



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO
MESTRADO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO**

WALTER FRAZÃO LELIS DE ARAGÃO

**POTENCIAL AGRONÔMICO E COMERCIAL DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI
DE INFLORESCÊNCIA COMPOSTA**

Orientador:
Prof. Dr. Maurisrael de Moura Rocha

Teresina
2021

WALTER FRAZÃO LELIS DE ARAGÃO

**POTENCIAL AGRONÔMICO E COMERCIAL DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI
DE INFLORESCÊNCIA COMPOSTA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento – PPGM da Universidade Federal do Piauí – UFPI, na área de concentração Genética e Melhoramento, como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. Maurisrael de Moura Rocha

**Teresina
2021**

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias
Serviço de Processos Técnicos

A659p Aragão, Walter Frazão Lelis de
Potencial agrônômico e comercial de linhagens de feijão-caupi de
inflorescência composta. / Walter Frazão Lelis de Aragão. -- 2021.
104 f.: il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Centro
de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento, Teresina, 2021.

“Orientador: Prof. Dr. Maurisrael de Moura Rocha”

1. *Vigna unguiculata* 2. Pedúnculo ramificado 3. Modelos mistos 4.
Qualidade comercial 5. Seleção simultânea I. Rocha, Maurisrael de
Moura II. Título.

CDD 635.659 2

WALTER FRAZÃO LELIS DE ARAGÃO

**POTENCIAL AGRONÔMICO E COMERCIAL DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI
DE INFLORESCÊNCIA COMPOSTA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, da Universidade Federal do Piauí, como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências.

Área de concentração: Genética e Melhoramento.

Linha de Pesquisa: Genética quantitativa

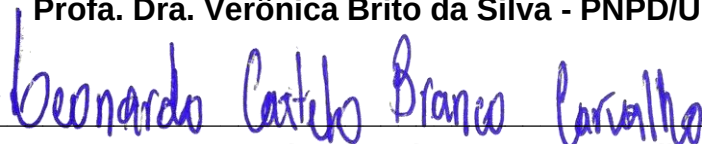
Orientador: Prof. Dr. Maurisrael de Moura Rocha.

Aprovada em 31 de agosto de 2021.

BANCA EXAMINADORA:



Profa. Dra. Verônica Brito da Silva - PNPD/UFPI



Prof. Dr. Leonardo Castelo Branco Carvalho - UFRA



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

**Teresina
2021**

A meus pais, Wilson Pires de Aragão e Maria Francisca Frazão de Aragão, e ao meu irmão Victor Frazão Lelis de Aragão, portodo amor, compreensão e amizade.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por todas as conquistas ao longo da minha vida acadêmica e pessoal;
À Universidade Federal do Piauí - UFPI, pela oportunidade de cursar o mestrado em Genética e Melhoramento - PPGM/UFPI;

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

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) Meio-Norte, pela infraestrutura disponibilizada para a realização da pesquisa;

Ao meu orientador Dr. Maurisrael de Moura Rocha, pelos ensinamentos e orientação, mesmo sem muito tempo disponível para realizá-la, apresentando-se como uma pessoa extremamente compreensível;

Aos professores da Pós-Graduação, pelos ensinamentos, trocas e conhecimentos construídos ao longo do mestrado. Em especial à Dra. Regina Lúcia Ferreira Gomes, Dra. Lidiane de Lima Feitoza e Dra. Verônica Brito da Silva, que acompanharam parte da minha caminhada ainda na graduação;

À equipe do Programa de Melhoramento Genético do Feijão-Caupi da Embrapa Meio-Norte, em Teresina. Em especial ao Manoel Gonçalves da Silva (Sr. Manoel) e todos os outros, pela ajuda durante a execução da pesquisa neste período de pandemia;

A minha mãe Maria Francisca Frazão de Aragão e meu pai Wilson Pires de Aragão, por sempre estarem ao meu lado, apoiando e me incentivando;

Ao meu irmão Victor Frazão Lelis de Aragão pelo companheirismo e conselhos;

Aos meus amigos Maurício dos Santos Araújo e Samíria Pinheiro dos Santos, pelos ensinamentos, conversas, momentos de descontração e muita cumplicidade ao longo da nossa caminhada acadêmica;

Aos amigos da Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PPGM) e pelos saberes compartilhados durante todo o percurso;

A todos que, de alguma forma, estiveram presente nessa conquista.

RESUMO

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma leguminosa de grande importância agrônômica e nutricional para países da África, Ásia, América Latina e os Estados Unidos. No Brasil, a cultura possui grande importância, principalmente nas regiões Norte e Nordeste, predominando seu cultivo e consumo. A seleção de genótipos superiores baseados em múltiplos caracteres de interesse econômico como a inflorescência composta é o que se tem buscado no melhoramento genético do feijão-caupi. Portanto, o presente estudo teve como objetivo selecionar linhagens de inflorescência composta, precoces, de porte ereto e alta produtividade, mas com alta qualidade comercial do grão. Foram avaliados 69 genótipos, compreendendo linhagens (65) e testemunhas (4) em dois ensaios intermediários do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, correspondendo a dois cruzamentos envolvendo quatro parentais. Os ensaios foram conduzidos simultaneamente no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, em Teresina-PI, no ano de 2021, em delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições. Os caracteres avaliados foram: número de dias para a floração (IF), tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), acamamento (ACAM), comprimento de vagem (COMPV), qualidade comercial do grão (QCG), número de grãos por vagem (NGV), peso de cem grãos (P100G), índice de grãos (IG), produtividade de grãos (PROD). Por meio do software Selegen foram realizadas análises de deviance pela abordagem REML/BLUP e estimados os valores e parâmetros genéticos (modelo 96); para realização da seleção simultânea adotou-se o índice de soma de ranks (modelo 101) e as correlações genéticas de Pearson foram obtidas pelo software R. Observou-se diferença estatística por meio do teste de razão verossimilhança para os genótipos avaliados. O tamanho do grão (P100G) apresentou elevada correlação com a QCG, possibilitando a obtenção de ganhos genéticos simultâneos para esses dois caracteres por meio de seleção indireta. Nos cruzamentos 1 (MNC04-795F-168 x MNC11-1076-131-1-22) e 2 (MNC05-828C-3-15 x MNC11-1076B-91-1-25), as linhagens C1 (G7, G12, G25, G11, G31, G26, G24, G15, G4, G9, G5, G1, G18 e G28) e C2 (G6, G8, G24, G15, G17, G12, G30, G11, G14, G3, G31, G13, G5 e G28) apresentam os valores mínimos aceitáveis para as características alvo da seleção, constituindo-se em candidatas para compor o próximo ensaio de rendimento no processo de melhoramento genético de plantas de feijão-caupi com inflorescência composta. O índice de soma de ranks permitiu maior sucesso no processo de seleção para obtenção de indivíduos superiores que englobem simultaneamente características agrônômicas e comerciais de interesse.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*. Pedúnculo ramificado. Modelos mistos. Qualidade comercial. Seleção simultânea.

ABSTRACT

Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] is a legume of great agronomic and nutritional importance for countries in Africa, Asia, Latin America and the United States. In Brazil, culture is of great importance, especially in the North and Northeast regions, with its cultivation and consumption predominating. The selection of superior genotypes based on multiple traits of economic interest such as composite inflorescences is what has been sought in the genetic improvement of cowpea. Therefore, the present study aimed to select precocious compound inflorescence lines, with erect size and high productivity, but with high commercial quality of the grain. A total of 69 genotypes, comprising lines (65) and controls (4), were evaluated in two intermediate trials of the Embrapa Meio-Norte cowpea breeding program, corresponding to two crosses involving four parents. The tests were carried out simultaneously in the experimental field of Embrapa Meio-Norte, in Teresina-PI, in the year 2021, in a randomized block design, with two replications. The traits evaluated were number of days to flowering (IF), type of size (TP), cultivation value (VC), lodging (ACAM), pod length (COMPV), commercial quality of the grain (QCG), number of grains per pod (NGV), weight of one hundred grains (P100G), grain index (GI), grain yield (PROD). Using the Selegen software, deviance analyzes were performed using the REML/BLUP approach, and genetic values and parameters were estimated (model 96); to perform the simultaneous selection, the rank sum index was adopted (model 101) and the Pearson genetic correlations were obtained by the R software. A statistical difference was observed using the likelihood ratio test for the genotypes evaluated. Grain size (P100G) showed a high correlation with QCG, enabling the achievement of simultaneous genetic gains for these two characters through indirect selection. In crosses 1 (MNC04-795F-168 x MNC11-1076-131-1-22) and 2 (MNC05-828C-3-15 x MNC11-1076B-91-1-25), the C1 lines (G7, G12, G25, G11, G31, G26, G24, G15, G4, G9, G5, G1, G18 and G28) and C2 (G6, G8, G24, G15, G17, G12, G30, G11, G14, G3, G31, G13, G5 and G28) present the minimum acceptable values for the target traits of the selection, constituting candidates to compose the next yield trial in the genetic improvement process of cowpea plants with composite inflorescence. The rank sum index allowed greater success in the selection process to obtain superior individuals that encompass simultaneously agronomic and commercial characteristics of interest.

Keywords: *Vigna unguiculata*. Branched peduncle. Mixed models. Commercial quality. Simultaneous selection.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	10
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
2.1 Feijão-Caupi	13
2.1.1 Classificação Botânica, Origem e Biologia	13
2.1.2 Importância Socioeconômica	15
2.1.3 Genética do porte da planta	17
2.1.4 Melhoramento genético para arquitetura da planta	20
2.1.5 Qualidade comercial do grão	22
2.1.6 Inflorescência composta em leguminosas	27
2.1.7 Inflorescência composta em feijão-caupi	32
2.1.8 Modelos mistos - REML/BLUP	35
2.1.9 Seleção simultânea via índice de soma de ranks (Mulamba & Mock)	37
3. MATERIAL E MÉTODOS	39
3.1 Material Genético	39
3.2 Caracterização Experimental	41
3.3 Implantação e Condução dos Ensaios	44
3.4 Caracteres avaliados	46
3.5 Análises estatísticas	48
4 RESULTADO E DISCUSSÃO	51
4.1 Análises de Deviance individuais nos experimentos	51
4.2 Parâmetros genéticos nos cruzamentos C1 e C2	54
4.3 Seleção de linhagens superiores via BLUPs individuais	65
4.4 Seleção simultânea via Índice de Soma de Postos ou Ranks de Mulamba & Mock (1978)	83
5 CONCLUSÕES	92
6 REFERÊNCIAS	93

1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.) é uma leguminosa bem adaptada as regiões secas do globo e áreas marginais dos trópicos e subtropicais (SINGH *et al.*, 2002), possuindo grande importância socioeconômica nestas regiões, por produzir bem em solos com fertilidade baixa, precipitação média anual reduzida e gerar emprego e renda para as comunidades carentes presentes nestas condições (ROCHA *et al.*, 2013).

Em 2019, mais de 90% da produção mundial de grãos secos da cultura foram advindos do continente africano, maior contribuidor, produzindo 8,6 milhões de toneladas das 8,9 milhões obtidas no mundo, a qual foi colhida em uma área de 14,45 milhões de hectares alcançando a produtividade média de 616 kg ha⁻¹ (FAOSTAT, 2019). O Brasil não foi incluso nestas estimativas, no entanto, foi ranqueado como 4º maior produtor de grãos neste período, segundo dados fornecidos pela CONAB (2019).

No Brasil, o feijão-caupi é cultivado principalmente nas regiões Norte e Nordeste. Destaca-se nestas regiões pela contribuição relevante na renda da população através da comercialização de diversas cultivares até então lançadas no mercado (ROCHA *et al.*, 2017a). É o segundo tipo de feijão mais consumido no país, porém, a produtividade nacional é inferior ao feijão-comum; devido às condições edafoclimáticas desfavoráveis e baixo nível tecnológico de manejo da cultura nas regiões Norte e Nordeste que possuem parcela significativa da área plantada (CONAB, 2019). Na região Centro-Oeste, especialmente no estado do Mato Grosso, a produção da cultura vem crescendo, pelo aumento da demanda do mercado consumidor da região Nordeste, potencial para exportação do produto, possibilidade de implementação na rotação de cultura da região e ter plantio viável no período de entressafra (DELMONDES *et al.*, 2017).

Por ser uma espécie consumida principalmente na forma de grão pela população, é válido mencionar que a avaliação da qualidade tecnológica do grão de materiais passíveis de lançamento é tão importante quanto a avaliação do potencial produtivo destes genótipos. Portanto, durante o

processo de lançamento, registro e/ou proteção de uma nova cultivar, alguns parâmetros relacionados a qualidade do grão devem ser definidos (ALMEIDA *et al.*, 2020), dentre eles o tamanho e a cor do grão são determinantes neste processo e podem ser cruciais para a aceitação das cultivares pelos agricultores, público comercial e consumidor em diversas regiões do Brasil e no mundo (FREIRE FILHO, 2011).

Além da melhoria da qualidade comercial de grãos o aumento da produtividade tem sido o foco da maioria dos programas de melhoramento, sendo notável a superioridade de produtividade de diversas culturas leguminosas anuais em que a inserção dos genes responsáveis pela inflorescência composta já ocorreu em relação ao feijão-caupi (CONAB, 2019), como a soja (*Glicine max* (L.) Merrill) (PERINI *et al.*, 2012), o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* (L.)) (MARTINS *et al.*, 2017;) e o grão de bico (*Cicer arietinum* L.) (SAJJA; SAMINENI; GAUR, 2017). A inflorescência composta em feijão-caupi possui herança monogênica recessiva (MACHADO *et al.*, 2007), que facilita a seleção dos indivíduos nas primeiras gerações das populações endogâmicas para o caráter. No Brasil, os materiais lançados apresentam inflorescência predominantemente simples, no entanto, um acesso com pedúnculo cacheado foi coletado em meados da década de 70 na região Nordeste (FREIRE FILHO, 2011). Assim, levanta-se a hipótese de que a introdução do gene que controla a inflorescência composta pode aumentar o patamar de produtividade da cultura.

Posteriormente, cruzamentos e retrocruzamentos entre o genótipo cacheado e cultivares comerciais de inflorescência simples foram inicialmente conduzidos e progênies geradas (BARROS *et al.*, 2011; BERNARDO *et al.*, 2018). No entanto, a qualidade comercial dos grãos gerados nesses cruzamentos ainda é baixa, comparada à qualidade de grão das cultivares de inflorescência simples atualmente no mercado.

Assim como a inflorescência composta, os trabalhos desenvolvidos no Brasil sobre a genética dos outros caracteres ligados a arquitetura da planta indicam possibilidade de sucesso no processo de seleção nas gerações iniciais (SOUSA *et al.*, 2015a; BERNARDO *et al.*, 2018). Possibilitando a

elaboração de genótipos com inflorescência composta e tipo de porte desejável ao cultivo mecanizado nos cerrados brasileiros pelos programas de melhoramento genético de feijão-caupi.

Metodologias específicas a fim de decompor a variação fenotípica em ambiental e genética para um dado caráter vem sendo adotadas pelos melhoristas para alcançar seus objetivos, dentre elas a abordagem da máxima verossimilhança restrita e o melhor preditor não viesado (REML/BLUP) via modelos mistos tem sido frequentemente utilizada para obtenção dos componentes de variância, e através deles, os valores e parâmetros genéticos que são de suma importância para o melhoramento e compreensão da variabilidade genética existente entre os genótipos avaliados (RESENDE, 2016). Auxiliando o melhorista no processo de tomada de decisão para adoção da melhor estratégia de seleção e obtenção de genótipos superiores, seja por meio da seleção direta ou indireta (ANDRADE *et al.*, 2010; CORREA *et al.*, 2012).

Portanto, o presente estudo teve como objetivo selecionar linhagens de inflorescência composta, precoces, de porte ereto, alta produtividade e alta qualidade comercial do grão, representando os ensaios de rendimento intermediários necessários para o desenvolvimento das primeiras cultivares de feijão-caupi com inflorescência composta no Brasil.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Feijão-Caupi

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.) é uma espécie amplamente cultivada em diversas regiões do mundo, devido a sua elevada capacidade de adaptação a climas quentes e secos, consequência da grande variabilidade genética apresentada pela leguminosa que com investimentos modestos aplicados no campo do melhoramento vegetal e genética molecular viabiliza ganhos genéticos expressivos (SIMION, 2018).

No mundo, alguns dos principais nomes recebidos pelo feijão-caupi são: “Niebe”, “wake”, “seub”, “Niao” e “luba hilu” em algumas regiões da África; “lobia” na Índia; “long bean” ou “asparagus bean” na China; “blackeye beans”, “blackeye peas”, “southern peas”, “field peas” e “crowders” na região Sul dos Estados Unidos (NARAYANA; ANGAMUTHU, 2021). No Brasil, o nome vulgar da planta varia com a região de cultivo; no Nordeste é conhecido como feijão-de-corda e feijão-macassar; no Norte, feijão-da-colônia, feijão-de-estrada e feijão-de-praia; e na região Sul, feijão-miúdo (FREIRE FILHO; CARDOSO; ARAÚJO, 1983). Em alguns territórios da Bahia e norte de Minas Gerais o feijão-caupi também é chamado de feijão-catador e feijão-gurutuba (FREIRE-FILHO, 2011).

A elevada capacidade adaptativa desta espécie se deve a utilização de recursos hídricos de forma otimizada em situações de estresse hídrico (FREITAS *et al.*, 2017). Além disso, a baixa exigência de insumos agrícolas, especialmente o nitrogênio que é obtido através da fixação biológica (ADELUSI; AILEME, 2006), a tolerância moderada a estresses abióticos como temperatura elevada e salinidade (NUNES *et al.*, 2019); e resistência a estresses bióticos (KPOVIESSI *et al.*, 2019), são atributos que potencializam a adaptabilidade da cultura.

2.1.1 Classificação Botânica, Origem e Biologia

O Feijão-caupi é uma planta dicotiledônea, diplóide com $2n = 22$ cromossomos (FRAHM-LELIVELD, 1965), pertencente ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, tribo Phaseoleae, sub-tribo Phaseolinae, gênero *Vigna*, Secção Catiang, espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp., subespécie *unguiculata* Verdc., dividida em duas variedades botânicas *Vigna unguiculata unguiculata* var. *unguiculata* (cultivada) e *Vigna unguiculata unguiculata* var. *spontanea* (silvestre) (VERDCOURT, 1970; MARÉCHAL; MASCHERPA; STAINIER, 1978).

Devido a sua expressiva variabilidade, Westphal (1974) reuniu os diferentes tipos da subespécie *unguiculata* em quatro grupos, denominando-os de cultigrupos: Unguiculata, Biflora, Sesquipedalis e Textilis. Pasquet (2020) propôs mais um cultigrupo, o qual foi separado de Unguiculata, trata-se do cultigrupo Melanophthalmus. As cultivares brasileiras utilizadas para produção de grãos secos se enquadram nos cultigrupos Unguiculata (vagens grandes e com muitos grãos; tegumento liso) e Melanophthalmus (vagens pequenas e com poucos grãos; tegumento rugoso). As cultivares utilizadas para o consumo da vagem verde pertencem ao cultigrupo Sesquipedalis (FREIRE FILHO *et al.*, 2017).

