vagem em populações de dois cruzamentos de feijão-caupi. Um estudo de herança em oito populações de feijão-caupi também relata o envolvimento de ações gênicas aditivas, de dominância e epistáticas no controle genético do número de grãos por vagem (DRABO et al., 1985).

Em feijão comum, um estudo com populações de cruzamentos dialelos mostra a presença de dominância parcial e de ação gênica aditiva no controle do número de grãos por vagem (MULUGETA; HUSSEIN; HABTAMU, 2013). Rahman e Saad (2000), ao estudar quatro populações de cruzamentos em *V. sesquipedalis*, encontraram significância para os efeitos gênicos aditivo, de dominância e das interações aditivo x aditivo e aditivo x dominante para o comprimento da vagem. Os mesmos autores relatam a presença apenas dos efeitos gênicos de dominância e dos epistáticos aditivo x aditivo e dominante x dominante para número de grãos por vagem, havendo variação de resultados entre cruzamentos para ambos os caracteres.

Divergência de resultados e conclusões de autores na literatura podem estar atribuídas as diferenças nos materiais genéticos ou nos tipos de metodologias amostrais ou estatísticas utilizadas. Drabo et al. (1985) advertem sobre a necessidade de cautela ao predizer o comportamento de uma série de cruzamentos com base no desempenho de outros, mesmo para os mesmos caracteres na mesma espécie.

Como os efeitos aditivos foram significativos e predominantes na população de feijão-caupi estudada, os ganhos preditos com a seleção para o comprimento da vagem e o número de grãos por vagem poderão ser alcançados.

Cultivares de feijão-caupi com vagens grandes e muitos grãos são importantes para a produtividade e favorecem a colheita manual. Para o sistema mecanizado, vagens pequenas e menor número de grãos são preferíveis, pois reduzem a possibilidade de quebra e perdas (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017). Há variabilidade suficiente na população para ambos os sentidos de seleção.

4.5 Correlações genéticas entre caracteres

No cruzamento 1, correlação genotípica positiva foi observada para o tipo de porte com o valor de cultivo e a maioria dos componentes da produtividade: número de vagens por planta, comprimento de vagem, número de grãos por vagem, e a produtividade (Tabela 23).

Tabela 23 – Estimativa de correlação genotípica entre os caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturação (NDM), tipo de porte da planta (TP) e valor de cultivo (VC), número de vagens por planta (NVP), índice de grãos (IG), peso de 100 grãos (P100G), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), produtividade de grãos (PROD), obtida a partir da avaliação de dez populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15) e do cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146). Teresina, PI, 2018.

Cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15)									
Caráter	NDM	TP	VC	NVP	IG	P100G	COMPV	NGV	PROD
NDIF	0,1085	-0,1801	-0,0448	-0,5109	-0,4439	0,3598	0,3529	-0,0757	-0,3242
NDM	-	0,2811	0,2672	-0,1427	-0,4979	0,3819	0,0970	-0,1684	-0,0232
TP		-	0,7678	0,5898	0,2156	0,2019	0,6368	0,6805	0,6557
VC			-	0,6041	-0,2531	0,3596	0,4058	0,2060	0,6785
NVP				-	0,2576	0,1360	0,4466	0,5064	0,9560
IG					-	-0,4914	0,1084	0,6196	0,1394
P100G						-	0,5249	-0,0302	0,3759
COMPV							-	0,7784	0,6257
NGV								-	0,5528
Cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146)									
Caráter	NDM	TP	VC	NVP	IG	P100G	COMPV	NGV	PROD
NDIF	0,7458	0,8691	0,2995	0,3769	-0,6255	-0,5699	0,7949	0,5836	0,6867
NDM	-	0,6157	0,4773	0,0419	-0,4550	-0,7183	0,8193	0,8004	0,4875
TP		-	0,5185	0,2399	-0,7406	-0,3917	0,8973	0,5542	0,7127
VC			-	0,1093	-0,3654	0,0304	0,5396	0,2689	0,5280
NVP				-	-0,0854	0,0554	0,0253	-0,0766	0,7687
IG					-	0,1721	-0,6098	-0,2313	-0,3961
P100G						-	-0,6663	-0,9082	-0,2030
COMPV							-	0,8287	0,5883
NGV								-	0,3866

Assim, quanto mais prostrada for a planta, maior o seu valor de cultivo e maior a sua produtividade. O melhoramento visando simultaneamente os tipos de portes eretos e semi-eretos e alta produtividade e valor de cultivo pode ser uma dificuldade nesta população, derivada do Cruzamento 1.