Quanto a biologia da planta, *Vigna unguiculata* (L.) Walp é conhecida como um legume, anual, herbáceo, com porte que varia de ereto à prostrado ou trepador, com hábito de crescimento determinado ou indeterminado, raiz axial ou pivotante bem desenvolvida e com os órgãos predominantemente glabros. O comprimento do ramo principal pode variar de 80 cm à 2 m nas plantas prostradas. O primeiro par de folhas verdadeiras são simples e opostas as folhas posteriores, as quais são trifoliadas, ovaladas e alternadas entre si. A inflorescência se dá em racemos, os pedúnculos surgem nas axilas das folhas e emitem as flores em suas extremidades podendo ser brancas, amareladas, roxas ou azuis.

Para cada inflorescência, as flores são formadas em pares alternados em nós espessos presentes na ponta do pedúnculo acompanhadas de nectários extra florais presentes entre cada par de flores (HEUZÉ *et al.*, 2015), exceto

para as plantas com inflorescência composta, onde cada pedúnculo emite diversas ramificações capazes de produzir flores viáveis (ROCHA *et al.*, 2007a). A folha é larga, a quilha da flor é reta, os estames diáfanos, ovário sésil com muitos óvulos, e um estilo piloso na parte interna que finaliza em um estigma obliquo. As vagens surgem aos pares formando um “V”, em sua maioria pendendo para baixo, mas podem se manter suspensas, são cilíndricas, em geral com 6 a 20 cm de comprimento, 3 a 12 mm de largura, contendo de 8 a 20 sementes de cor variável entre branca, preta, marrom ou rosa (HEUZÉ *et al.*, 2015).

O centro de diversidade da espécie permanece uma incógnita, no entanto, com base no processo de domesticação e histórico filogenético, hipóteses foram levantadas. Vavilov (1926) através de suas expedições propôs inicialmente que a Índia e a China eram centros de menor importância da cultura em relação a Etiópia, centro de maior importância. No entanto, as afirmações que apontam os centros de diversidade fora do continente africano foram descartadas em estudos posteriores, onde constatou-se a predominância de diversidade genética entre as regiões Leste (XIONG *et al.*, 2018) e Oeste da África (BA; PASQUET; GEPTS, 2004). Apesar das evidências, a localidade ligada a domesticação da planta permanece incerta e ambas hipóteses permanecem sendo aceitas (XIONG *et al.*, 2016).

Especula-se que o feijão-caupi tenha chegado a América Latina pelo comércio de escravos (HERNITER; MUÑOZ-AMATRIÁIN; GENESYS, 2020). Em seguida, os colonizadores do século XVI introduziram a planta no Brasil pelo Estado da Bahia, por onde a cultura se espalhou para o restante do país de acordo com a capacidade de adaptação e aceitação do material cultivado nas diversas regiões do país (FREIRE FILHO *et al.*, 1988).

2.1.2 Importância Socioeconômica

Nas regiões marginais dos trópicos e subtropicais do mundo, em virtude da sua rusticidade em relação às outras leguminosas, o feijão-caupi vem se destacando como uma alternativa ao consumo de proteína em locais cuja

população pobre não possui condições de produzir proteína animal, como carne e peixe e desempenha um papel humanitário importante para estas pessoas (NWOSU; LATUNBOSUN; ADETILOYE, 2013).

Em 2019, cerca de 96,8% da produção mundial de grãos secos da cultura foi oriunda do continente africano, com a Nigéria, maior produtor mundial, produzindo 3,6 milhões de toneladas e o resto do mundo 5,3 milhões de toneladas, totalizando 8,9 milhões de toneladas. Essa produção foi colhida em uma área de 14,45 milhões de hectares e a produtividade média obtida foi de 616 kg ha⁻¹. Essas são estimativas da *Food Agriculture Organization* - FAO, que não envolvem todos os países do mundo que cultivam feijão-caupi (FAOSTAT, 2019), mas com base nos dados do Brasil disponíveis e fornecidos pela CONAB (2019), o país foi o 4º maior produtor do mundo neste período.

No Brasil, o feijão-caupi é cultivado principalmente nas regiões Norte e Nordeste. (FREIRE FILHO; CARDOSO; ARAÚJO, 1983; FREIRE FILHO, 2011). Sendo responsável por 43,7% da área total de feijão cultivado no país, segundo dados da safra 2019/20. No entanto, a produtividade nacional média foi bem inferior à do feijão comum das classes comerciais cores e preto, com 476 kg ha⁻¹ em comparação aos 1.450 kg ha⁻¹ e 1.543 kg ha⁻¹ obtidas por cada grupo de feijão respectivamente (CONAB, 2019).

No Nordeste os três maiores estados produtores da cultura na safra 2019/20 foram: Bahia (830 kg ha⁻¹), Maranhão (702 kg ha⁻¹) e Piauí (639 kg ha⁻¹) e no Norte os estados do Tocantins (1015 kg ha⁻¹) e Acre (660 kg ha⁻¹). A baixa produtividade nacional pode estar relacionada com o manejo menos sofisticado adotado pelos pequenos produtores das regiões Norte e Nordeste, além das condições edafoclimáticas pouco favoráveis a produção de grãos nessas regiões, as quais juntas apresentaram produtividade média abaixo de 430 kg ha⁻¹ no período da safrinha e contribuíram com cerca de 82,23% de toda área plantada no país (CONAB, 2019).

No entanto, a região Centro-Oeste vem se destacando pela introdução de sistemas de cultivos tecnificados e produtividades médias bem superiores à nacional (FREIRE FILHO, 2011; DAMASCENO-SILVA; ROCHA;

MENEZES JÚNIOR, 2016; CONAB, 2019). Isso é devido em parte ao melhoramento genético, pelo desenvolvimento de cultivares mais adequadas ao cultivo totalmente mecanizado, que são bastante adotadas pelo agricultor empresarial, bem como devido ao progresso proporcionado pelo uso de técnicas modernas de manejo no cultivo, associado com as condições favoráveis de clima e solo nessa região (LIMA *et al.*, 2011; MELO *et al.*, 2012; OLIVEIRA *et al.*, 2013; BARROSO NETO *et al.*, 2017; RODRIGUES *et al.*, 2017). Segundo o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (2018), o feijão-caupi cultivado no Brasil tem tido grande aceitação no mercado de exportações, a cerca de uma década os grãos pertencentes à classe comercial branco são constantemente exportados para países asiáticos, destacando-se a Índia que vem contribuindo com aproximadamente 50% das importações brasileiras.

O consumo humano de feijão-caupi também é realizado por meio de produtos industrializados (OLIVEIRA *et al.*, 2020) e na alimentação animal como forragem ou em mistura com silagem (GEREN *et al.*, 2008; SAMIREDDYPALLE *et al.*, 2017). Existem inúmeras evidências correlacionando a ingestão de altas quantidades de pulses, como o feijão-caupi, com a melhora da saúde e, conseqüentemente, queda do risco de doenças cardiovasculares, diabetes e obesidade (LUDWIG, 2002 BOUCHENAK; LAMRI-SENHADJI, 2013). O elevado teor de proteína e minerais essenciais como K, P e Mg, são alguns dos fatores que contribuem para a longevidade dos indivíduos que consomem o grão ou produto deste, mesmo com um deficit considerável de aminoácidos sulfurados como a metionina (KAPRAVELOU *et al.*, 2020) e presença de fatores antinutricionais como o fitato, rafinose, estaquiose, verbascose e inibidores de tripsina (SREERAMA *et al.*, 2012).

2.1.3 Genética do porte da planta

O porte da planta de feijão-caupi é classificado de acordo com a relação existente entre o ramo principal e os secundários, e independe do hábito de

crescimento da planta (indeterminado e determinado), ocorrendo de quatro formas distintas (FREIRE FILHO *et al.*, 2005):

Tipo I - Ereto: Planta com ramos principal e secundários curtos, ramo principal ereto, e ângulo variando de agudo à reto entre ambos tipos de ramos. Os ramos secundários emitidos a partir do terço médio são paralelos ao ramo principal, ideal para colheita mecanizada.

Tipo II - Semi-ereto: Planta com ramos principal e secundários curtos à médios, ramo principal ereto formando ângulo reto com os secundários, os últimos normalmente sem entrar em contato com o solo.

Tipo III - Semi-prostrado: Planta com ramos principal e secundários médios, com o principal ereto e os secundários em contato com solo, a contar do 3º médio em diante os ramos tendem a buscar suportes verticais como base de crescimento.

Tipo IV - Prostrado: Planta com ramos principal e secundários longos, ambos tocando o solo e com pouca tendência de se associar a suportes verticais.

Inicialmente, Brittingham (1950), analisando genótipos oriundos de cruzamentos entre materiais pertencentes ao gênero *Vigna* para o caráter, constatou o padrão de segregação mendeliana monogênica (3:1), com as progênies semi-prostradas ou prostradas com hábito de crescimento indeterminado apresentando dominância sobre os genótipos eretos ou semi-eretos com hábito de crescimento determinado. O resultado do estudo vai de encontro aos estudos realizados posteriormente com *Vigna Unguiculata* (L.) Walp., que confirmam a presença da herança monogênica para a característica (MATOS FILHO *et al.*, 2014; RIBEIRO; BOITEUX; SANTOS, 2014; LACHYAN; DESAI; DALVI, 2016). Apesar de todas estas evidências, Singh e Jindla (1971), afirmaram que no mínimo três pares de genes denominados Vi-1, Vi-2 e Vi-3 são responsáveis pela expressão do porte da planta de feijão-caupi, com Vi-1 e Vi-2 possuindo uma relação suplementar entre si e Vi-3 ação individual, manifestando-se quando Vi-1 e Vi-2 estão em homozigose recessiva. Desta maneira, os pesquisadores informam que os genótipos Vi-1_-Vi-2_-Vi-3_-, Vi-1_-Vi-2_-vi-3-vi-3, vi-1-vi-1-vi-2-vi-2-Vi-

3-_- , são responsáveis pelo genótipo enramador (prostrado e semiprostrado).

As plantas de crescimento determinado se caracterizam por ter o ramo principal e laterais de tamanho limitado pela quantidade de nós gerados no período vegetativo da planta, a partir de então as gemas apicais se diferenciam em inflorescências e o florescimento acontece do ápice para a base da planta. No hábito indeterminado, o ramo principal apresenta um tecido meristemático que permite emissão de nós e entrenós de forma constante, com as inflorescências se desenvolvendo a partir das axilas das folhas, com início do processo na base da planta seguindo até o seu ápice (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

Através da construção de grupos de ligação por meio de 202 marcadores SSR e quatro marcadores morfológicos para características relacionadas a domesticação do feijão-caupi, identificou-se um QTL ligado a expressão do hábito de crescimento no cromossomo 1 da cultura (ANDARGIE *et al.*, 2014), que coincide com os resultados encontrados por Koinange *et al.* (1996) em feijão comum, e sugere um histórico evolutivo de mutações análogo entre as duas espécies ao que diz respeito à região de controle da expressão do hábito de crescimento.

Dependendo da região de cultivo e do genótipo é muito comum as plantas apresentarem mudanças de hábito e porte, pois quando fotossensíveis, o material em local de fotoperíodo longo apresenta-se como prostrado com tempo de maturação mediano a tardio. No entanto, em condições de dias curtos e quentes o mesmo demonstra maturidade precoce e porte ereto (CRAUFURD *et al.*, 1996).

Além do exposto, o conhecimento sobre os caracteres ligados a arquitetura da planta pode ser determinante para um melhor entendimento da competitividade da cultura em relação as ervas daninhas (WANG; MCGIFFEN; EHLERS, 2006), da tolerância ou resistência a seca (RAVELOMBOLA *et al.*, 2021) e aproveitamento da biomassa produzida ao longo do ciclo de cultivo (EWANSIHA; OSAIGBOVO, 2016).

Atualmente, os programas de melhoramento genético de feijão-caupi

buscam lançar novas cultivares que englobem o ciclo de cultivo curto, resistência a pragas e doenças, tolerância à seca, calor, salinidade, elevada produção e seus componentes, de modo a suprir as exigências do agricultor e do consumidor (BERNARDO *et al.*, 2018). Hall (2012), por exemplo, cita que os melhoristas da região de Sahel presente no continente africano sofreram por muitos anos com problemas inerentes às secas na região resultando em safras de cultivo muito curtas e como resposta desenvolveram cultivares resistentes à seca, superprecoces com ciclos de cultivo muito curtos e hábito de crescimento ereto contendo baixa quantidade de nós e entrenós. Assim, o plantio era implementado de maneira adensada, otimizando a produção de vagens pelo fato das plantas não desperdiçarem energia com o crescimento vegetativo nestas condições.

KAMARA *et al.* (2016), estudando diferentes densidades de plantio entre genótipos de hábito de crescimento diferentes, constataram produtividade superior dos genótipos indeterminados em relação aos determinados com densidade populacional de até 40.0000 plantas ha⁻¹.

2.1.4 Melhoramento genético para arquitetura da planta

O melhoramento genético de feijão-caupi no Brasil iniciou-se na segunda metade do século XVI com as primeiras cultivares introduzidas. Porém, as pesquisas com a espécie iniciaram de fato em 1903, com um trabalho divulgado por Gustavo R. P. D'Ultra, em São Paulo, intitulado "Os feijões de macassar" (D'UTRA, G. Os feijões de macassar. Bol. Agr. v.4, p. 153-171, 1903) levantando aspectos gerais sobre a cultura no país, o qual é citado em um resumo submetido por Guazzelli (1988). Já o marco do estabelecimento do melhoramento genético da cultura, como ciência no país, provavelmente ocorreu quando Lobbe (1925) publicou um trabalho avaliando 12 cultivares. Desde então, por meio do desenvolvimento de cultivares pelas empresas de melhoramento até 2016, 73 cultivares foram lançadas, porém, todas contendo inflorescência simples (ROCHA *et al.*, 2016).

Segundo Gregory *et al.* (1994), arquitetura de planta se refere ao

tamanho, composição e arranjo dos ramos, caules, folhas, vagens e formato da raiz, os quais possuem relação direta com a produtividade de uma cultura. Baseando-se neste conceito, é possível afirmar que a arquitetura da planta do feijão-caupi é produto da relação entre o hábito de crescimento e o tipo de porte. Envolve a interação entre o comprimento do epicótilo, do hipocótilo, do pedúnculo das vagens, dos entrenós dos ramos secundários em relação ao principal, consistência e disposição entre ambos tipos de ramos, associação com o tipo e distribuição da inflorescência, além do arranjo com a copa da planta (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

Dentre as diversas características já citadas no ideótipo de feijão-caupi, é recorrente a ênfase que os autores tem dado aos caracteres relacionados a arquitetura da planta, como o porte ereto, precocidade, hábito de crescimento determinado (MACHADO *et al.*, 2008; MATOS FILHO *et al.*, 2009), pedúnculo curto (ROCHA *et al.*, 2009) e vagens dispostas acima do nível da folhagem de modo a facilitar a mecanização do processo (SINGH, 2007). Com base no melhoramento genético, estas modificações realizadas pelos melhoristas possibilitam a otimização da área de interceptação de luz e conseqüentemente a produtividade (GUO *et al.*, 2011).

No feijão-comum, as lavouras de cultivo sofrem com problemas relacionados ao desenvolvimento do mofo branco propiciado pelo clima temperado de cultivo e microclima desenvolvido pelas plantas com copa densa, próxima do solo, porte prostrado e hábito de crescimento indeterminado, demonstrando que a arquitetura da planta tem papel fundamental no controle da severidade de doenças fúngicas, principalmente nas regiões semi-áridas, onde os materiais eretos e de hábito de crescimento determinado apresentaram desempenho satisfatório (ANDO *et al.*, 2007). Assim, pressupõe-se que respostas similares podem ser obtidas em genótipos de feijão-caupi, no entanto estudos devem ser realizados.

Embora muitas destas características possuam herança genética mono ou oligogênica (MATOS FILHO *et al.*, 2014), o estudo dos componentes da arquitetura da planta também tem sido explorado a nível quantitativo. Através do levantamento sobre trabalhos desta natureza, observa-se herdabilidades

no sentido amplo com variações médias à altas, os valores encontrados para os caracteres número de nós do ramo principal e comprimento do ramo principal, por exemplo, variaram entre 73,91% à 96,59% e 59,16% à 92,80%, respectivamente (AMARAL *et al.*, 2009; MACHADO *et al.*, 2008; MATOS FILHO *et al.*, 2009; MATOS FILHO *et al.*, 2014).

Os trabalhos tem demonstrado que grande parte da contribuição da variação genética identificada é de origem aditiva para os caracteres citados anteriormente e o comprimento do pedúnculo, apontando probabilidade elevada de sucesso no processo de seleção e fixação de indivíduos superiores nas gerações iniciais de uma população segregante (RIBEIRO; BOITEUX; SANTOS, 2014; ROCHA *et al.*, 2009; MATOS FILHO *et al.*, 2014).

2.1.5 Qualidade comercial do grão

As linhagens com potencial de lançamento e cultivares existentes no mercado oriundas do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte são desenvolvidas com o objetivo de atender a demanda do mercado e consumidor de regiões específicas do país e do mundo.

A classificação comercial através da caracterização dos grãos por meio da cor, tipo de hilo e halo, formato e tamanho tem recebido atenção nas últimas décadas pela forte ascensão da cultura no mercado nacional e de exportação da cultura (FREIRE FILHO, 2011). No entanto, inicialmente não existia um padrão de classificação e alguns autores realizaram descrições dos materiais disponíveis dando origem a diversas nomenclaturas para os grãos estudados (KRUTMAN *et al.*, 1968; ARAÚJO, 1988). Araújo (1988) ainda destacou tipos de grãos com coloração adotada no mercado das Regiões Norte, Nordeste e estados do Mato Grosso e Minas Gerais que não foram cogitados no levantamento realizado por ele.

Portanto, a falta da padronização deste processo foi um fator limitante para a alavancagem da comercialização do grão em larga escala por muito tempo (FREIRE FILHO, 2011). O Ministério da Agricultura, Pecuária e

Abastecimento (MAPA) identificou o problema e criou o Regulamento Técnico do feijão que no dia 28 de março de 2008 (BRASIL, 2008), por meio da normativa nº 12, modificou o anterior (BRASIL, 2002). De acordo com este regulamento, artigo 5º, parágrafo 1º, a espécie do feijão é determinante na estratificação do mesmo em dois grupos: grupo I referente ao feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) e grupo II, pelo feijão-caupi (*Vigna unguiculata*), sendo o último dividido nas seguintes classes de acordo com o parágrafo 2º do mesmo artigo:

a) **Branco**: produto que possui no mínimo 90% de grãos com coloração branca.

b) **Preto**: produto que possui no mínimo 90% de grãos com coloração preta.

c) **Cores**: produto que possui no mínimo 90% dos grãos da classe cores, permitindo-se até 10% de outras cultivares da classe cores, que apresentem diferença na cor ou no tamanho.

d) **Misturado**: produto que não contempla às especificações de nenhuma das classes anteriores.

Outro nível de classificação, segundo o parágrafo 3º do artigo 5º, diz respeito ao tipo, e faz menção à qualidade do grão em si, indicando o limite de tolerância de defeitos apresentados pelo mesmo. No qual grãos do tipo I são classificados como de “alta qualidade”, tipo II “qualidade mediana”, tipo III “qualidade baixa” e em denominações distintas dos tipos que se referem aos “grãos fora do tipo” e “desclassificados”. No entanto, os critérios para comercialização de grãos fora do tipo são bem rigorosos e estão devidamente explanados no artigo 7º do regulamento, bem como os aspectos relacionados aos desclassificados no artigo 8º. Além disso, as normas de comercialização e amostragem para fiscalização do feijão-caupi estão descritas no documento, sendo de suma importância para o funcionamento da cadeia produtiva da cultura (BRASIL, 2008).

FREIRE FILHO (2011) realizou, posteriormente, a junção do regulamento oficial com a linguagem cotidiana através da introdução de subclasses comerciais às classes preexistentes, de modo que o uso no meio acadêmico

e comercial passassem a ser habituais, sendo compostas da seguinte forma:

a) **Branco**: produto que possui no mínimo 90% de grãos com coloração branca.

a.1 Subclasse Branco Liso: cultivares com grãos com tegumento branco, liso, sem halo, com ampla variação de tamanhos e formas.

a.2 Subclasse Branco rugoso: cultivares com grãos com tegumento branco, rugoso, reniformes, sem halo, com pequena variação de tamanho e relativamente grandes.

a.3. Subclasse Fradinho: cultivares com grãos com tegumento rugoso de cor branca e com um halo preto com contornos definidos.

a.4. Subclasse Olho-marrom: cultivares com grãos com tegumento liso ou rugoso de cor branca e com um halo marrom com contornos definidos.

a.5. Subclasse Olho-vermelho: cultivares com grãos com tegumento liso ou rugoso de cor branca e com um halo vermelho com contornos definidos

b) **Classe Preto**: produto que possui no mínimo 90% de grãos com coloração preta.

b.1. Subclasse preto de tegumento liso fosco.

b.2. Subclasse preto de tegumento liso com brilho.

c) **Classe Cores**: produto que possui no mínimo 90% dos grãos da classe cores, permitindo-se até 10% de outras cultivares da classe cores, que apresentem diferença na cor ou no tamanho.

c.1. Subclasse Mulato liso: cultivares com grãos com tegumento liso de cor marrom, com a tonalidade variando de clara a escura e com uma ampla variação de tamanhos e formas.

c.2. Subclasse Mulato rugoso: cultivares com grãos com tegumento rugoso de cor marrom, com a tonalidade variando de clara a escura e com uma ampla variação de tamanhos e formas.

c.3. Subclasse Canapu: cultivares com grãos com tegumento marrom-claro, liso, relativamente grandes, bem cheios, levemente comprimidos nas extremidades, com largura, comprimento e altura aproximadamente iguais.

c.4. Subclasse Sempre-verde: cultivares com grãos de tegumento de cor

levemente esverdeada e liso.

c.5. Subclasse Verde: cultivares com o tegumento e/ou cotilédones de cor verde.

c.6. Subclasse Manteiga: cultivares com grãos com tegumento de cor creme-amarelada e liso.

c.7. Subclasse Vinagre: cultivares com grãos com tegumento liso de cor vermelha.

c.8. Subclasse Azulão: cultivares com grãos com tegumento liso de cor azulada.

c.9. Subclasse Corujinha: cultivares com grãos com tegumento liso de cor mosqueada-cinza ou azulada.

c.10. Subclasse Rajado: materiais que têm grãos com tegumento de cor marrom, com rajas longitudinais de tonalidade mais escura.

d) **Misturado**: produto que não contempla às especificações de nenhuma das classes anteriores.

As classes e subclasses comerciais do feijão-caupi segundo a classificação de Freire Filho (2011) é mostrada na Figura 1.



Figura 1. Classes e subclasses comerciais: branco liso (A), branco rugoso (B), branco fradinho (C), branco olho marrom (D), branco olho vermelho (E), preto (F), mulato liso (G), mulato rugoso (H), canapu (I), sempre-verde (J), verde (K), manteiga (L), vinagre (M), corujinha (N), azulão (O) e rajado (P).

Além da cor do tegumento do grão, as características relacionadas ao aspecto visual do hilo possuem importância comercial significativa (FREIRE FILHO, 2011), e podem inclusive determinar um nicho específico do mercado pelo seu padrão quando avaliado com os outros aspectos visuais do grão. O feijão Fradinho, por exemplo, é popularmente conhecido como “Black-Eye Cowpea” no exterior e seu consumo é apreciado no mercado interno e de exportação (DELMONDES *et al.*, 2017). No Brasil, a preferência do consumidor para essa característica é enfatizada na classe de grãos brancos, com exceção das subclasses Olho-vermelho, Olho-marrom e principalmente Fradinho, a ausência do halo e presença de hilo com anel do hilo pequenos, membrana e anel do hilo de cor clara são o foco dos programas de melhoramento (FREIRE FILHO, 2011).

O tamanho do grão é outro caráter importante para o mercado mundial. No mercado interno, a subclasse manteiga aponta preferência pelos grãos de peso inferior a 10 g por 100 grãos (manteiguinha), no entanto, a subclasses Branco rugoso e Fradinho, a preferência é por grãos com peso superior a 25 g por 100 grãos. Em geral, a maioria das cultivares e linhagens locais apresentam o peso de 100 grãos variando entre 15 a 25 g. No entanto, é fato que os produtores e comerciantes preferem grãos com peso superior a 20 g por 100 grãos (FREIRE FILHO, 2011).

No mercado externo, o padrão predominante para exportação exigido pelas empresas é de no máximo 400 grãos a cada 100 g de grãos (FREIRE FILHO, 2011), corroborando com a afirmação realizada por Faith *et al.* (2011) em seu estudo, o qual indica a preferência de produtores e consumidores da Nigéria, por grãos de coloração branca e tamanho grande.

Quanto ao formato do grão, atualmente a classificação em vigor apresenta oito formas distintas: arredondada, elíptica, losangular (romboide), quadrangular (canapu), ovalada, reniforme, losangular (achatada) e comprimido (barrigudo). No comércio de grãos empacotados e a granel todos os tipos estão presentes, no entanto, a granel os formatos que prevalecem são o reniforme, losangular (romboide), ovalada e quadrangular. Já para grãos empacotados, as formas losangular, reniforme e ovalada predominam

(FREIRE FILHO, 2011).

Apesar de todas as características do grão apresentarem sua importância comercial, a cor do tegumento parece ter maior importância na aceitação pelo mercado comercial e consumidor atualmente (ROCHA *et al.*, 2017a) e, por isso, é de suma importância para o melhorista ponderar e adotar critérios rígidos na escolha dos caracteres relacionados a qualidade comercial do grão, pois a demanda do mercado é dinâmica e muito tempo e dinheiro é investido até o lançamento de um material novo.

2.1.6 Inflorescência composta em leguminosas

A inflorescência é uma das estruturas ligadas a biologia reprodutiva das plantas leguminosas que possui relação estreita com a produção de grãos (CHENG *et al.*, 2018). Segundo o modelo proposto por Prusinkiewicz *et al.* (2007), uma variável chamada de vegetatividade ou “veg”, que sofre influência de diversos fatores (idade da planta, ambiente, posição de células meristemáticas e etc), tem papel fundamental na classificação da arquitetura floral. Altos níveis deste fator em uma determinada região da parte aérea da planta com tecido meristemático indica propensão do maquinário fisiológico para a produção de ramos e o oposto para a formação de flores. A síntese desse fator esta ligada à proporção de genes relacionados ao “veg” expressos nestes locais e portanto são críticos na determinação do tipo de inflorescência nas plantas.

Geralmente, no feijão-caupi a inflorescência é simples (BARROS *et al.*, 2011), mas em outras plantas de interesse comercial com alta capacidade produtiva pertencentes a família Fabaceae a inflorescência composta está presente ou em processo de inserção, como a soja (*Glicine max* (L.) Merrill) (HARTUNG; SPECHT; WILLIAMS, 1981; KURODA *et al.*, 1998; PERINI *et al.*, 2012), o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* (L.)) (KELLY, 2001; GUILHERME *et al.*, 2014; MARTINS *et al.*, 2017;), o grão de bico (*Cicer arietinum* L.) (GAUR; GOUR, 2002; PAUL; REBECA, 2007; SAJJA; SAMINENI; GAUR, 2017) e a ervilha (*Pisum sativum*) (BENLLOCH *et al.*

2007).

O feijão comum é uma espécie que apresenta inflorescência racemosa simples ou composta, sendo a última mais frequente, com flores surgindo de racemos axilares ou terminais. A corola destas flores são constituídas por 5 pétalas de cor branca, rosa ou violeta, dependendo da cultivar. No Brasil, os cachos das cultivares emitem de 2 a 6 flores, sustentadas por um pedúnculo (SANTOS; GAVILANES, 2006). Guilherme *et al.* (2014), estudando a herança genética de caracteres relacionados a inflorescência no feijão comum, constataram que o número de flores sozinho não é fator determinante no processo de melhoria da produtividade da cultura, porém quando avaliado junto a outros componentes de produção, como o número de vagens gerados no período reprodutivo da planta, pode proporcionar ganhos genéticos consideráveis e portanto alavancar a sua produtividade.

O grão de bico é uma cultura que apresenta inflorescência predominantemente simples com uma flor; no entanto, raramente as plantas desta espécie desenvolve inflorescência composta emitindo de duas a três flores no período reprodutivo. O pedúnculo e o pedicelo do órgão reprodutor permanecem alinhados como se fossem um até a realização da fecundação, quando o pedicelo se volta para baixo (SAJJA; SRINIVASAN; GAUR, 2017). A ocorrência de genótipos com racemos compostos é reportada na literatura como possível consequência de uma mutação recessiva relacionada a um gene responsável pela quantidade de flores geradas no tecido meristemático da inflorescência secundária da planta ou “I2” (RUBIO *et al.*, 2004; BENLLOCH *et al.*, 2007), no entanto, poucos estudos inerentes aos possíveis genes reguladores foram conduzidos e nenhuma das pesquisas fomentadas isolaram genes relacionados à atividade das células meristemáticas de I2.

Os programas de melhoramento de grão de bico ao longo do mundo vem procurando introduzir este caracter no processo de desenvolvimento de novas cultivares. Gaur e Gour (2002), por exemplo, trabalhando com o cruzamento interespecífico entre *C. Reticulatum* e *C. Arietinum* constatou a presença de progênes com capacidade de emissão de 3 à 9 flores oriundas da mutação espontânea entre ambos os materiais de inflorescência simples,

sugerindo a melhoria da produtividade com a adesão deste componente em futuras cultivares.

O estudo realizado por Kumar *et al.* (2000) vai de encontro a hipótese levantada por Gaur e Gour (2002), onde plantas F₂ e linhagens portadoras de 2 vagens oriundas do cruzamento entre as variedades ICCV 2 (inflorescência simples) e JG 62 (inflorescência composta) demonstraram produtividade 18% e 7% superiores respectivamente aos genótipos de F₂ e linhas endogâmicas recombinantes estudadas com vagem única. No entanto, Rubio *et al.* (2004), avaliando a estabilidade e produtividade de materiais com ambos os tipos de inflorescência, não constataram melhoria significativa da produtividade e tamanho da semente dos genótipos com duas vagens; porém, estes materiais demonstraram maior estabilidade em comparação aos de inflorescência simples.

De acordo com as informações levantadas, a interação entre a produtividade e o arranjo floral no grão de bico indicam que os genótipos envolvidos e o ambiente de cultivo possuem papel definitivo para melhor compreensão dessa relação e por isso o desenvolvimento de mais estudos é fundamental.

A soja é a espécie autógama de maior importância econômica dentre todas as leguminosas. Foi a primeira cultura adotada para produção de óleo comestível e devido sua versatilidade é amplamente comercializada e cultivada no mundo todo (DWEVEDI; KAYASTHA, 2011).

A disposição da inflorescência na soja varia em função do hábito de crescimento do genótipo; porém, há predominância de racemos compostos em praticamente todos materiais cultivados. Nos de hábito de crescimento determinado a emissão de racemo é terminal e axilar. Na fase reprodutiva a planta diminui drasticamente o crescimento vegetativo podendo atingir os 10% restantes de comprimento do ramo principal, por meio do alongamento dos entrenós. Nos materiais de hábito indeterminado o tecido meristemático apical é incapaz de gerar flores e portanto, apenas a inflorescência axilar é desenvolvida, desta forma o crescimento vegetativo se mantém após o início do período de florescimento através da gema apical. Já os que manifestam o

hábito de crescimento semideterminado apresentam características similares ao de hábito de crescimento determinado; no entanto, do início ao fim do período reprodutivo a planta ainda pode ampliar em 30% sua altura (NOGUEIRA *et al.*, 2009; THOMAS, 2018).

No Brasil, as cultivares de soja produzem em média 30 à 80 vagens por planta, com potencial genético para produção em condições ideais de cultivo alcançando as 400 vagens por planta (SEDIYAMA, 2016), sendo provavelmente um dos fatores de impacto que justifique a produtividade média nacional bem superior ao feijão-caupi (CONAB, 2019).

Alem disso, a transgenia pode se tornar uma ferramenta aliada ao processo de melhoria da produtividade desta cultura nos próximos anos. O estudo desenvolvido por Sun *et al.* (2019) demonstra que plantas transgênicas portadoras do gene “GmmiR156b” apresentaram melhorias significativas em características relacionadas a arquitetura da parte aérea da planta de soja, como o aumento do número de ramos, nós, vagens e peso de 100 grãos, tanto em casa de vegetação quanto em condições de cultivo a campo em comparação aos genótipos silvestres ou “wild types” adotados na pesquisa, repercutindo no acréscimo da produtividade de até 63% entre os dois tipos de linhagens estudadas.

A ervilha é uma espécie leguminosa bastante utilizada como organismo modelo para a compreensão do estudo do controle genético de florescimento em espécies pertencentes a família Fabacea. Possui ciclo de cultivo curto, facilidade em processos de enxertia, fecundação cruzada ou autofecundação com taxa de sucesso satisfatória, além de uma variação morfológica ampla que permitiu o desenvolvimento de diversos estudos (BERBEL *et al.*, 2012; SUSSMILCH, 2014). Assim como outras plantas exploradas como commodities, a introdução de genótipos com produção de vagens múltiplas aliadas a outras características agrônomicamente desejáveis tem sido adotado como um dos objetivos primordiais nos programas de melhoramento da espécie (MCPHEE, 2007).

Na cultura da ervilha, a inflorescência pode se apresentar de forma simples ou composta, sendo mais frequente a emissão de duas flores por

racemo, assim como as outras leguminosas citadas apresenta um tecido meristemático primário voltado para florescimento “I1” que permanece crescendo indeterminadamente até a senescência, sendo produto da diferenciação do meristema apical anteriormente voltado ao crescimento vegetativo e gerando múltiplos tecidos meristemáticos secundários para florescimento “I2” onde cada um pode emitir uma ou mais flores.

Há indícios de que o número de flores geradas em “I2” nas plantas de ervilha possam ser controladas por dois genes sobre influência da epistasia dominante. No entanto, as pesquisas relacionadas principalmente a “I2” ainda são pioneiras e o funcionamento integral da rede de regulação gênica ligada a inflorescência permanece desconhecida (SINJUSHIN; LIBERZON, 2016). Portanto, o entendimento dos mecanismos intrínsecos à arquitetura da planta nesta cultura pode servir de modelo para compreensão em outras leguminosas de importância econômica e consequentemente alavancar a produção de alimento nos próximos anos.

2.1.7 Inflorescência composta em feijão-caupi

No feijão-caupi a inflorescência é desenvolvida por meio de uma base central, que corresponde ao racemo (o pedicelo da flor se insere em diversos níveis do eixo central) modificado, com seis a oito pares de gemas florais, podendo ser simples, com uma inflorescência, ou composta, com mais de uma (ROCHA *et al.*, 2007). Na literatura, um dos primeiros estudos relacionados a herança da inflorescência composta foi desenvolvido por Sen e Bowal (1961), onde detectaram na variedade australiana Poona a diferenciação do meristema axilar que dá origem a inflorescência geralmente simples no feijão-caupi, resultando na produção de um cacho oriundo do surgimento de 3 brotos partindo da axila das folhas, sendo 1 central e 2 laterais.

O broto central do cacho de feijão-caupi cresce e floresce primeiro e posteriormente cada gema lateral remanescente produz ramos terciários, quaternários e assim por diante, até o final do período reprodutivo. Com base

nas observações realizadas pelos pesquisadores, há um padrão de segregação monogênica recessiva com o genótipo “cici” expressando essa forma de arranjo floral. No entanto, Ponna, por ser uma cultivar tradicionalmente voltada para produção de adubo verde e forragem as características relacionadas a produtividade e qualidade de grãos da mesma estão fora do padrão (MULLEN; HOLLAND; HEUKE, 2003).

Os pesquisadores Fawole e Afolabe (1983), observando uma população de plantas oriunda da cultivar *Ife Brown*, que possui inflorescência predominantemente simples, verificaram o surgimento de um genótipo mutante com inflorescência composta capaz produzir até 10 vagens, onde os pedúnculos ramificados nestas plantas são organizados aos pares e surgem das axilas de folhas trifoleadas estipuladas. Por meio da elaboração de cruzamentos deste material com linhagens de inflorescência simples e realização do estudo da herança para esse caráter chegaram a mesma conclusão obtida anteriormente por Sen e Bowal (1961), nomeando o gene recessivo responsável pela inflorescência de “Bp”. Alguns anos depois o lançamento do genótipo nomeado *Ife branched peduncle cowpea* ou *Ife BPC* oriundo do surgimento da planta mutante aconteceu (FAWOLE; AFOLABE; RAJI, 1985) e segundo Bernardo (2015) foi a primeira e única cultivar melhorada mencionada na literatura com inflorescência composta. As inflorescências simples e composta em feijão-caupi pode ser visualizada na Figura 2.



Figura 2. Inflorescências simples (A) e composta (B) em feijão-caupi.

Atualmente, um estudo envolvendo mapeamento de regiões de QTL e mapas de ligação oriundos de progênies resultantes do cruzamento entre parentais de inflorescência composta e simples em feijão mungo [*Vigna radiata* (L.) R. Wilczek] foram realizados e os resultados apontaram um gene candidato para a expressão da inflorescência composta chamado “Vradi04g00002481” (LEE *et al.*, 2016), os resultados obtidos na pesquisa ainda precisam de estudos mais robustos, porém demonstra a idêntica necessidade relacionada a integração deste caracter em espécies incluídas no mesmo gênero do feijão-caupi, a fim de também alavancar a produtividade em futuras cultivares.

No Brasil, em 1974, o professor e pesquisador José Braga Paiva, da Universidade Federal do Ceará (UFC) identificou uma cultivar crioula “Cacheada” bastante cultivada pelos agricultores do sertão cearense na época, fornecendo o código de identificação CE-28 e anexando ao banco de germoplasma da UFC (FREIRE FILHO, 2011; EMBRAPA, 2019).