Alta correlação genética positiva também foi reportada no estudo de Andrade et al. (2010) para o tipo de porte com o valor de cultivo e o número de grãos por vagem. Por outro lado, Oliveira et al. (2017) relataram correlação negativa próxima à unidade entre o tipo de porte e o valor de cultivo.

Para o cruzamento 2, o tipo de porte apresentou correlação positiva com os caracteres comprimento de vagem, produtividade, número de dias para o início da floração e da maturação, mas foi negativamente correlacionado com o índice de grãos. Portanto, a seleção de plantas eretas implicará na obtenção de menores comprimentos de vagens, produtividade e período reprodutivo, no entanto, com maior percentagem de grãos nas vagens. Essa situação pode ser favorável para o melhoramento voltado para o sistema de lavoura empresarial, pois porte ereto, precocidade e vagens menores facilitam a colheita mecanizada, com menores chances de quebra de vagens e, conseqüentemente, menores perdas na colheita (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017).

O número de dias para o início da floração e da maturação apresentaram correlação genética positiva com o tipo de porte, o comprimento de vagem e o número de grãos por vagem e correlação negativa com o peso de 100 grãos, no cruzamento 2. O número de dias para o início da floração apresentou, ainda, correlação negativa com o índice de grãos e positiva com a produtividade. Dessa forma, a seleção de plantas precoces nessa população pode resultar em portes mais eretos, menores comprimentos de vagens, número de grãos por vagem e produtividade, maiores tamanhos de grãos e percentagem destes na vagem.

Significativa correlação positiva entre o início da floração e da maturação foi reportada por Correa et al. (2015), Aliyu e Makinde (2016) e Oliveira et al. (2017), como observado no cruzamento 2. Silva et al. (2014) também obteve correlação positiva entre o número de dias para o início da floração e o número de grãos por vagem, mas a correlação do caráter com a produtividade foi negativa. Oliveira et al. (2017) encontrou correlação positiva do mesmo caráter com o comprimento de vagem, conforme a população do cruzamento 2.

Para o cruzamento 1, a correlação de maior magnitude foi apresentada entre o número de vagens por planta e a produtividade. A correlação alta e positiva entre esses caracteres em ambos os cruzamentos é uma confirmação de que o número de vagens por planta é de grande relevância para a produtividade (ALIYU; MAKINDE, 2016; ROCHA et al., 2003). Ambos os caracteres tiveram correlação positiva com o valor de cultivo nesse cruzamento, indicando que são importantes para o cultivo comercial, conforme os estudos de Lopes et al. (2001) e Rocha et al. (2003).

Para o cruzamento 2, a correlação de maior magnitude foi apresentada entre o peso de 100 grãos e o número de grãos por vagem. A correlação alta e negativa indica que o aumento do tamanho dos grãos neste cruzamento levará a uma diminuição do número de grãos por vagem. O mesmo resultado foi obtido por Teixeira et al. (2017), enquanto Correa et al. (2015) encontraram alta correlação positiva entre ambos os caracteres.

O comprimento de vagem apresentou alta correlação genética com o número de grãos por vagem e a produtividade em ambos os cruzamentos, sendo possível obter ganhos simultâneos com a seleção desses caracteres. No entanto, no cruzamento 2, o comprimento de vagens apresentou correlação negativa com o índice de grãos e o peso de 100 grãos. Portanto, para este cruzamento, a seleção para o aumento do comprimento de vagem levará a uma diminuição do índice de grãos e do tamanho de grãos.