Em 1978, no Município de São Miguel do Tapuio - PI, o pesquisador Antônio Gomes também identificou um genótipo com inflorescência composta com características similares (FREIRE FILHO, 2011; EMBRAPA,

2019), no qual o arranjo floral apresentado por este material foi descrito por Araújo *et al.* (1981), sendo caracterizado pela emissão de uma folha lanceolada pequena em determinado comprimento do pedúnculo floral, distinta das outras folhas. Na axila desta folha duas ramificações são emitidas, ambas com capacidade de produção de flores e frutos. Assim como os estudos conduzidos na Índia e Nigéria (SEN; BOWAL, 1961; FAWOLE; AFOLABE, 1983), um estudo conduzido no Brasil por Machado *et al.* (2007) identificaram a herança monogênica recessiva novamente para a inflorescência composta, consolidando a facilidade de se fixar esta característica através do processo de seleção, uma vez que indivíduos conseguem alcançar a homozigose nas primeiras gerações de autofecundação (ACQUAAH, 2012).

O programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Mei-Norte desde 2008 tem realizado cruzamentos entre cultivares de inflorescência simples e genótipos de inflorescência composta. Os primeiros cruzamentos envolviam a cultivar cacheado-roxo de inflorescência composta e uma linhagem americana de inflorescência simples e em uma segunda geração de cruzamentos, as melhores linhagens resultantes desses primeiros cruzamentos foram cruzadas com genótipos de inflorescência simples para melhorar as características associadas à produtividade, arquitetura de planta, precocidade e insensibilidade ao fotoperíodo (BARROS *et al.*, 2011; BERNARDO *et al.*, 2018). Um terceiro ciclo de cruzamentos envolvendo as melhores linhagens resultantes da segunda geração de cruzamentos e cultivares comerciais de inflorescência simples, foram realizadas com o objetivo de melhorar a qualidade comercial do grão. Linhagens resultantes desses últimos cruzamentos foram avaliadas e selecionadas em ensaios preliminares e eleitas para compor os ensaios intermediários conduzidos no presente estudo.

2.1.8 Modelos mistos - REML/BLUP

Metodologias específicas de estimação dos componentes de variância

vem sendo adotadas pelos melhoristas, possibilitando a decomposição da variação fenotípica em contribuições correspondentes ao ambiente em que os genótipos estão sendo avaliados e em variações de origem genética para um dado caráter (KHURI, 2000). Assim, é possível se estimar parâmetros genéticos que são de suma importância para o melhoramento, tais como: ganho com a seleção, herdabilidade, correlação entre caracteres e coeficiente de variação genética. Isso possibilita melhor conhecimento da variabilidade genética existente entre os genótipos avaliados e auxilia o melhorista no processo de tomada de decisão para adoção da melhor estratégia de seleção e obtenção de genótipos superiores, por exemplo, por meio da seleção direta ou indireta (LOPES; GOMES; FREIRE FILHO, 2003; ROCHA *et al.*, 2003; ANDRADE *et al.*, 2010; CORREA *et al.*, 2012).

Dentre as diversas alternativas existentes na literatura a abordagem por modelos mistos tem a capacidade de explicar satisfatoriamente a complexa estrutura de correlação dos dados existentes no melhoramento de plantas em termos de efeitos aleatórios e os componentes de variância inerentes a eles, apresentando-se como uma ferramenta facilitadora na análise de dados, otimizando a forma de lidar com informações de cunho genético e/ou estatístico correlacionadas. Portanto, a adoção dessas metodologias contribui na acurácia da inferência realizada no processo de seleção no melhoramento vegetal (BALZARINI, 2002).

A estimação precisa de componentes da variância bem como a seleção acurada são de extrema importância no melhoramento de plantas para obtenção de indivíduos superiores. Uma das metodologias mais utilizadas para se estimar o comportamento genotípico (com base na estimação de efeitos aleatórios) em cultivares/linhagens sob avaliação, onde dados desbalanceados estão presentes, é a do melhor preditor linear não viesado (BLUP), que leva em consideração componentes da variância previamente estimados (ROBINSON, 1991). Na literatura, observa-se a maior frequência de utilização do método relacionado a máxima verossimilhança restrita (REML) que exige dados com distribuição normal para obtenção destes componentes (MARCELINO; IEMMA, 2000) e posterior adoção dos mesmos

no procedimento BLUP pelos melhoristas de diversas espécies de plantas cultivadas. (FURLANI, 2005; SILVA *et al.*, 2012; CARVALHO *et al.*, 2016).

No entanto, historicamente os componentes de variância gerados para a avaliação de genótipos de feijão-caupi vem sendo obtidos via análise de variância “ANAVA” (BORGES *et al.*, 2012; SOARES *et al.*, 2006; DELMONDES *et al.*, 2017), um procedimento estatístico paramétrico que só permite ao pesquisador realizar inferências à população de indivíduos estudados caso os dados coletados para a análise atendam aos seus pressupostos, como adequação dos mesmos à curva normal, homocedasticidade das variâncias dos tratamentos avaliados, aditividade entre os termos do modelo e ausência de correlação entre as observações realizadas no experimento (SAWYER, 2009). Geralmente, o desbalanceamento do conjunto de dados causa problemas relacionados a homocedasticidade e normalidade, comprometendo a confiabilidade dos resultados obtidos pela análise.

Ao contrário da ANAVA, os efeitos a serem testados via modelos mistos não são exclusivamente avaliados pelo teste F, neste caso a realização do teste de razão verossimilhança (LRT) para os efeitos aleatórios avaliados pelo modelo e o teste F para os efeitos fixos são recomendados. O valor da diferença entre as deviances obtidas entre os modelos completos e incompletos gerados pelo LRT é submetido ao teste Qui-Quadrado para inferir a significância da variabilidade genética nos genótipos sob estudo, aferindo a possibilidade de sucesso com o processo de seleção (RESENDE, 2016).

Atualmente, a adoção de abordagens ligadas aos modelos mistos vem crescendo significativamente, principalmente nas fases finais do processo de melhoramento em feijão-caupi onde a elevada quantidade de ambientes e repetições diminuí drasticamente a probabilidade de todos os experimentos serem conduzidos de forma balanceada, nestas condições raramente parcelas não são perdidas e ao mesmo tempo o nível de acurácia seletiva do processo deve ser elevado de maneira que os melhores indivíduos possam ser selecionados (BARROS *et al.*, 2011; CARVALHO *et al.*, 2017; ABREU *et*

al., 2019).

2.1.9 Seleção simultânea via índice de soma de ranks (Mulamba & Mock)

A seleção é uma etapa extremamente importante no processo de melhoramento e a sua realização deve ser feita da maneira mais cuidadosa possível (SILVA *et al.*, 2018). Em geral, a adoção da seleção truncada nos programas de melhoramento resultam em problemas relacionados ao desenvolvimento de materiais que não carregam as características agronômicas e comerciais desejáveis, tornando-se uma das tarefas mais árduas dentro dos programas de melhoramento (MAGALHÃES *et al.*, 2010).

De modo a amenizar esse problema e selecionar simultaneamente diversas características relevantes, pode-se adotar a abordagem de seleção em “tandem”, níveis independentes de eliminação e o índice de seleção (RESENDE, 2002). Dentre as opções citadas o índice de seleção é o método frequentemente utilizado pelos melhoristas de plantas que permite a combinação dos caracteres desejáveis a eles de maneira linear, independentemente da correlação existente entre estas variáveis, possibilitando a diminuição do tempo de desenvolvimento de indivíduos superiores (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Diversos índices de seleção tem sido abordados em trabalhos variados na cultura do feijão-caupi, dentre eles pode-se citar o índice de Smith (1936) e Hazel (1943), Pesek e Baker (1969), índice de base de Willians (1962) e o índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978), os quais são relacionados em estudos que comparam a eficiência deles entre si ou individualmente no processo de obtenção de novos materiais.

Silva *et al.* (2018), estudando progênies de feijão-caupi da subclasse comercial fradinho, adotaram o índice de soma de ranks em dois ciclos sucessivos de seleção. Rodrigues *et al.* (2017), avaliando linhagens e cultivares para resistência a seca, utilizaram o índice de Smith e Hazel, Pesek e Baker e de soma de ranks de modo a verificar a eficiência destes. Millicent *et al.* (2020), estudando na África diversas populações segregantes nas

gerações F₂ e F₃, utilizou o índice de base para verificar sua eficácia na seleção das populações com indivíduos que apresentaram melhores valores de produtividade e seus componentes. Apesar da quantidade de metodologias aplicadas à espécie, o índice de soma de ranks tem sido adotado com maior frequência dentre os demais, pela sua elevada eficiência e simplicidade, apresentando-se como uma abordagem bastante prática (MAGALHÃES *et al.*, 2010; OLIVEIRA, 2014)

O índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978) consiste na soma de “ranks” para classificar os genótipos em relação a cada caráter avaliado. A partir desta classificação, são somados os valores de cada característica para os genótipos, resultando em um valor geral considerado como o índice de seleção, com a finalidade de destacar os indivíduos com menor valor de índice sem a necessidade da estimação de variâncias, covariâncias e adoção de pesos econômicos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Porém, em função da dificuldade de desenvolver-se linhagens que acumulem simultaneamente valores ideais para as características alvo nos programas de melhoramento, o estabelecimento de valores mínimos aceitáveis para a obtenção de genótipos comercialmente adequados são de fundamental importância aos melhoristas (MARINHO *et al.* 2014).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material Genético

O material genético foi composto de 65 linhagens de feijão-caupi de inflorescência composta oriundas de dois cruzamentos realizados em 2015 (MNC04-795F-168 x MNC11-1076B-131-1-22 e MNC05-828C-3-15 x MNC11-1076B-91-1-25) pelo Programa de Melhoramento Genético de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, em Teresina-PI.

As linhagens parentais de inflorescência composta (MNC11-1076B-131-1-22 e MNC11-1076B-91-1-25) foram obtidas após dois ciclos sucessivos de cruzamentos, sendo o ciclo inicial responsável pela formação das primeiras linhagens de inflorescência composta oriundas dos cruzamentos realizados em 2006, entre o acesso cacheado-roxo (gerado pelo cruzamento natural entre a cultivar BRS Guariba e a cultivar Cacheado coletada nos estados do Piauí e Ceará), de ciclo tardio, pedúnculos longos e inflorescência composta e a linhagem AU94-MOB-816, originária da Universidade de Auburn, Alabama, com porte ereto, inflorescência simples e ciclo extra precoce.

No entanto, as sete linhagens selecionadas com características promissoras para obtenção de genótipos de porte ereto, ciclo de cultivo precoce, comprimento de pedúnculo curto e boa produtividade foram submetidas à um segundo ciclo de cruzamentos com a finalidade de melhorar ainda mais estes caracteres e evitar a presença de materiais com sensibilidade ao fotoperíodo. As linhagens de inflorescência simples envolvidas nesta etapa de cruzamentos realizados em 2011, foram: TE97-309G-9 e F4RC1 [(BRS Novaera x TE 97-309G-9) x BRS Novaera], os quais deram origem às melhores linhagens de inflorescência composta (MNC11-1076B-131-1-22 e MNC11-1076B-91-1-25), porém, ambas com grãos sem qualidade comercial aceitável.

Assim, em 2015, as melhores linhagens de inflorescência composta resultantes dos cruzamentos realizados em 2011 (MNC11-1076-131-1-22 e MNC11-1076B-91-1-25) foram cruzadas com duas linhagens parentais de

inflorescência simples com alta qualidade comercial do grão (MNC04-795F-168 e MNC05-828C-3-15) entre os anos de 2018 e 2019, selecionaram-se para os ensaios intermediários 35 linhagens de inflorescência composta do cruzamento 1 e 30 linhagens do cruzamento 2, que foram avaliadas neste estudo no ano de 2021, totalizando 65 linhagens (Figuras 3 e 4).

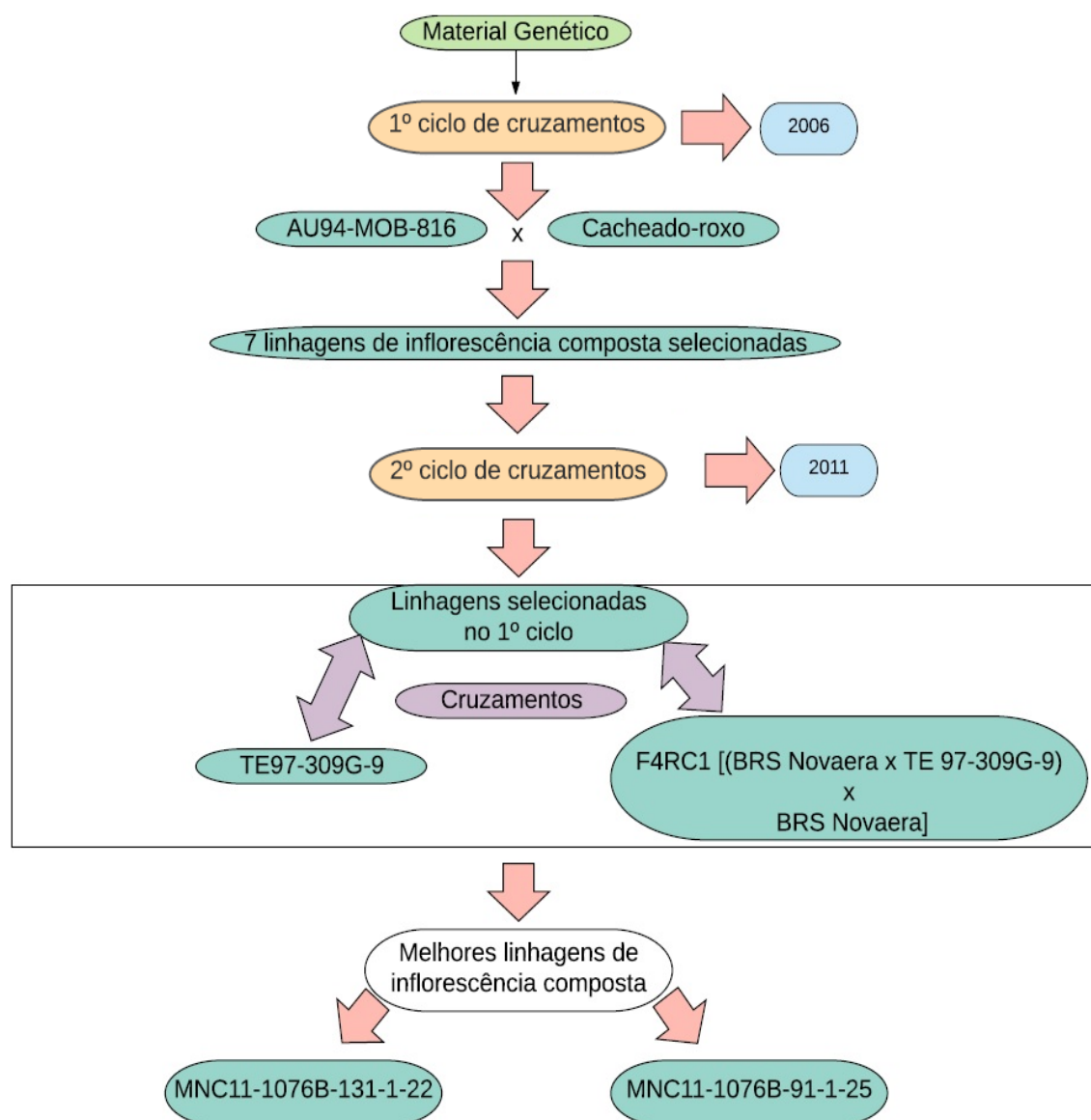


Figura 3: Esquema de obtenção das linhagens parentais utilizadas nos cruzamentos relacionados ao 3º ciclo de seleção de genótipos de feijão-caupi de inflorescência composta.

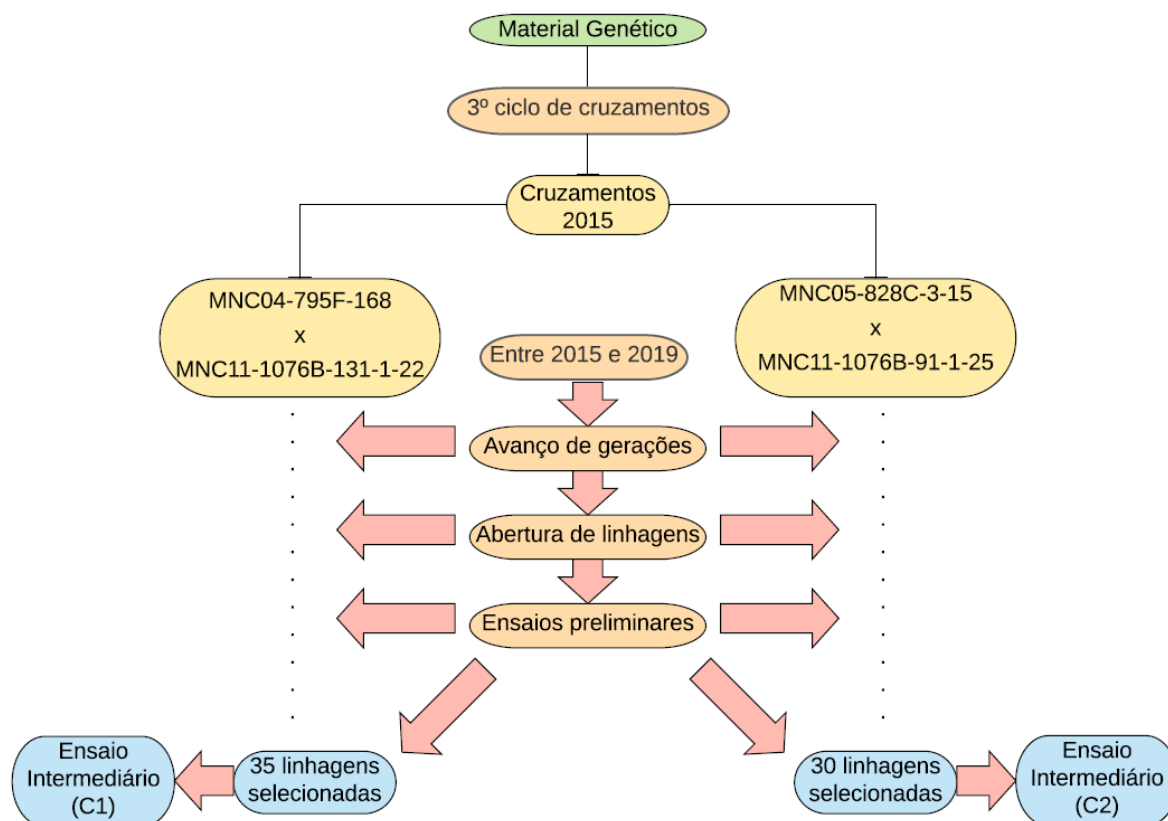


Figura 4: Esquema de obtenção das linhagens de feijão-caupi com inflorescência composta avaliadas no Ensaio de rendimento Intermediário.

3.2 Caracterização Experimental

Os ensaios intermediários foram conduzidos no campo experimental da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Meio-Norte, localizada em Teresina-PI, com altitude de 72 m, latitude 05° 5' (S) e longitude: 42° 8' (W). As 65 linhagens, juntamente com quatro linhagens parentais, foram avaliadas no primeiro semestre de 2021 (entre abril e junho) em dois ensaios intermediários (Ensaio Cruzamento 1: MNC04-795F-168 x MNC11-1076B-131-1-22 e Ensaio Cruzamento 2: MNC05-828C-3-15 x MNC11-1076B-91-1-25) (Tabelas 1 e 2).

Tabela 1. Genótipos de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 1 com genealogia MNC04-795F-168 x MNC11-1076-131-1-22.

C1	IG ⁽¹⁾	Genealogia
G1	MNC15-33E-10	MNC04-795F-168 x MNC11-1076-131-1-22
G2	MNC15-33E-53	-
G3	MNC15-33E-69	-
G4	MNC15-33E-91	-
G5	MNC15-33E-94	-
G6	MNC15-33E-119	-
G7	MNC15-33E-123	-
G8	MNC15-33E-163	-
G9	MNC15-33E-165	-
G10	MNC15-33E-169	-
G11	MNC15-33E-171	-
G12	MNC15-33E-178	-
G13	MNC15-33E-181	-
G14	MNC15-33E-182	-
G15	MNC15-33E-183	-
G16	MNC15-33E-197	-
G17	MNC15-33E-199	-
G18	MNC15-33E-200	-
G19	MNC15-33E-201	-
G20	MNC15-33E-206	-
G21	MNC15-33E-211	-
G22	MNC15-33E-214	-
G23	MNC15-33E-215	-
G24	MNC15-33E-219	-
G25	MNC15-33E-222	-
G26	MNC15-33E-223	-
G27	MNC15-33E-226	-
G28	MNC15-33E-228	-
G29	MNC15-33E-230	-
G30	MNC15-33E-231	-
G31	MNC15-33E-232	-
G32	MNC15-33E-234	-

G33	MNC15-33E-237	-
G34	MNC15-33E-239	-
G35	MNC15-33E-240	-
G36	MNC04-795F-168 (P1*)	MNC99-518G-2 x IT92KD-279-3
G37	MNC11-1076B-131-1-22 (P2)	[F4RC1 (BRS NOVAERA x TE97-309G-9) x BRS NOVAERA] x MNC06-882-2-2C-10-2-3-1- 1-1

¹IG: identificação do genótipo; *genótipo com inflorescência simples.

Fonte: Adaptado da Embrapa Meio-Norte (2021).

Tabela 2. Genótipos de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 2 com genealogia MNC05-828C-3-15 x MNC11-1076B-91-1-25.

C2	IG ⁽¹⁾	Genealogia
G1	MNC15-34E-443	MNC05-828C-3-15 x MNC11-1076B-91-1-25
G2	MNC15-34E-448	-
G3	MNC15-34E-449	-
G4	MNC15-34E-450	-
G5	MNC15-34E-453	-
G6	MNC15-34E-454	-
G7	MNC15-34E-456	-
G8	MNC15-34E-467	-
G9	MNC15-34E-470	-
G10	MNC15-34E-471	-
G11	MNC15-34E-472	-
G12	MNC15-34E-473	-
G13	MNC15-34E-475	-
G14	MNC15-34E-476	-
G15	MNC15-34E-477	-
G16	MNC15-34E-478	-
G17	MNC15-34E-479	-
G18	MNC15-34E-480	-
G19	MNC15-34E-482	-
G20	MNC15-34E-483	-
G21	MNC15-34E-484	-

G22	MNC15-34E-487	-
G23	MNC15-34E-488	-
G24	MNC15-34E-489	-
G25	MNC15-34E-490	-
G26	MNC15-34E-491	-
G27	MNC15-34E-492	-
G28	MNC15-34E-493	-
G29	MNC15-34E-495	-
G30	MNC15-34E-496	-
G31	MNC05-828C-3-15 (P1*)	MNCOO-553D-8-1-2-3 x MNCO1-626F-11-1
G32	MNC11-1076B-91-1-25 (P2)	[F4RC1 (BRS NOVAERA x TE97-309G-9) x BRS NOVAERA] x MNC06-882-2-2C-10-2-3- 1-1-1

¹G: identificação do genótipo; *genótipo com inflorescência simples.

Fonte: Adaptado da Embrapa Meio-Norte (2021).

3.3 Implantação e Condução dos Ensaios

Em ambos os experimentos intermediários C1 e C2, adotou-se o delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições. Os tratamentos foram constituídos pelas linhagens e suas respectivas linhagens parentais. O ensaio Cruzamento 1 (C1) foi composto de 35 linhagens e seus parentais (P1 e P2) e o ensaio Cruzamento 2 (C2) foi composto de 30 linhagens e seus dois parentais (P1 e P2). A unidade experimental (parcela) foi composta por uma fileira de 3 m, contendo 10 plantas por metro linear. O espaçamento entre fileira foi de 0,5 m e entre plantas dentro da fileira de 0,25 m, sendo a área útil da parcela a própria fileira (1,5 m²) (Figura 5). Uma visão dos experimentos na fase de floração pode ser visualizado na Figura 6.

Em ambos os ensaios, foram realizados um desbaste 15 dias após a semeadura, deixando-se um estande de oito plantas/metro linear. Foram executadas duas capinas manuais, respectivamente, aos 20 e 35 dias após a semeadura. O controle de insetos pragas e doenças foi realizado com o

emprego de defensivos agrícolas, de acordo com as recomendações da cultura, visando a estabilização do estande de plantas e a colheita efetuada de forma manual em torno de 65 a 75 dias após o plantio.

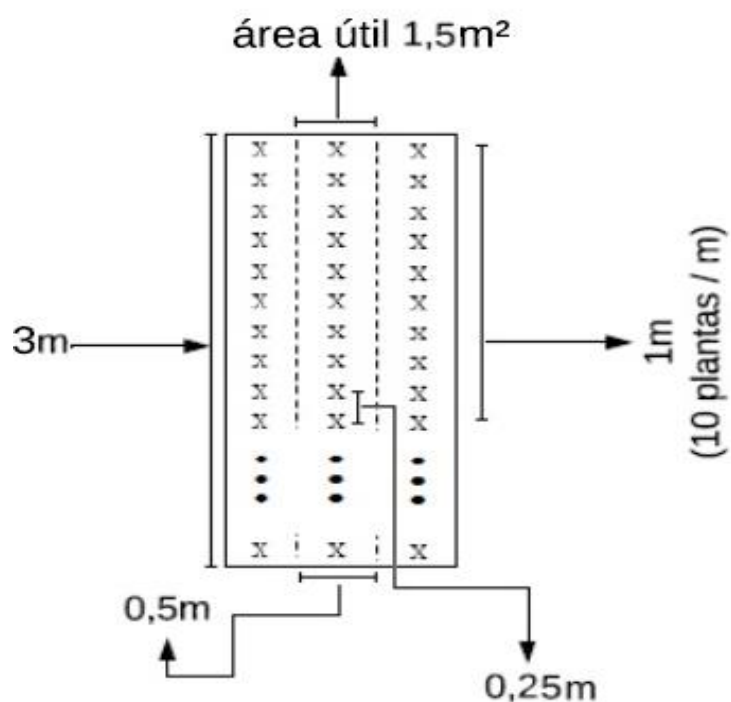


Figura 5. Esquema da parcela experimental adotada nos ensaios intermediários de feijão-caupi, conduzido em Teresina – PI, em 2021.



Figura 6. Visão dos experimentos de feijão-caupi de inflorescência composta.

3.4 Caracteres avaliados

- Número de dias para o início da Floração (IF): número de dias do plantio até que 50% das plantas na área útil da parcela apresentem flores, em dias.

- Tipo de porte (TP): Escala visual de notas (1 a 4) utilizada para classificar o tipo de porte dos genótipos avaliados na área útil da parcela: 1-ereto (ramos principais e secundários da planta são curtos, porém, o ramo principal é ereto e os secundários geralmente formados por um ângulo agudo) 2-semiereto (ramos secundários e principal podem variar de curtos a médio, o ramo principal é ereto com os ramos secundários formando um ângulo reto com o principal, sem tocar o solo) 3-semiprostrado (os ramos principais e secundários são medianos, o principal é ereto, e os ramos secundários inferiores tocam o solo) e 4-prostrado (os ramos secundários e principal são longos, o ramo principal apresenta-se contorcido com ramos secundários tocando o solo independentemente de sua posição). Os dados foram transformados em $\sqrt{x + 0,5}$ para a realização das análises estatísticas.

- Acamamento (ACAM): Escala visual de notas (1 a 5) utilizada para classificar o grau de acamamento dos genótipos avaliados na área útil da parcela: 1-Nenhuma planta acamada ou com o ramo principal quebrado, 2- De a 1 a 5% de plantas acamadas ou com o ramo principal quebrado, 3- De a 6 a 10% de plantas acamadas ou com o ramo principal quebrado, 4- De a 11 a 20% de plantas acamadas ou com o ramo principal quebrado, 5- Acima de 20% de plantas acamadas ou com o ramo principal quebrado. Os dados foram transformados em $\sqrt{x + 0,5}$ para a realização das análises estatísticas.

- Valor de cultivo (VC): Escala visual de notas (1 a 4) utilizada para classificar o valor de cultivo dos genótipos avaliados, baseado no aspecto geral da planta, nas características da vagem e grãos, na produção e aspecto fitossanitário: 1-linhagem sem características apropriadas ao cultivo comercial, 2- linhagem com poucas características apropriadas ao cultivo comercial, 3- linhagem com boas características apropriadas ao cultivo comercial, 4- linhagem com excelentes características apropriadas ao cultivo comercial. Os dados foram transformados em $\sqrt{x + 0,5}$ para a realização das

análises estatísticas.

- Comprimento de vagem (COMPV): média do comprimento de vagem obtido a partir de 5 vagens tomadas ao acaso na área útil da parcela, em unidade.

- Número de grãos por vagem (NGV): média do número de grãos obtidos a partir de cinco vagens tomadas ao acaso na área útil da parcela, em unidade.

- Peso de 100 grãos (P100G): peso médio de 100 grãos obtidos de cinco vagens tomadas ao acaso na área útil da parcela, em gramas.

- Índice de grãos (IG): razão entre o peso de grãos e o peso de vagens, obtido a partir de cinco vagens tomadas ao acaso na área útil da parcela, em %.

- Produtividade de grãos (PROD): produtividade de grãos da na área útil da parcela (m^2), em g m^{-2} e extrapolada para kg ha^{-1} .

- Qualidade comercial do grão (QCG): Escala visual de notas utilizada para classificar a qualidade comercial do grão dos genótipos avaliados, de acordo com a cor, forma, tamanho, aspecto do hilo e presença/ausência de defeitos do grão: 1 - Péssima: grão com muita perda de cor pós-colheita, formato não reniforme, com número de grãos/100 gramas abaixo de 400 grãos ou acima de 500 grãos e presença de defeitos (rachaduras no tegumento e/ou bico de peixe); 2: Ruim: grão com muita perda de cor pós-colheita, formato não reniforme, número de grãos/100 gramas abaixo de 400 ou acima de 500 grãos e ausência de defeitos; 3- Regular: grão com pouca perda de cor pós-colheita, formato não reniforme, número de grãos/100 gramas entre 400 a 500 grãos e ausência de defeitos; 4 - Boa: grão com pouca perda de cor pós-colheita, formato reniforme, com número de grãos por 100 gramas entre 400 a 500 grãos e ausência de defeitos; 5- Excelente: grão com ausência ou pouca de perda de cor pós-colheita, formato reniforme e número de grãos/100 gramas entre 400 a 500 grãos e ausência de defeitos. Os dados foram transformados em $\sqrt{x + 0,5}$ para a realização das análises estatísticas.

3.5 Análises estatísticas

Inicialmente, realizou-se uma análise de resíduos dos dados obtidos nos experimentos para se verificar a presença de valores discrepantes e estimar possíveis dados de parcelas perdidas, que após estimados, foram substituídos por seus respectivos valores fenotípicos preditos, com auxílio do software estatístico SAS® Analytics (SAS University Edition, 2018).

Para avaliar a significância entre os efeitos aleatórios do modelo linear misto foi elaborado um teste de razão da Verossimilhança (LTR), disposto por meio da diferença entre as deviances para o modelo com o efeito a ser testado e sem o efeito a ser testado, onde a significância foi comparada com o teste do Qui-quadrado, com 1 grau de liberdade.

As estimativas dos componentes de variância, valores e parâmetros genéticos foram obtidas por meio do método da máxima verossimilhança restrita e do melhor preditor não viesado (REML/BLUP), com auxílio do software estatístico SELEGEN – REML/BLUP versão 2016, abordando o modelo 96, que consiste no seguinte estimador:

$$Y = Xr + Zg + e$$

Equação (1)

Em que:

Y = é o vetor dos dados;

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

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

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

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

O modelo abordado leva em consideração a recomendação realizada por Resende e Duarte (2007), sugerindo a adoção dos efeitos de genótipos como aleatórios quando a quantidade de tratamentos for igual ou superior a 10.

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

- Variância fenotípica: (σ_f^2) ;
- Variância ambiental média: (σ_e^2) ;
- Variância genotípica média: (σ_g^2) ;
- Herdabilidade no sentido amplo: (h_g^2) ;

- Herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias dos genótipos: (h_{mg}^2) ;
- Coeficiente de variação genético: CV_g ;
- Coeficiente de variação experimental: CV_e ;
- Quociente b: $\left(\frac{CV_g}{CV_e}\right)$;
- Acurácia seletiva da linhagem: $\hat{r}_{gg}$.

Por conseguinte, foram preditos valores genotípicos por intermédio do BLUP de cada indivíduo avaliado para as características sob análise, no sentido de se obter as correlações genéticas (Pearson) com o auxílio do software R (R CORE TEAM, 2019), utilizando a equação proposta por Falconer (1987) e Ramalho *et al.* (1993):

$$\bullet \text{ Correlação genotípica: } (r_g)r_{G(xy)} = \frac{COV_{G(xy)}}{\sqrt{\sigma_{Gx}^2 \sigma_{Gy}^2}} \quad \text{Equação (2)}$$

Em que:

$r_{G(xy)}$ = correlação genética entre os caracteres X e Y;

$COV_{G(xy)}$ = covariância genética entre os caracteres X e Y;

$\sigma_{Gx}^2 \sigma_{Gy}^2$ = variâncias genéticas dos caracteres X e Y, respectivamente.

A intensidade de seleção adotada nos ensaios C1 e C2 foram respectivamente 37,84% e 43,37% (14 indivíduos em ambos ensaios), os materiais que apresentaram os maiores valores genotípicos preditos em cada experimento foram selecionados.

Adicionalmente, adotou-se o índice de seleção da soma de postos ou ranks, proposto por Mulamba e Mock (1978) (IMM), onde a seleção foi realizada com base na classificação ou ordenação das linhagens para os múltiplos caracteres. O cálculo dependeu apenas das médias genotípicas obtidas via modelo misto, nenhum peso econômico foi adotado. O índice foi estimado por meio do modelo 101 abordado pelo software SELEGEN – REML/BLUP versão 2016, que refere-se a seguinte equação:

$$I_{MM} = Rxu \quad \text{Equação (3)}$$

Em que:

R = é a matriz $v \times n$ dos postos associados às médias genotípicas ajustadas dos v

genótipos relativos aos n caracteres;

u = é o vetor $n \times 1$ de pesos econômicos.

O sentido da seleção adotado nos caracteres é apresentado na Tabela 3, e as exigências preestabelecidas para inclusão das variáveis no índice de seleção e estimação dos valores genéticos preditos foram: a presença de variabilidade genética por meio da constatação da significância no teste LRT, elevada herdabilidade, acurácia seletiva alta, serem de grande importância para obtenção do ideótipo final ou possuírem correlação com estas variáveis e/ou outras variáveis correlacionadas a elas.

Tabela 3. Sentido de seleção adotado nas variáveis eleitas para o índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978).

Variáveis	Sentido da seleção
TP ⁽¹⁾	Diminuir
NGV	Aumentar
P100G	Aumentar
PROD	Aumentar
QCG	Aumentar

¹Seleção realizada apenas no C1; TP: Tipo de porte; NVG: Número de grãos por vagem; P100G: Peso de 100 grãos; PROD: Produtividade de grãos em kg ha⁻¹ e QGC: Qualidade comercial do grão.

4 RESULTADO E DISCUSSÃO

4.1 Análises de Deviance individuais nos experimentos

Observou-se diferença significativa entre os genótipos a 1% e 5% de probabilidade pelo teste do qui-quadrado no ensaio intermediário do cruzamento 1 (C1) (Tabela 4) para TP, COMPV, NGV, P100G, IG, PROD e QCG, exceto para IF, VC e ACAM. No cruzamento 2 (C2), quase todas as variáveis apresentaram diferença significativa para os caracteres avaliados a 1% de probabilidade, com apenas COMPV e IG apresentando diferença significativa à 5% de probabilidade e IF e TP não sendo significativos (Tabela 5). Segundo Resende e Alves (2020), os valores de deviance baixos e até mesmo negativos indica baixos valores residuais e, portanto, maior adequabilidade do modelo para realização de inferências sobre os indivíduos estudados, importando apenas se a diferença encontrada entre esses dois valores são positivos no LRT.

Estes resultados indicam a presença de variabilidade genética para o grupo de genótipos avaliados em ambos os experimentos e, conseqüentemente, probabilidade de sucesso no processo de seleção de indivíduos superiores de modo a se obter plantas eretas que possibilitem o cultivo de forma mecanizada, com produtividade e qualidade de grãos satisfatórias.

De acordo com Silva *et al.* (2020), a agricultura brasileira moderna tem se adaptado para melhoria do processo produtivo de grãos aliado e manutenção da qualidade dos mesmos e, portanto, a identificação de genótipos de feijão-caupi que mantenham o padrão comercial, após expostos a aplicação de herbicidas dessecantes e condições de armazenagens recorrentes nas propriedades agrícolas, é extremamente pertinente para as empresas produtoras de sementes.

Bernardo *et al.* (2018) também observaram variabilidade genética para a produção e seus componentes; no entanto, Barros *et al.*, (2011) não verificaram diferença significativa entre genótipos de inflorescência simples

em comparação aos de inflorescência composta para produção nos primeiros cruzamentos realizados com esse objetivo, mas destacou o potencial produtivo das progênes resultantes, indicando possibilidade de ganho significativos de produtividade com a introdução da inflorescência composta através do processo de seleção nas etapas seguintes.

Tabela 4. Análises de Deviance (ANADEV) individuais dos caracteres avaliados no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021.

IF ⁽¹⁾			*TP ⁽²⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	94.59 ⁺	0,02 ^{ns}	Genótipo	-195.55 ⁺	6,34 *
Modelo completo	94.57		Modelo completo	-201.89	
*VC ⁽³⁾			*ACAM ⁽⁴⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	-105.36 ⁺	1.75 ^{ns}	Genótipo	-232.03 ⁺	2.73 ^{ns}
Modelo completo	-107.11		Modelo completo	-234.76	
COMPV ⁽⁵⁾			NGV ⁽⁶⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	27.65 ⁺	17.58 **	Genótipo	171.86 ⁺	23.92**
Modelo completo	10.04		Modelo completo	147.94	
P100G ⁽⁷⁾			IG ⁽⁸⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	251.93 ⁺	14.9 **	Genótipo	336.94 ⁺	16.2 **
Modelo completo	237.03		Modelo completo	320.74	
PROD ⁽⁹⁾			*QCG ⁽¹⁰⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	1001.28 ⁺	30.57 **	Genótipo	-101.96 ⁺	34,2 **
Modelo completo	970.71		Modelo completo	-136.16	

¹⁾Início da floração; ⁽²⁾ Tipo de porte; ⁽³⁾Valor de cultivo; ⁽⁴⁾Acamamento; ⁽⁵⁾Comprimento de vagem; ⁽⁶⁾Número de grãos por vagem; ⁽⁷⁾Peso de 100 grãos; ⁽⁸⁾Índice de grãos; ⁽⁹⁾Produtividade de grãos em kg ha⁻¹; ⁽¹⁰⁾Qualidade comercial do grão; LRT (teste de razão de verossimilhança); Qui – quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1% respectivamente; ⁺Deviance do modelo

ajustado sem o efeito mencionado; *Variáveis transformadas para $\sqrt{x + 0,5}$.