Alta correlação positiva entre o comprimento de vagem e o número de grãos por vagem é comumente encontrada na literatura (ANDRADE et al., 2010; CORREA et al., 2012; LOPES et al., 2001; ROCHA et al., 2003; TEIXEIRA et al., 2007).

5 CONCLUSÕES

O cruzamento 2 (MNC05-828C-1-9-1 x MNC04-792F-146) apresentou maior variabilidade do que o cruzamento 1 (BRS Xiquexique x MNC01-631F-15), indicando maior probabilidade de sucesso com a seleção dos caracteres estudados.

Alta proporção do componente genético na expressão da maiorias dos caracteres estudados, juntamente com uma maior variação genética aditiva, permite a seleção e fixação de combinações genotípicas superiores em gerações avançadas de endogamia.

É possível obter ganhos genéticos satisfatórios com a seleção em ambos os cruzamentos, desde que realizada concomitantemente dentro e entre populações.

Não há evidências de efeito materno envolvido no controle dos caracteres estudados.

Os caracteres estudados apresentam predominância de ação gênica aditiva no controle genético, com a presença de contribuições menores de epistasia e/ou ação gênica de dominância em alguns caracteres, com possibilidade de seleção e ganhos no melhoramento desses caracteres.

O número de genes que controlam os caracteres número de dias para floração e maturação, comprimento da vagem, tamanho de grão e número de grãos por vagem indica controle oligo e poligênico, evidenciando maior facilidade de identificação de genótipos favoráveis para precocidade e comprimento da vagem e maior dificuldade para o tamanho do grão e o número de grãos por vagem.

O melhoramento para aumento da produtividade via componentes de produção e precocidade será mais fácil no cruzamento 1, enquanto será mais difícil obter genótipos superiores em tamanho de grão e produtividade no cruzamento 2 e de portes mais eretos e produtivos em ambos os cruzamentos.

REFERÊNCIAS

- ADEYANJU, A. O.; ISHIYAKU, M. F. Genetic study of earliness in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) under screen house condition. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 1, n. 1, p. 34-37, 2007.
- ALIDU, M. S.; ATOKPLE, I. D. K.; AKROMAH, R. Genetic analysis of vegetative-stage drought tolerance in cowpea. **Greener Journal of Agricultural Sciences**, v. 3, n. 6, p. 476-491, 2013.
- ALIYU, O. M.; MAKINDE, B. O. Phenotypic Analysis of Seed Yield and Yield Components in Cowpea (*Vigna unguiculata* L., Walp). **Plant Breeding and Biotechnology**, v. 4, n. 2, p. 252-261, 2016.
- ANDRADE, F. N. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi avaliados para feijão fresco. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 2, p. 253-258, 2010.
- ANITHA, K. R. *et al.* Heterosis for yield and it's components in fodder cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v.7, n. 4, p.1208-1215, 2016.
- ARYEETAY, A.N.; LAING, E. Inheritance of yield components and their correlation with yield in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Euphytica**, v. 22, p. 386-392, 1973.
- BARROS, F. R. *et al.* Potencial genético de progênies de feijão-caupi segregantes quanto ao tipo da inflorescência. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 2, p. 1-8, 2011.
- BORÉM, A.E.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6 ed. Viçosa: UFV, 2013. 523p.
- BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. 1ed. Lavras: UFLA, 2001.
- CARVALHO, A. F. U. *et al.* Nutritional ranking of 30 Brazilian genotypes of cowpeas including determination of antioxidant capacity and vitamins. **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 26, p. 81–88, 2012.
- CAVALLI, L L. An analysis of linkage in quantitative inheritance. *In*: REEVE, E. C. R.; WADDINGTON, C. H. (ed.). **Quantitative inheritance**, London: H.M.S.O., 1952.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 6 - Safra 2018/19 - Terceiro levantamento, Brasília, p. 1-127, dezembro 2018. Disponível em: https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/23598_6182ac5cbf10056d7dab7e70abd899d3. Acesso em: 10 dez. 2018

CORREA, A. M. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. **Revista Ceres**, v. 59, n.1, p. 88-94, 2012.

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

COSTA, M. M. **Potencial genético de populações segregantes para o teor de ferro e caracteres agronômicos em feijão-caupi**. 2013. 80 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2013.

CRUZ, C. D. GENES: software para análise de dados em estatística experimental e em genética quantitativa. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

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

DRABO, I. *et al.* Inheritance of seed size and number per pod in cowpeas (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Field Crops Research**, v. 11, p. 335-344, 1985.

EGBADZOR, K. F. *et al.* Genetic control of seed size in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **International Journal of Agriculture Sciences**, v. 5, n. 2, p. 367-371, 2013.

FATOKUN, C.A. *et al.* (ed). **Challenges and opportunities for enhancing sustainable cowpea production**. Ibadan: IITA, 2002. 433p.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. FAOSTAT. **Crops. Cow peas, dry**. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 10 dez. 2018.

FREIRE FILHO, F. R. *et al.* Melhoramento genético de caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) na região Nordeste. *In*: QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido; Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999.

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

FREIRE FILHO, F. R. *et al.* BRS Xiquexique: cultivar de feijão-caupi rica em ferro e zinco. Teresina, PI: Embrapa Meio-Norte, 2008. 4p. (**Embrapa Meio-Norte. Comunicado Técnico**, 209).

FREIRE FILHO, F. R. **Feijão-caupi: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Teresina, PI: Embrapa Meio-Norte, 2011. 84p.

FREIRE FILHO, F. R. *et al.* **Cruzamentos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] realizados na Embrapa Meio-Norte, no período de 1982 a 2012.** Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2014. 119p.

GALE, J. G.; MATHER, K.; JINKS, J. L. Joint scaling tests. **Heredity**, v. 38, p. 47-51, 1977.

GONÇALVES, A. *et al.* Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.), a renewed multipurpose crop for a more sustainable agri-food system: nutritional advantages and constraints. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 96, p. 2941–2951, 2016.

GUERRA, J. V. S. *et al.* Agronomic performance of erect and semi-erect cowpea genotypes in the North of Minas Gerais, Brazil. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 679-686, 2017.

HAYMAN, B.I. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means. **Heredity**, v. 12, p. 371-390, 1958.

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. **Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa.** Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/>. Acesso em: 15 mar. 2019.

ISHIYAKU, M.F.; SINGH, B.B.; CRAUFURD, P.Q. Inheritance of time to flowering in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Euphytica**, v. 142, p. 291-300, 2005.

JINKS, J. L.; JONES, R. M. Estimation of the components of heterosis. **Genetics**, v. 43, p. 223-234, 1958.

LACHYAN, T. S.; DESAI, S. S.; DALVI, V. V. Inheritance study of qualitative and quantitative characters in cowpea varieties (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 7, n. 3, p. 708-713, 2016.

LELEJI, O. I. Inheritance of three agronomic characters in cowpea (*Vigna unguiculata* L.). **Euphytica**, v. 24, p. 371-378, 1975.

LOPES, A. C. A. *et al.* Variabilidade e correlações entre caracteres agrônômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 3, p. 515-520, 2001.

LOPES, F. C. C.; GOMES, R. L. F. FREIRE FILHO, F. R. Genetic control of cowpea seed sizes. **Scientia Agricola**, v. 60, n. 2, p. 315-318, 2003.

MANGGOEL, W.; UGURU, M.I. Evidence of Maternal Effect on the Inheritance of Flowering Time in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 6, n. 1, p. 1-16, 2012.

MARIGUELE, K. H. *et al.* Controle genético da qualidade da vagem em cruzamento de feijão-vagem e feijão-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 1, p. 47-52, 2008.

MATHER, R. K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**: the study of continuous variation. New York: Cornell University Press, 1974. 382p.