Tabela 5. Análises de Deviance (ANADEV) individuais dos caracteres avaliados no ensaio intermediário do cruzamento 2. Teresina, PI, 2021.

IF ⁽¹⁾			*TP ⁽²⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	62.48 ⁺	2,66 ^{ns}	Genótipo	-160.81 ⁺	3.29 ^{ns}
Modelo completo	59.83		Modelo completo	-164.10	
*VC ⁽³⁾			*ACAM ⁽⁴⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	-106.34 ⁺	9.2 ^{**}	Genótipo	-185.52 ⁺	19.17 ^{**}
Modelo completo	-115.54		Modelo completo	-204.69	
COMPV ⁽⁵⁾			NGV ⁽⁶⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	45.40 ⁺	6.39 [*]	Genótipo	123.37 ⁺	19.00 ^{**}
Modelo completo	39.01		Modelo completo	104.37	
P100G ⁽⁷⁾			IG ⁽⁸⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	236.29 ⁺	26.86 ^{**}	Genótipo	293.32 ⁺	4.13 [*]
Modelo completo	209.43		Modelo completo	289.19	
PROD ⁽⁹⁾			*QCG ⁽¹⁰⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	837.09 ⁺	23.14 ^{**}	Genótipo	-88.68 ⁺	25,47 ^{**}
Modelo completo	813.95		Modelo completo	-114.15	

¹⁾Início da floração; ²⁾ Tipo de porte; ³⁾Valor de cultivo; ⁴⁾Acamamento; ⁵⁾Comprimento de vagem; ⁶⁾Número de grãos por vagem; ⁷⁾Peso de 100 grãos; ⁸⁾Índice de grãos; ⁹⁾Produtividade de grãos em kg ha⁻¹; ¹⁰⁾Qualidade comercial do grão; LRT (teste de razão de verossimilhança). Qui – quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1% respectivamente.

*Deviance do modelo ajustado sem o efeito mencionado; *Variáveis transformadas para $\sqrt{x + 0,5}$.

4.2 Parâmetros genéticos nos cruzamentos C1 e C2

Constatada a variação existente entre as linhagens avaliadas é de suma importância estratificá-la nas fontes de variação ambiental e genética (NETO *et al.*, 2017). As maiores estimativas de herdabilidade a nível individual e de médias no C1 foram para os caracteres: TP, COMPV, NGV, P100G, IG, PROD e QCG (Tabela 6); já no C2, os caracteres IG, COMPV, VC, NGV, ACAM, PROD, P100G e QCG foram superiores (Tabela 7).

As variáveis que não exibiram variabilidade genética na ANADEV em ambos experimentos apresentaram valores deste parâmetros bem inferiores aos citados anteriormente. Por isso toda variação encontrada para IF, VC e ACAM nos genótipos do C1 e para IF e TP no C2 são de natureza ambiental e não podem ser repassadas após ciclos sucessivos de seleção (RAMALHO *et al.*, 2012). Resultado esperado uma vez que as linhagens avaliadas no C1, já apresentam um certo nível de uniformidade para o carácter IF (IF e TP no C2), que possui(m) herdabilidade alta e predominância de efeitos aditivos (SOUSA *et al.*, 2016; MATOS FILHO *et al.*, 2014); assim, a seleção realizada nas gerações iniciais foi eficiente para fixar o tipo de porte ereto e ciclo de cultivo precoce na maioria das linhagens do presente estudo. Bem como VC, no qual a arquitetura da planta é determinante na perpetuação de indivíduos com escore elevado.

Os valores de herdabilidade para PROD e NGV foram maiores do que os obtidos por Bernardo *et al.* (2018); no entanto, para o carácter P100G, apenas o C2 apresentou herdabilidade superior. Barros *et al.* (2011) conduzindo uma população de um dos seus retrocruzamentos obtiveram valores de herdabilidade de 0,75 e 0,68 em progênies de inflorescência simples e composta, respectivamente, para NGV, onde o C1 e C2 obtiveram valores inferiores aos de inflorescência simples e apenas C1 foi superior às progênies de inflorescência composta neste carácter, a nível individual, pois as herdabilidades obtidas em nível de médias de C1 e C2 superaram estes valores.

Tabela 6. Estimativa de parâmetros genéticos (REML) para dez caracteres¹ avaliados em 37 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021.

Parâmetro	IF	TP*	VC*	ACAM*	COMPV	NGV	P100G	IG	PROD	QCG*
σ^2_g	0,03427	0,008845	0,016770	0,003584	0,303854	2,522868	6,408776	21,584769	275727,78624	0,063236
σ^2_e	1,20394	0,013164	0,060251	0,009677	0,184716	1,097879	4,600419	14,269518	88790,80028	0,017515
σ^2_f	1,23822	0,022009	0,077021	0,013261	0,488570	3,620747	11,009195	35,854287	364518,58653	0,080751
h^2_g	0,02768	0,401896	0,217732	0,270255	0,621925	0,696781	0,582129	0,602014	0,756416	0,783093
h^2_{mg}	0,05387	0,57336	0,357602	0,425513	0,766898	0,821298	0,735881	0,751571	0,861318	0,878353
f_{gg}	0,23210	0,757206	0,597999	0,652314	0,875727	0,906255	0,857835	0,866932	0,928072	0,937205
CV _g %	0,58747	6,319275	7,952116	4,710258	6,885717	14,358441	11,352751	5,634342	35,342181	15,404889
CV _e %	3,48182	7,709019	15,07299	7,740041	5,368695	9,471902	9,618609	4,581146	20,055665	8,107535
CV _r	0,16873	0,819725	0,527574	0,608557	1,282568	1,515898	1,180290	1,229898	1,762204	1,900071
Média	31,5135	1,48829	1,628482	1,270955	8,005405	11,062162	22,299054	82,457567	1485,754047	1,632383

¹IF: Início da floração; TP: Tipo de porte; VC: Valor de cultivo; ACAM: Acamamento; COMPV: Comprimento de vagem; NVG: Número de grãos por vagem; P100G: Peso de 100 grãos; IG: Índice de grãos; PROD: Produtividade de grãos em kg ha⁻¹; QGC: Qualidade comercial do grão; σ^2_g : variância genotípica; σ^2_e : variância residual; σ^2_f : variância fenotípica; h^2_g : herdabilidade individual no sentido amplo; h^2_{mg} : herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias dos genótipos; f_{gg} : acurácia seletiva; CV_g%: coeficiente de variação genotípica; CV_e%: coeficiente de variação residual; CV_r: coeficiente de variação relativa.

*Variáveis transformadas para $\sqrt{x + 0,5}$.

Tabela 7. Estimativa de parâmetros genéticos (REML) para dez caracteres¹ avaliados em 32 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 2. Teresina, PI, 2021.

Parâmetro	IF	TP*	VC*	ACAM*	COMPV	NGV	P100G	IG	PROD	QCG*
σ^2_g	0,2580	0,007797	0,030002	0,011211	0,295156	1,629129	11,320166	13,179107	174272,6943	0,058906
σ^2_e	0,6432	0,016788	0,029192	0,005296	0,388979	0,777177	3,549235	24,127307	66035,6002	0,019790
σ^2_f	0,9012	0,024586	0,059194	0,016506	0,684134	2,406305	14,869401	37,30641	240308,2945	0,078696
h^2_g	0,2863	0,317153	0,506843	0,679176	0,431430	0,677025	0,761306	0,353267	0,7252	0,748526
h^2_{mg}	0,4451	0,481574	0,672722	0,808940	0,602795	0,807412	0,864479	0,522095	0,8407	0,856179
f_{gg}	0,6672	0,693955	0,820196	0,899411	0,776399	0,898561	0,929774	0,722561	0,9169	0,925300
CVg _i %	1,6401	5,944462	10,547103	8,247838	6,746233	11,287534	15,020921	4,784142	37,0984	15,794577
CV _e %	2,5897	8,722468	10,403729	5,668684	7,744589	7,796170	8,410804	6,473147	22,8365	9,154851
CV _r	0,6333	0,681511	1,013781	1,454983	0,871090	1,447831	1,785908	0,739075	1,624522	1,725269
Média	30,968750	1,485463	1,642268	1,283744	8,053125	11,307813	22,399063	75,88203	1125,276567	1,536640

¹IF: Início da floração; TP: Tipo de porte; VC: Valor de cultivo; ACAM: Acamamento; COMPV: Comprimento de vagem; NVG: Número de grãos por vagem; P100G: Peso de 100 grãos; IG: Índice de grãos; PROD: Produtividade de grãos em kg ha⁻¹; QGC: Qualidade comercial do grão; σ^2_g : variância genotípica; σ^2_e : variância residual; σ^2_f : variância fenotípica; h^2_g : herdabilidade individual no sentido amplo; h^2_{mg} : herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias dos genótipos; f_{gg} : acurácia seletiva; CVg_i%: coeficiente de variação genotípica; CV_e%: coeficiente de variação residual; CV_r: coeficiente de variação relativa.

*Variáveis transformadas para $\sqrt{x + 0,5}$.

Andrade *et al.* (2010), avaliando genótipos de feijão-caupi para produção de grãos verdes obtiveram coeficiente de determinação genotípico para as variáveis VC e TP de 0,9021 e 0,8718, respectivamente, valores bem superiores às herdabilidades obtidas em C2 e C1.

A acurácia seletiva é um parâmetro genético de muita importância no contexto de avaliação de genótipos e está vinculado ao valor genético verdadeiro de cada genótipo que é estimado (quando o efeito do genótipo no modelo é fixo) ou predito (efeito do genótipo no modelo é aleatório), tendo como base os dados experimentais fenotípicos, variando de 0 à 1, onde os valores mais próximos da unidade são desejáveis (RESENDE; DUARTE, 2007).

Em geral os valores de acurácia obtidas nos dois cruzamentos variaram de moderado a muito alto, segundo a classificação proposta por Resende e Alves (2020). O menor valor para este parâmetro foi relacionado ao caráter IF (0,23 e 0,66), nos dois cruzamentos, que não se enquadra na classificação geral citada anteriormente e, os maiores valores em C1 foram de QCG (0,93), PROD (0,92) e NGV (0,90). No C2 os maiores valores foram apresentados por P100G (0,93), QCG (0,92) e PROD (0,92). Resende e Duarte (2007) afirmam que níveis de acurácia acima de 0,90 só são possíveis quando a herdabilidade obtida pela variável está acima dos 0,60, cenário observado em C1 e C2. Segundo esses autores é muito raro esta situação quando se trata de caracteres quantitativos, havendo portanto uma exceção para PROD.

Diante do contexto do QCG, Delmondes *et al.* (2017) afirmam que o feijão-caupi da subclasse comercial fradinho é amplamente aceito para o mercado de exportação e interno; no entanto, a ocorrência de manchas no grão dificulta ou até impede o processo de comercialização e por isso enfatiza que a manutenção da qualidade visual dos grãos é de suma importância no desenvolvimento de novas cultivares. A avaliação visual realizada pelos autores foi mais eficiente do que a utilização de leitura em colorímetro na detecção de genótipos sem manchas. Isso reforça a importância da exploração da variabilidade genética obtida neste estudo para suprir as demandas do mercado consumidor, uma vez que as estimativas de

herdabilidade e acurácia seletiva encontradas permitem a realização do processo de seleção de forma confiável.

Neto *et al.* (2017) obtiveram valores de acurácia seletiva muito elevados para NGV (0,93), P100G (0,98) e COMPV (0,95) e afirmam que os valores encontrados por ele são resultado da eficiência dos modelos mistos adotados e aos preditores REML/BLUP, sendo uma das possíveis justificativas para os resultados encontrados entre os materiais de C1 e C2 para algumas das variáveis avaliadas no presente estudo.

Apesar dos valores dos primeiros caracteres citados serem muito acentuados, as variáveis IG, COMPV e TP apresentaram valores de acurácia indicados como altos no C1 com os respectivos valores de 0,86, 0,88 e 0,75. Além disso, quase todas as variáveis do C2 se enquadraram neste intervalo de acurácia, excetuando-se apenas IF e TP com 0,66 e 0,69 respectivamente.

O coeficiente de determinação relativo é outro parâmetro genético de grande importância que se relaciona com a acurácia e é oriundo da relação entre o coeficiente de variação genotípico e experimental. Há uma relação direta entre a obtenção de uma determinada acurácia e o valor desse coeficiente com o número de repetições adotados no experimento, de modo que para obtenção de acurácia seletiva com valores inclusos dentro dos intervalos classificados como “muito alto” em experimentos com 2 repetições, deve-se apresentar valor igual ou superior a 1,5 deste parâmetro (RESENDE; DUARTE, 2007). Essa situação foi observada para os caracteres que apresentaram valores de acurácia superiores à 0,90 citados anteriormente. Portanto, no C1, os valores deste parâmetro genético para NGV, PROD e QCG foram respectivamente 1,51, 1,76 e 1,9 e no C2 para P100G, QCG e PROD foram 1,78, 1,72 e 1,62.

Ressalta-se que na literatura comumente a relação entre o coeficiente de variação genotípica e experimental permitem a seleção do caráter sobre estudo desde que a razão entre ambos seja igual ou superior a 1 (MEIRA *et al.*, 2017). Portanto, os caracteres COMPV (1,28), IG (1,22) e P100G (1,18) no C1 também podem protagonizar ganhos genéticos

significativos bem como VC (1,01), ACAM (1,45) e NGV (1,44) no C2. Silva e Neves (2011), estudando componentes de produção para feijão-caupi sob cultivo irrigado encontraram valores de VC (2,09), P100G (2,04) e PROD (2,40) bem superiores aos desse estudo para esse parâmetro; porém, os valores de IG (0,90), COMPV (1,18) e NGV (0,95) obtidos por eles foram inferiores aos destes cruzamentos/experimentos, mas é válido lembrar que as repetições possuem um valor inestimável na obtenção desse parâmetro e para realização de uma comparação válida é necessário comparar experimentos com os mesmos números de repetições.

Os valores obtidos para o coeficiente de correlação no presente estudo, tanto no C1 (Figura 7) quanto no C2 (Figura 8), foram predominantemente baixos e não significativos, portanto, há relação de independência entre a maioria dos pares de caracteres avaliados indicando que o melhoramento de uma característica não influencia o melhoramento da outra; porém, algumas relações intermediárias significativas foram estabelecidas e discutidas a seguir. Segundo Resende e Alves (2020), o coeficiente de correlação genético (r_g) não deve ser interpretado apenas com base na sua significância e sim principalmente com base na sua magnitude, podendo ser classificada em 3 classes distintas, “baixa” com variação do coeficiente de 0 à 0,33, “média” com valores entre 0,34 e 0,66 e “alta” quando os valores compreendendo o intervalo entre 0,67 e 1. Lembrando que esse coeficiente varia de -1 à 1.

A maior relação entre pares de caracteres no C1 foi observada entre QCG e P100G ($r_g = 0,63$), uma associação desejável, pois a demanda atual é por cultivares com grão grande (avaliada indiretamente pelo P100G) e ao mesmo tempo com alta qualidade comercial.

No C2, a relação entre PROD e IF foi negativa e com intensidade mediana ($r_g = -0,40$), indicando que é possível selecionar linhagens precoces e ao mesmo tempo com maior produtividade. No cultivo em grandes áreas, onde o feijão-caupi é cultivado na safrinha e a janela de chuvas é curta, a demanda por cultivares precoces ou superprecoces é crescente. Resultados semelhantes foram captados por Correa *et al.* (2015) ($r_g = -0,43$).

No C1, o TP apresentou correlação média e negativa com o VC ($r_g = -0,54$), o que é favorável no melhoramento de feijão-caupi, indicando ser fácil a seleção para porte ereto e alto valor de cultivo. Os genótipos com valores elevados de TP, que representam o tipo de porte prostrado ou semiprostrado, não estão dentro do ideótipo desejável para o produtor, que cada vez mais busca mecanizar o seu cultivo de modo a otimizar seu tempo e dinheiro. Oliveira (2014) obteve aproximadamente o mesmo sentido e intensidade de associação ($r_g = -0,92$) e Andrade *et al.* (2010) que também obtiveram o mesmo sentido, porém com intensidade maior ($r_g = -0,98$) para essa relação. As magnitudes de r_g superiores encontradas nos outros trabalhos podem ter sido ocasionados pela maior quantidade de repetições adotadas nos experimentos. Desta forma, mesmo com adoção dos modelos mistos, isso pode não ter sido suficiente em termos de eficiência no uso de duas repetições.

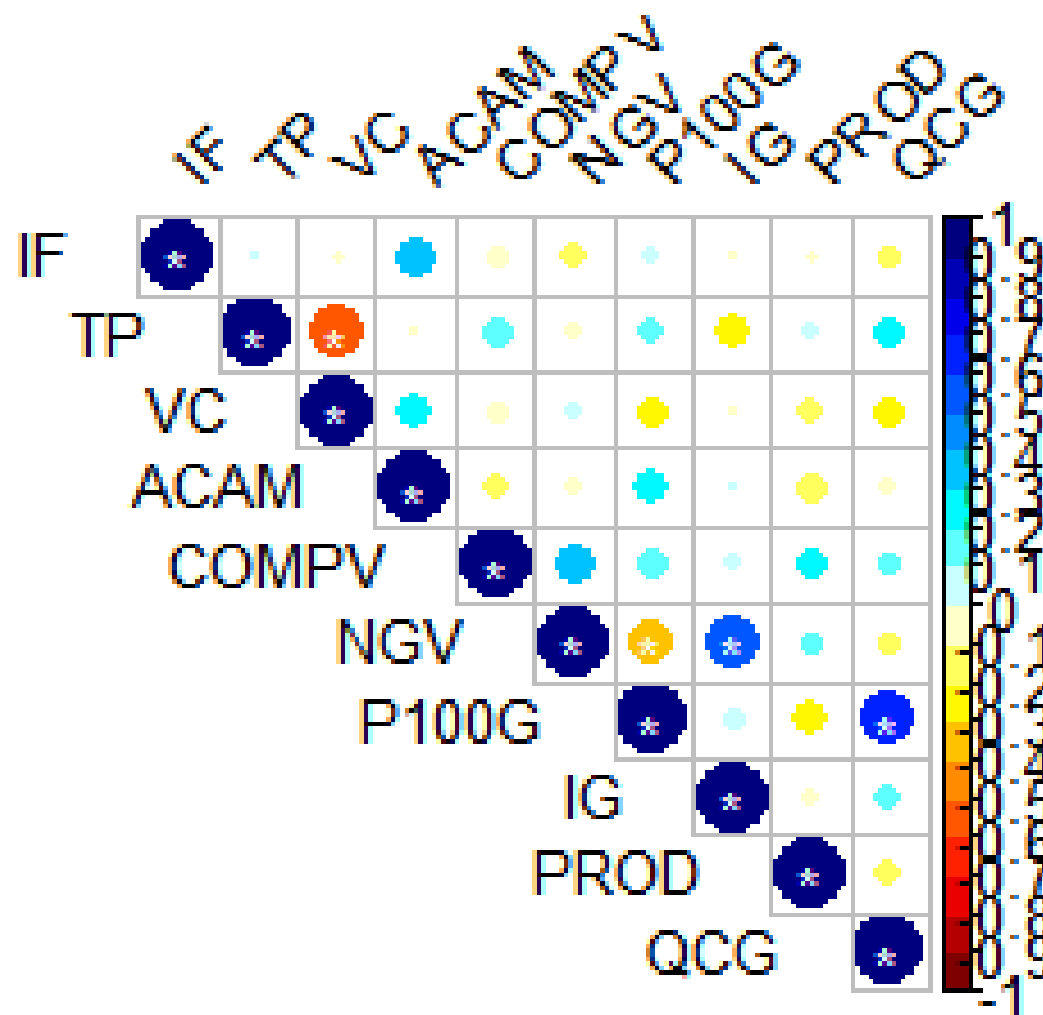


Figura 7. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre caracteres avaliados em 37 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021. IF: Início da floração; TP: Tipo de porte; VC: Valor de cultivo; ACAM: Acamamento; COMPV: Comprimento de vagem; NVG: Número de grãos por vagem; P100G: Peso de 100 grãos; IG: Índice de grãos; PROD: Produtividade de grãos em kg ha⁻¹; QCG: Qualidade comercial do grão; *Significativo à 5% de probabilidade pelo teste t.