MATOS FILHO, C. H. A. *et al.* Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, v. 39, n. 2, p. 348-354, 2009.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO – MAPA. **Agrostat – Estatísticas do comércio exterior do agronegócio brasileiro**. Disponível em: <http://indicadores.agricultura.gov.br/index.htm>. Acesso em: 22 dez. 2018.

MONTEIRO, P. O. *et al.* Potencial genético de um cruzamento de feijão-caupi para as concentrações de proteínas, ferro e zinco no grão. *In*: REUNIÃO DE BIOFORTIFICAÇÃO NO BRASIL, 5., 2015. São Paulo. **Anais [...]**. Brasília: Embrapa Agroindústria de Alimentos, 2015. p. 154-156.

MORETI, D. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de caracteres juvenis em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, p. 1099-1109, 1994.

MOURA, J. O. *et al.* Efeito materno na expressão dos teores de proteína, ferro e zinco no grão de feijão-caupi. *In*: REUNIÃO DE BIOFORTIFICAÇÃO NO BRASIL, 4., 2011. Teresina. Palestras e resumos: **Anais [...]**. Rio de Janeiro: Embrapa Agroindústria de Alimentos; Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2011. 1 CD-ROM.

MULUGETA, A. T.; HUSSEIN, M. A.; HABTAMU, Z. Inheritance of primary yield component traits of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.): number of seeds per pod and 1000 seed weight in an 8x8 diallel cross population. **International Scholarly and Scientific Research & Innovation**, v. 7, n. 1, p. 84-88, 2013.

NUNES, E. D. *et al.* Hibridação artificial em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* Walp) em diferentes cultivares. *In*: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 18., 2010, Jequié. Genética, biodiversidade e conservação. Jequié: UESB: Sociedade Brasileira de Genética, 2010. **Anais [...]**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2010. Embrapa Semiárido (CPATSA).

NUTTI, M. R. *et al.* Biofortificação de feijão-caupi no Brasil. *In*: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 2., 2009, Belém, PA. Da agricultura de subsistência ao agronegócio: **anais**. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2009. p. 26-38.

OLAJIDE, A.A.; ILORI, C.O. Estimation of heterosis for some important quantitative traits in cowpea under drought stress. **Crop Science**, v. 56, n. 6, p. 3024-3030, 2016.

OLIVEIRA, D. G. *et al.* Genotypic gain with simultaneous selection of production, nutrition, and culinary traits in cowpea crosses and backcrosses using mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-11, 2017.

OWUSU, E. Y. *et al.* Inheritance of early maturity in some cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes under rain fed conditions in Northern Ghana. **Advances in Agriculture**, v. 2018, p. 1-10, 2018.

PATHAK, A. R.; NAIK, M. R.; JOSHI, H. K. Heterosis, inbreeding depression and heritability for yield and yield components in cowpea. **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 8, n. 1, p. 72-77, 2017.

PETHE, U. B. *et al.* Heterosis for yield and yield related traits in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, v. 6, n. 6, p. 1247-1249, 2017.

PIERCE, B. A. **Genética - um enfoque conceitual**, 3ed. Guanabara Koogan, 2011, 774p.

POSSOBOM, M. T. D. F. *et al.* Genetic control of iron concentration in Mesoamerican and Andean common bean seeds. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 5, p. 383-391, 2015.

PÚBLIO JÚNIOR, E. *et al.* Características agronômicas de genótipos de feijão-caupi cultivados no sudoeste da Bahia. **Científica**, v. 45, n. 3, p. 223-230, 2017.

RASHMAN, M.A.; SAAD, M.S. Estimation of additive, dominance and digenic epistatic interaction effects for certain yield character in *Vigna sesquipedalis* Fruw. **Euphytica**, v. 114, p. 61-66, 2000.

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

RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Genética na agropecuária**. 5ed. Lavras, MG: UFLA, 2012b. 472 p.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3.ed. Lavras: UFLA, 2012. 305p.

RANGEL, P. H. N. *et al.* Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 8, p. 1595-1604, 2000.

RASHWAN, A. M. A. Estimation of some genetic parameters using six populations of two cowpea hybrids. **Asian Journal of Crop Science**, v. 2, n. 4, p. 261-267, 2010.

RÊGO, M. S. C. *et al.* Avaliação de métodos de cruzamentos artificiais em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 1.; REUNIÃO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 6., 2006, Teresina. **Tecnologias para o agronegócio**: anais. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2006. 1 CD-ROM. (Embrapa Meio-Norte. Documentos, 121).

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.

- RIBEIRO, H. L. C.; BOITEUX, L. S.; SANTOS, C. A. F. Genetic parameters of earliness and plant architecture traits suitable for mechanical harvesting of cowpea (*Vigna unguiculata*). **Australian Journal of Crop Science**, v. 8, n. 8, p. 1232-1238, 2014.
- ROCHA, M. M. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de caupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural**, v. 8, n. 1, p. 135-141, 2003.
- ROCHA, M. M. *et al.* Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 3, p. 270-275, 2009.
- ROCHA, M. M. *et al.* Melhoramento genético do feijão-caupi no Brasil. *In*: JORNADA TECNOLÓGICA INTERNACIONAL SOBRE EL FRÍJOL CAUPÍ, 1., 2013, Montería, Colômbia. [Memórias...]. Montería, Colômbia: Universidade de Córdoba, 2013. 1 CD-ROM. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/94200/1/FRIJOL-CAUPI-BRASIL.pdf>. Acesso em: 22 dez. 2018.
- ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; MENEZES-JÚNIOR, J. A. N. Cultivares. *In*: DOVALE, J. C.; BERTINI, C.; BORÉM, A. (ed). **Feijão-caupi: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2017. p. 111-142.
- RODRIGUES, E. V. *et al.* Diallel analysis of tolerance to drought in cowpea genotypes. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 1, p. 40-47, 2018.
- SANTOS, C.A.F. *et al.* Herdabilidades e estimativas do número mínimo de genes para os caracteres comprimento da haste principal e dias para floração em três cruzamentos de feijão-caupi. *In*: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 45., 2005, Embrapa, Fortaleza-CE. **Anais [...]**. Fortaleza: Embrapa: UFC, 2005. 1 CD-ROM.
- SANTOS, C. A. F. *et al.* Genetic Analysis of Total Seed Protein Content in Two Cowpea Crosses. **Crop Science**, v. 52, p. 2501-2506, 2012.
- SANTOS, J. B.; VENCOVSKV, O. Controle genético do início do florescimento em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 20, n. 7, p. 841-845, 1985.
- SANTOS, J. F. Produtividade de cultivares de feijão-caupi no Agreste Paraibano. **Tecnologia e Ciência Agropecuária**, v. 7, n. 4, p. 31-36, 2013.
- SILVA, A. C. *et al.* Estimativa de parâmetros genéticos em *Vigna unguiculata*. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 37, n. 4, p. 399-407, 2014.
- SILVA, E. M. *et al.* Controle genético do comprimento da vagem em feijão-caupi. *In*: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 1.; REUNIÃO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 6., 2006, Teresina. Tecnologias para o agronegócio: **Anais [...]**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2006. 1 CD-ROM.

SILVA, J. D. L. *et al.* Selection for the development of black eye cowpea lines. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 1, p. 72-79, 2018.

TAN, W. Y. The approximate overall test for epistatic effects in biometrical genetics. **Biometrics**, v. 30, p. 697-703, 1974.

TCHIAGAM, J. N. *et al.* Genetic analysis of seed proteins contents in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **African Journal of Biotechnology**, v. 10, n. 16, p. 3077-3086, 2011.

TEIXEIRA, N. J. P. *et al.* 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.

UMAHARAN, P.; ARIYANAYAGAM, R.P.; HAQUE, S.Q. Genetic nature of some pod quality characteristics in vegetable cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] **Tropical Agriculture**, v. 74, p. 277-284, 1997.