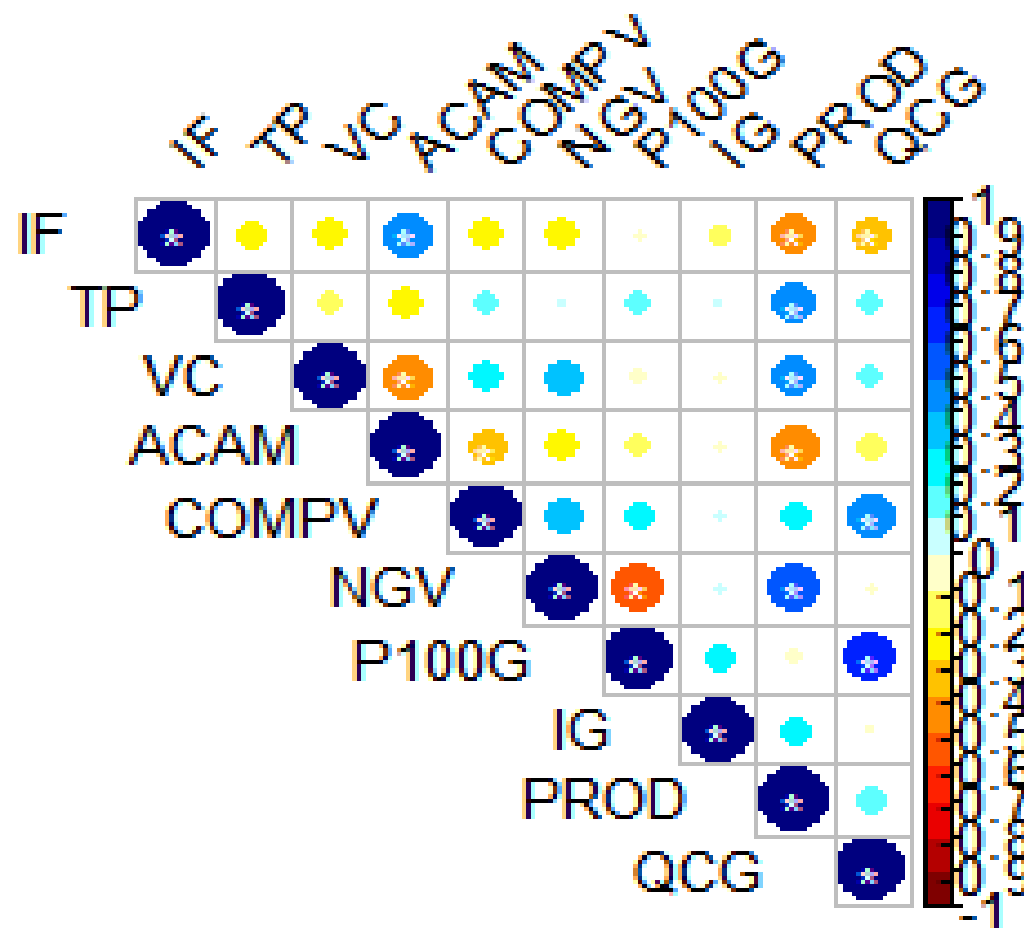


Figura 8. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre caracteres avaliados em 32 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 2. Teresina, PI, 2021. IF: Início da floração; TP: Tipo de porte; VC: Valor de cultivo; ACAM: Acamamento; COMPV: Comprimento de vagem; NVG: Número de grãos por vagem; P100G: Peso de 100 grãos; IG: Índice de grãos; PROD: Produtividade de grãos em kg ha^{-1} ; QGC: Qualidade comercial do grão; *Significativo à 5% de probabilidade pelo teste t.

O coeficiente de correlação genética entre IG e NGV em C1 também é favorável para o melhoramento do feijão-caupi ($r_g = 0,56$), pois uma vez que se aumenta o número de grãos por vagem obtém-se também uma alta relação grão/vagem, e conseqüentemente, menor relação casca/vagem. Trabalhos conduzidos por Públio Júnior *et al.* (2018) e Oliveira (2014), apresentaram r_g entre esses dois caracteres respectivamente de 0,46 e 0,59, no mesmo sentido e intensidade do apresentado no presente estudo, ao contrário de Andrade *et al.* (2010), que encontraram intensidade e sentido oposto ($r_g = -0,16$). No entanto, deve-se levar em consideração que a maneira de obtenção do índice de grãos em vagens verdes é realizada de forma diferente ao de grãos secos e pode ter sido fator determinante na obtenção dessa relação.

O NGV apresentou uma relação mediana e negativa com o P100G no C1 ($r_g = -0,38$), o que é esperado, levando em consideração que possivelmente com a quantidade de grãos acrescidos à vagem, a tendência é que as sementes diminuam como uma forma de compensação de dose, para caber na vagem de mesmo tamanho. Oliveira (2014) e Correa *et al.* (2015) observaram sentido oposto de correlação para esse par de caracteres ($r_g = 0,49$) e ($r_g = 0,86$); em contrapartida, Correa *et al.* (2012) ($r_g = -0,15$), Andrade *et al.* (2010) ($r_g = -0,69$) e Públio Junior *et al.* (2018) ($r_g = -0,25$), obtiveram valores no mesmo sentido encontrado no presente estudo e com intensidades variando de baixa à alta.

Da mesma maneira que PROD, QCG apresentou coeficiente de correlação negativo e mediano à IF no C2 ($r_g = -0,34$). Não há estudos de correlação relacionando a precocidade e a qualidade de grãos para feijão-caupi ainda; no entanto, pelo resultado obtido acredita-se que quanto mais precoce o genótipo, maior a tendência do mesmo apresentar características comerciais atrativas, como já é observado atualmente, pois a maioria das cultivares comercializadas hoje são precoces.

A correlação obtida entre PROD e TP no C2, foi positiva e de intensidade média ($r_g = 0,41$). Valor semelhante foi obtido por Oliveira (2014) ($r_g = 0,58$) e diferente de Andrade *et al.* (2010) ($r_g = -0,99$), indicando que maior

produtividade pode ser alcançada na seleção de linhagens com porte semiprostardo a prostrado. Esse resultado de correlação sinaliza positivamente para a seleção de cultivares de porte semiprostrado, mas com nível de inserção das vagens acima ou no nível da folhagem, bastante apreciadas pelos agricultores familiares, pelo fato de permitirem a realização de mais de uma colheita durante o cultivo.

A correlação genética positiva com intensidade média entre VC e PROD ($r_g = 0,41$) em contraste com associação negativa entre VC e ACAM ($r_g = -0,45$) em C2, com intensidades semelhantes, permite a seleção de linhagens altamente produtivas e resistentes ao acamamento, características que são buscadas no cultivo totalmente mecanizado (FREIRE FILHO, 2011). Já o ACAM se apresentou positivamente correlacionado com o IF ($r_g = 0,48$), e negativamente correlacionado com COMPV ($r_g = -0,36$) e PROD ($r_g = -0,46$), indicando que a seleção de linhagens com baixo acamamento e precoces irá produzir plantas com tamanho maior de vagem e mais produtivas. Apesar do tamanho da vagem menor nas plantas de inflorescência composta quando comparada as plantas de inflorescência simples, as de inflorescência composta pode compensar a produtividade por hectare tendo em vista que as plantas apresentam um número de vagens por planta três vezes maior do que as plantas de inflorescência simples.

A relação de QCG com COMPV ($r_g = 0,49$) e P100G ($r_g = 0,61$) no C2 foram positivas e com intensidade média, sendo a segunda o coeficiente de correlação de maior intensidade no C2, portanto indicando que a seleção indireta para a qualidade de grão pode trazer ganhos simultâneos para o tamanho do grão e da vagem.

O caráter NGV apresentou correlação genética negativa e média com o P100G ($r_g = -0,56$) e positiva e média com a PROD ($r_g = 0,54$) no C2, indicando que a seleção para aumento do número de grãos por vagem pode diminuir o tamanho do grão, mas levar a aumentos na produtividade. Públio Júnior *et al.* (2018) ($r_g = 0,59$) e Correa *et al.* (2015) ($r_g = 0,12$) obtiveram resultados no mesmo sentido para PROD, no entanto, Andrade *et al.* (2010) ($r_g = -0,29$) encontraram sentido oposto. Para P100G Públio Júnior *et al.*

(2018) ($r_g = -0,25$) e Andrade *et al.* (2010) ($r_g = -0,69$) foram concordantes em sentido ao presente estudo e Correa *et al.* (2015) ($r_g = 0,86$) obtiveram sentido oposto.

4.3 Seleção de linhagens superiores via BLUPs individuais

Em relação ao carácter TP no C1, a presença de variabilidade genética possibilitou ganhos genéticos significativos e alteração da média geral por meio da predominância dos desvios negativos da média nas estimativas BLUPs alcançadas pelo intervalo de seleção compreendido pelas linhagens 17, 18, 20, 24, 26, 28, 29, 32, 1, 2, 10, 12 e 16 avaliadas, mais os parentais (Tabela 8). Onde o último integrante do intervalo de seleção apresentou ganho de 0,36% e o primeiro colocado -10,15% e ganho genético geral -0,07 (-4,96%), indicando que após a seleção, linhagens com tipo de porte ereto predominam, o que é de interesse no melhoramento genético do feijão-caupi, pois genótipos de porte ereto possibilitam a colheita mecanizada e um arranjo mais compacto no campo de produção, consequentemente, aumento da produtividade (HALL, 2012; FREIRE FILHO *et al.*, 2017). Isso ocorre pela possibilidade de espaçamentos entre plantas mais adensados e alocação de mais plantas por hectare.

Tabela 8. Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o carácter tipo de porte* (TP*) de 37 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
3	1	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
4	2	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
5	3	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
6	4	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
11	5	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
14	6	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
15	7	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415

19	8	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
21	9	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
22	10	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
23	11	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
25	12	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
27	13	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
30	14	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
31	15	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
33	16	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
34	17	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
35	18	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
36 (P1)	19	0,0532	1,5415	0,0532	1,5415
7	20	0,0054	1,4937	0,0508	1,5391
8	21	0,0054	1,4937	0,0487	1,5370
9	22	0,0054	1,4937	0,0467	1,5350
13	23	0,0054	1,4937	0,0449	1,5332
17	24	0,0054	1,4937	0,0433	1,5316
18	25	0,0054	1,4937	0,0417	1,5300
20	26	0,0054	1,4937	0,0404	1,5286
37 (P2)	27	-0,0489	1,4394	0,0370	1,5253
24	28	-0,0489	1,4394	0,0340	1,5223
26	29	-0,0489	1,4394	0,0311	1,5194
28	30	-0,0489	1,4394	0,0284	1,5167
29	31	-0,0489	1,4394	0,0260	1,5142
32	32	-0,0489	1,4394	0,0236	1,5119
1	33	-0,1511	1,3372	0,0183	1,5066
2	34	-0,1511	1,3372	0,0133	1,5016
10	35	-0,1511	1,3372	0,0086	1,4969
12	36	-0,1511	1,3372	0,0042	1,4925
16	37	-0,1511	1,3372	0,0000	1,4883
Média geral			1,4883		

*Variável transformada para $\sqrt{x + 0,5}$.

Os estudos relacionados ao TP para estimativas BLUPs não são frequentes na cultura do feijão-caupi. TORRES FILHO *et al.* (2017) por exemplo, avaliando 23 genótipos de feijão verde em Mossoró-RN dentro de dois períodos de safras distintos não detectou variabilidade genética para o caráter. Estes autores creditaram a ausência de variabilidade ao elevado grau de melhoramento encontrado nas linhagens componentes dos ensaios finais de rendimento, que já dispõem de material com porte definido nas gerações iniciais em função da herança simples do caráter (MATOS FILHO *et al.*, 2014; RIBEIRO; BOITEUX; SANTOS, 2014).

O peso de 100 grãos no C1 foi em média de 22,29 gramas (Tabela 9), sendo superior aos valores médios observados no trabalho conduzido por Matos *et al.* (2016) avaliando 10 progênies de feijão-caupi nas gerações F_{3:4} e F_{3:5}, as quais apresentaram 18,38 e 16,56 gramas, respectivamente.

Tabela 9. Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter peso de 100 grãos (P100G) de 37 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
35	1	5,6559	27,9549	5,6559	27,9549
33	2	4,0443	26,3434	4,8501	27,1492
25	3	2,5321	24,8312	4,0774	26,3765
14	4	2,1531	24,4522	3,5964	25,8954
19	5	1,8588	24,1578	3,2488	25,5479
7	6	1,8441	24,1431	3,0147	25,3138
18	7	1,8257	24,1247	2,8448	25,1439
3	8	1,7999	24,0990	2,7142	25,0133
36 (P1)	9	1,7226	24,0217	2,6041	24,9031
12	10	1,5056	23,8046	2,4942	24,7933
31	11	1,2112	23,5103	2,3776	24,6766
5	12	0,8580	23,1570	2,2509	24,5500

4	13	0,5526	22,8517	2,1203	24,4194
2	14	0,4459	22,7450	2,0007	24,2998
11	15	0,3539	22,6530	1,8909	24,1900
1	16	0,1148	22,4138	1,7799	24,0790
27	17	0,1074	22,4065	1,6815	23,9806
24	18	0,0265	22,3255	1,5896	23,8886
29	19	-0,0766	22,2225	1,5019	23,8009
8	20	-0,1060	22,1930	1,4215	23,7205
34	21	-0,1796	22,1195	1,3452	23,6443
23	22	-0,2127	22,0863	1,2744	23,5735
10	23	-0,3488	21,9502	1,2039	23,5029
15	24	-0,3488	21,9502	1,1392	23,4382
28	25	-0,4776	21,8214	1,0745	23,3735
13	26	-0,6358	21,6632	1,0087	23,3078
9	27	-0,8419	21,4572	0,9402	23,2392
32	28	-1,0479	21,2511	0,8692	23,1682
37 (P2)	29	-1,1620	21,1371	0,7991	23,0982
30	30	-1,5962	20,7029	0,7193	23,0183
21	31	-1,8132	20,4858	0,6376	22,9366
26	32	-2,0046	20,2945	0,5550	22,8541
16	33	-2,1444	20,1547	0,4732	22,7723
22	34	-2,1444	20,1547	0,3962	22,6953
20	35	-3,1194	19,1796	0,2958	22,5948
6	36	-4,0871	18,2120	0,1740	22,4731
17	37	-6,2653	16,0338	0,0000	22,2991
Média geral			22,2991		

A variabilidade genética presente entre os genótipos de inflorescência composta avaliados neste estudo possibilita o aumento do peso de 100 grãos, onde os desvios positivos dos BLUPS gerados pelas linhagens 35, 36

(P1), 33, 25, 14, 19, 7, 18, 3, 12, 31, 5, 4 e 2 proporcionaram deslocamento significativo da média geral com ganho genético individual mínimo e máximo pelo intervalo de seleção compreendido de 0,45 g (2%) e 5,66 g (25,36%), respectivamente, e ganho geral de 2 g (9%), sendo o último superior ao valor genético obtido por Barros *et al.* (2011), que selecionou 10 progênies de inflorescência composta para produção de grãos e obteve indiretamente ganho para peso de 100 grãos equivalente à 0,5 g, bem como os valores genéticos individuais de algumas linhagens foram superiores ao BLUP individual predito do melhor material avaliado por Matos *et al.* (2016), que foi de 3,79 g. Isso indica a possibilidade de aumento do tamanho do grão, elemento fundamental para a comercialização e consumo do mesmo no Brasil e no mundo (FAITH *et al.*, 2011; FREIRE FILHO, 2011; ROCHA *et al.*, 2017a).

O valor médio obtido para o NGV no C1 foi 11,06 (Tabela 10), valor inferior ao das progênies F_{3:4} e F_{3:5} avaliadas por Matos *et al.* (2016), com 13,49 e 14,59 grãos por vagem. Com base na variabilidade genética disponível e adoção da intensidade de seleção de 37,84% obteve-se um ganho genético significativo permitido pelos desvios positivos dos BLUPs relacionados com as linhagens selecionadas 17, 26, 11, 15, 30, 24, 7, 22, 25, 6, 10, 9, 12 e 31, no qual o último indivíduo do grupo forneceu 0,69 (6,22%) grãos e o primeiro 2,41 (21,81%) grãos, apresentando ganho geral de 1,36 (12,27%) grãos.

Tabela 10. Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter número de grãos por vagem (NGV) de 37 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
17	1	2,4128	13,4750	2,4128	13,4750
26	2	2,3307	13,3929	2,3718	13,4339
11	3	1,7558	12,8180	2,1664	13,2286
15	4	1,6737	12,7358	2,0432	13,1054
30	5	1,4273	12,4894	1,9200	12,9822

24	6	1,3862	12,4484	1,8311	12,8932
7	7	1,2630	12,3252	1,7499	12,8121
22	8	1,2630	12,3252	1,6891	12,7512
25	9	1,1398	12,2020	1,6280	12,6902
6	10	1,0988	12,1609	1,5751	12,6373
10	11	1,0166	12,0788	1,5243	12,5865
9	12	0,7702	11,8324	1,4615	12,5237
12	13	0,7702	11,8324	1,4083	12,4705
31	14	0,6881	11,7503	1,3569	12,4190
4	15	0,6881	11,7503	1,3123	12,3745
20	16	0,6470	11,7092	1,2707	12,3329
18	17	0,4417	11,5039	1,2219	12,2841
37 (P1)	18	0,3596	11,4218	1,1740	12,2362
29	19	0,3185	11,3807	1,1290	12,1912
32	20	0,1953	11,2575	1,0823	12,1445
1	21	0,1132	11,1754	1,0362	12,0983
5	22	-0,0511	11,0111	0,9868	12,0489
19	23	-0,0511	11,0111	0,9416	12,0038
14	24	-0,4617	10,6005	0,8832	11,9453
8	25	-0,5438	10,5183	0,8261	11,8882
28	26	-0,5438	10,5183	0,7734	11,8356
13	27	-0,6260	10,4362	0,7216	11,7837
34	28	-0,7902	10,2719	0,6676	11,7297
23	29	-1,4472	9,6149	0,5947	11,6568
27	30	-1,5294	9,5328	0,5239	11,5860
16	31	-1,5294	9,5328	0,4576	11,5198
35	32	-1,6936	9,3685	0,3904	11,4526
33	33	-2,0222	9,0400	0,3173	11,3794
2	34	-2,1864	8,8758	0,2436	11,3058
3	35	-2,1864	8,8758	0,1742	11,2364
36 (P1)	36	-2,9256	8,1366	0,0881	11,1503
21	37	-3,1720	7,8902	0,0000	11,0622
Média geral			11,0622		

A nova média desse carácter ajustada pelos desvios neste estudo (12,42

grãos) foi inferior aos valores genéticos obtidos por Oliveira *et al.* (2017) em 11 populações de feijão-caupi, sendo três de parentais e oito de progênes F₄ oriundas de cruzamentos e retrocruzamentos entre os parentais, onde os valores de BLUEs entre as populações variaram de 13,68 à 17,68 grãos por vagem. Porém, mesmo sem valor médio superior aos gerados por Matos *et al.* (2016), os desvios negativos encontrados por estes autores em algumas progênes indica maior probabilidade de ganho com os materiais listados neste estudo os quais foram todos positivos para o intervalo de indivíduos selecionados. Barros *et al.* (2011), selecionando cinco progênes de inflorescência composta para produtividade de grãos no 2º retrocruzamento conduzido por eles conseguiram ganho indireto de 0,71 grãos por vagem, inferior ao ganho geral deste estudo.

A possibilidade de ganho é promissora do ponto de vista do melhoramento, pois a maioria dos trabalhos com genótipos de inflorescência simples apontam mais sementes por vagem do que os trabalhos envolvendo inflorescência composta (SOUSA *et al.*, 2016). Porém, esta suposição é válida desde que o tamanho da vagem aumente junto para que a elevação da quantidade de grãos não reduza o tamanho do mesmo a fim de se adequar à vagem e gerar correlação negativa com P100G, como observado neste trabalho. Apesar dos valores de correlação entre NGV e COMPV serem baixas neste estudo, na literatura há indícios de correlação elevada entre ambos e, portanto, sucesso com o processo de seleção indireta para COMPV (ANDRADE *et al.* 2010; CORREA *et al.*, 2015; OLIVEIRA *et al.* 2017; JÚNIOR *et al.*, 2018). Além disso, a correlação média e positiva entre COMPV e QCG obtida neste trabalho pode contribuir neste sentido.

A PROD no C1 foi de 1485,75 kg ha⁻¹, sendo relativamente baixa (Tabela 11), em comparação aos experimentos conduzidos por Sousa *et al.* (2015b), produzindo em regime hídrico de sequeiro 1957 kg ha⁻¹ e 2390 kg ha⁻¹ quando irrigado para grãos verdes.

Tabela 11. Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter produtividade de grãos em kg ha⁻¹ (PROD) de 37 linhagens

de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
31	1	1834,9368	3320,6908	1834,9368	3320,6908
16	2	855,0645	2340,8186	1345,0007	2830,7547
6	3	661,3984	2147,1524	1117,1332	2602,8873
15	4	527,3351	2013,0892	969,6837	2455,4378
34	5	342,4114	1828,1654	844,2292	2329,9833
20	6	268,0800	1753,8341	748,2044	2233,9584
28	7	227,8998	1713,6538	673,8752	2159,6292
9	8	201,9312	1687,6852	614,8822	2100,6362
26	9	201,0699	1686,8240	568,9030	2054,6571
27	10	178,8050	1664,5590	529,8932	2015,6473
22	11	176,9531	1662,7072	497,8078	1983,5618
1	12	158,9948	1644,7488	469,5733	1955,3274
21	13	148,1854	1633,9394	444,8512	1930,6052
36 (P1)	14	102,3635	1588,1175	420,3878	1906,1418
7	15	92,3723	1578,1263	398,5201	1884,2741
29	16	80,8738	1566,6278	378,6672	1864,4212
37 (P2)	17	4,0877	1489,8418	356,6331	1842,3872
35	18	-2,1999	1483,5542	336,6979	1822,4520
19	19	-5,2144	1480,5396	318,7026	1804,4566
8	20	-29,3742	1456,3798	301,2987	1787,0528
25	21	-38,2458	1447,5083	285,1299	1770,8840
5	22	-74,2917	1411,4624	268,7926	1754,5466
30	23	-77,0048	1408,7492	253,7579	1739,5120
11	24	-78,4260	1407,3280	239,9169	1725,6710
17	25	-140,8712	1344,8829	224,6854	1710,4394
18	26	-203,6178	1282,1363	208,2122	1693,9662
10	27	-257,8805	1227,8736	190,9495	1676,7035
4	28	-294,3571	1191,3970	173,6171	1659,3712
2	29	-299,9556	1185,7985	157,2870	1643,0411
32	30	-399,7386	1086,0154	138,7195	1624,4736
33	31	-434,1911	1051,5629	120,2385	1605,9926
12	32	-456,4561	1029,2980	102,2168	1587,9709

13	33	-488,7122	997,0418	84,3099	1570,0639
23	34	-506,5414	979,2126	66,9319	1552,6859
3	35	-529,9260	955,8280	49,8788	1535,6329
24	36	-653,2229	832,5311	30,3482	1516,1023
14	37	-1092,5354	393,2187	0,0000	1485,7540
Média geral			1485,7540		

A variabilidade existente entre as linhagens estudadas permitiu ganhos genéticos expressivos e deslocamento da média geral através das médias preditas via BLUPs, para as linhagens 31, 16, 6, 15, 34, 20, 28, 9, 26, 27, 22, 1 e 13, mais o parental 36 (P1). Estas foram superiores aos demais genótipos avaliados e apresentaram os maiores ganhos genéticos quando comparados à média geral. Dentre estas, a última integrante do intervalo de seleção apresentou ganho de 102,36 kg ha⁻¹ ou 6,89% e o primeiro do rank 1834,93 kg ou 123,50%, com ganho genético geral de 420,39 kg ha⁻¹ (28,30%). Estes valores percentuais de ganho são extremamente superiores à diversos trabalhos como o de Torres *et al.* (2016), que avaliaram a produtividade de grãos na Região Centro-Oeste e encontraram estimativas para os dois melhores genótipos de aproximadamente 18,79% e 18,04%; e Rocha *et al.* (2017b), estudando 20 genótipos de feijão-caupi na região Nordeste obtendo ganhos de 10,56%, 8,52% e 7,76% para os três melhores genótipos. O elevado ganho genético alcançado pode ser em função da introdução da característica inflorescência composta nas linhagens do presente estudo.

A média dos dados dos genótipos transformados para QCG foi 1,63 (Tabela 12). A variabilidade genética existente entre os indivíduos avaliados permitiu ganhos genéticos satisfatórios e incrementação da média geral através das médias preditas via BLUPs pelas linhagens 25, 4, 5, 11, 12, 13, 14, 24, 31, 33, 35, 7 e 8, mais o parental 36 (P1), com ganhos genéticos elevados em relação a média geral, com a última integrante do grupo fornecendo ganho de 0,08 (5,04%) e a primeira 0,63 (38,35%), com ganho geral de 0,2367 (14,50%) para o intervalo de seleção contemplado pelas linhagens.

Tabela 12. Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter qualidade comercial do grão* (QCG*) de 37 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
36 (P1)	1	0,6261	2,2585	0,6261	2,2585
25	2	0,4295	2,0618	0,5278	2,1602
4	3	0,2094	1,8418	0,4217	2,0541
5	4	0,2094	1,8418	0,3686	2,0010
11	5	0,2094	1,8418	0,3368	1,9692
12	6	0,2094	1,8418	0,3156	1,9479
13	7	0,2094	1,8418	0,3004	1,9328
14	8	0,2094	1,8418	0,2890	1,9214
24	9	0,2094	1,8418	0,2802	1,9126
31	10	0,2094	1,8418	0,2731	1,9055
33	11	0,2094	1,8418	0,2673	1,8997
35	12	0,2094	1,8418	0,2625	1,8949
7	13	0,0822	1,7146	0,2486	1,8810
8	14	0,0822	1,7146	0,2367	1,8691
18	15	0,0822	1,7146	0,2264	1,8588
28	16	0,0822	1,7146	0,2174	1,8498
2	17	-0,0450	1,5874	0,2020	1,8344
3	18	-0,0450	1,5874	0,1883	1,8206
9	19	-0,0450	1,5874	0,1760	1,8084
15	20	-0,0450	1,5874	0,1649	1,7973
16	21	-0,0450	1,5874	0,1549	1,7873
22	22	-0,0450	1,5874	0,1459	1,7782
26	23	-0,0450	1,5874	0,1376	1,7699
27	24	-0,0450	1,5874	0,1299	1,7623
29	25	-0,0450	1,5874	0,1229	1,7553
30	26	-0,0450	1,5874	0,1165	1,7489
32	27	-0,0743	1,5581	0,1094	1,7418
10	28	-0,2015	1,4309	0,0983	1,7307
19	29	-0,2015	1,4309	0,0880	1,7204
23	30	-0,2015	1,4309	0,0783	1,7107

34	31	-0,2015	1,4309	0,0693	1,7017
1	32	-0,3580	1,2743	0,0559	1,6883
6	33	-0,3580	1,2743	0,0434	1,6758
17	34	-0,3580	1,2743	0,0316	1,6640
20	35	-0,3580	1,2743	0,0205	1,6528
21	36	-0,3580	1,2743	0,0099	1,6423
37 (P2)	37	-0,3580	1,2743	0,0000	1,6324
Média geral			1,6324		

*Variável transformada para $\sqrt{x + 0,5}$.

Levando em consideração os dados originais com a finalidade de favorecer as interpretações relacionadas ao ranqueamento dos genótipos para a QCG é notável que a linhagem 36 (P1) recebeu nota 5 em ambas as repetições, permanecendo na primeira colocação; em segundo lugar, o genótipo 25 recebeu nota 4 em ambas as repetições; já as linhagens 4, 5, 11, 12, 13, 14, 24, 31, 33 e 35 receberam nota 3 em ambas as repetições; e as linhagens 7 e 8 receberam notas 2 e 3 na 1ª e 2ª repetição, respectivamente. Isso demonstra que há possibilidade de seleção de indivíduos com qualidade comercial de grão superior entre as linhagens de inflorescência composta avaliadas e que o terceiro ciclo de cruzamentos realizados foi eficiente para melhorar a qualidade comercial os grãos dos genótipos de inflorescência composta e, portanto, maior chance de aceitação do mercado produtor, comercial e consumidor ao final do processo de melhoramento (FREIRE FILHO, 2011; ALMEIDA *et al.*, 2020). Mesmo com apenas uma linhagem apresentando escore próximo da melhor testemunha (inflorescência simples), já consolidada no mercado de cultivares, boa parte das linhagens possuem boas características que podem ser trabalhadas futuramente com estratégias adequadas no programa de melhoramento.

O valor genético do P100G no C2 em média foi de 22,31 gramas (Tabela 13), sendo aproximadamente similar à média do C1 e também superior aos valores médios observados no trabalho conduzido por Matos *et al.* (2016).

Tabela 13. Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos

efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter peso de 100 grãos (P100G) de 32 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 2. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
31 (P1)	1	13,1192	35,5183	13,1192	35,5183
30	2	3,1907	25,5898	8,1550	30,5540
28	3	2,9443	25,3434	6,4181	28,8172
3	4	2,7628	25,1619	5,5043	27,9033
20	5	2,5424	24,9414	4,9119	27,3110
27	6	1,7081	24,1072	4,3779	26,7770
6	7	1,3710	23,7701	3,9484	26,3474
24	8	1,3407	23,7398	3,6224	26,0215
13	9	1,0468	23,4459	3,3362	25,7353
18	10	0,9690	23,3681	3,0995	25,4986
15	11	0,8999	23,2989	2,8995	25,2986
10	12	0,8134	23,2125	2,7257	25,1248
8	13	0,5627	22,9618	2,5593	24,9584
1	14	0,2731	22,6722	2,3960	24,7951
5	15	-0,0294	22,3696	2,2343	24,6334
29	16	-0,5654	21,8336	2,0593	24,4584
23	17	-0,7383	21,6607	1,8948	24,2938
25	18	-0,7383	21,6607	1,7485	24,1476
16	19	-1,1576	21,2415	1,5955	23,9946
14	20	-1,3434	21,0556	1,4486	23,8477
11	21	-1,3910	21,0081	1,3134	23,7124
4	22	-1,4818	20,9173	1,1863	23,5854
7	23	-1,5898	20,8092	1,0656	23,4647
12	24	-1,6028	20,7963	0,9544	23,3535
9	25	-1,6071	20,7920	0,8520	23,2510
21	26	-1,6676	20,7314	0,7551	23,1541
2	27	-1,8881	20,5110	0,6572	23,0562
26	28	-2,9125	19,4866	0,5297	22,9287
22	29	-2,9168	19,4823	0,4108	22,8099
32 (P2)	30	-3,2755	19,1235	0,2880	22,6870
19	31	-4,1314	18,2677	0,1454	22,5445

17	32	-4,5074	17,8916	0,0000	22,3991
Média geral			22,3991		

Assim como no C1, a variabilidade genética presente em C2 para o P100G entre as linhagens avaliados neste estudo proporciona o aumento do tamanho do grão, onde os desvios positivos dos BLUPS gerados pelas linhagens 30, 28, 3, 20, 27, 6, 24, 13, 18, 15, 10, 8 e 1, mais o parental 31, proporcionaram incremento na média geral, com P1 e a última linhagem (1) compreendidas no intervalo de seleção disponibilizando ganhos de 13,12 g (58,57%) e 0,27 g (1,22%) respectivamente e ganho geral de 2,40 g (10,70%). Assim como C1, os ganhos foram superiores ao maior valor de ganho genético obtido por Barros *et al.* (2011), selecionando 10 progênie de feijão-caupi de inflorescência composta para produtividade e indiretamente para este caráter. No entanto, com exceção da linhagem parental 32 (P1), os valores genéticos individuais de todas as linhagens foram inferiores ao BLUP individual predito para o melhor genótipo avaliado por Matos (2016), que foi de 3,79 g. Ainda assim, as linhagens selecionadas apresentaram probabilidade de aumento do grão, destacando-se a linhagem parental 31 e as linhagens 30, 28 e 3, com P100G superiores a 25 g/100 grãos, demonstrando portanto, boa probabilidade de aceitação pelo mercado produtor, comercial e consumidor de grãos secos.

A média obtida para o NGV no C2 foi 11,30 bem similar à C1 (Tabela 14), também foi inferior aos das progênie $F_{3:4}$ e $F_{3:5}$ avaliadas por Matos *et al.* (2016).

Tabela 14. Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter número de grãos por vagem (NGV) de 32 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 2. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
17	1	3,0618	14,3696	3,0618	14,3696
8	2	2,0929	13,4008	2,5774	13,8852
12	3	1,3663	12,6741	2,1737	13,4815

32 (P2)	4	1,1241	12,4319	1,9113	13,2191
19	5	1,0433	12,3511	1,7377	13,0455
22	6	1,0433	12,3511	1,6220	12,9298
15	7	0,9626	12,2704	1,5278	12,8356
6	8	0,8818	12,1897	1,4470	12,7548
24	9	0,7204	12,0282	1,3663	12,6741
4	10	0,6396	11,9474	1,2936	12,6014
5	11	0,4781	11,7859	1,2195	12,5273
30	12	0,3167	11,6245	1,1442	12,4521
11	13	0,2359	11,5437	1,0744	12,3822
29	14	-0,0063	11,3015	0,9972	12,3050
14	15	-0,0063	11,3015	0,9303	12,2381
25	16	-0,1678	11,1400	0,8617	12,1695
2	17	-0,2485	11,0593	0,7963	12,1042
16	18	-0,2485	11,0593	0,7383	12,0461
21	19	-0,2485	11,0593	0,6864	11,9942
7	20	-0,4100	10,8978	0,6315	11,9394
13	21	-0,4100	10,8978	0,5819	11,8898
1	22	-0,5715	10,7363	0,5295	11,8373
9	23	-0,5715	10,7363	0,4816	11,7895
10	24	-0,6522	10,6556	0,4344	11,7422
23	25	-0,6522	10,6556	0,3909	11,6987
26	26	-0,6522	10,6556	0,3508	11,6586
28	27	-0,6522	10,6556	0,3137	11,6215
3	28	-1,0156	10,2922	0,2662	11,5740
18	29	-1,0559	10,2519	0,2206	11,5284
27	30	-2,1056	9,2023	0,1431	11,4509
20	31	-2,1056	9,2023	0,0705	11,3783
31 (P1)	32	-2,1863	9,1215	0,0000	11,3078
Média geral			11,3078		

A variabilidade genética presente juntamente com a escolha da intensidade de seleção de 43,37% proporcionou ganho genético expressivo permitido pelos desvios predominantemente positivos dos BLUPs

relacionados com as linhagens 17, 8, 12, 19, 22, 15, 6, 24, 4, 5, 30, 11 e 29, mais a linhagem parental 32, selecionados; assim como no C1, no qual a última linhagem do grupo forneceu -0,01 (-0,01%) grão e o primeiro 3,06 (21,81%) grãos, apresentando ganho geral de 1,00 (8,82%) grão. No entanto, a nova média da variável ajustada pelos desvios neste estudo (12,30 grãos) também foi inferior aos valores genéticos obtidos por Oliveira *et al.* (2017) em 11 populações de feijão-caupi e Matos *et al.* (2016), os desvios negativos gerados por estes autores em algumas progênes indica maiores chances de ganho com as linhagens selecionadas no presente estudo, os quais foram todos predominantemente positivos para esse grupo. Assim como em C1, os valores genéticos observados por Barros *et al.* (2011), selecionando progênes de feijão-caupi de inflorescência composta, foram inferiores ao ganho genético geral deste estudo para o caráter em questão.

A PROD no C2 foi de 1125,27 kg ha⁻¹, menor em comparação com a obtida no C1 (Tabela 15), no entanto, mesmo assim as linhagens avaliadas apresentaram um grau de variabilidade genética que também permite ganhos genéticos expressivos e deslocamento da média geral a partir das médias preditas.

Tabela 15. Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter produtividade em kg ha⁻¹ (PROD) de 32 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 2. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
17	1	664,7710	1790,0475	664,7710	1790,0475
22	2	562,6665	1687,9430	613,7187	1738,9953
24	3	478,1328	1603,4094	568,5234	1693,8000
13	4	439,4601	1564,7366	536,2576	1661,5341
7	5	364,0482	1489,3248	501,8157	1627,0923
14	6	357,6167	1482,8933	477,7825	1603,0591
21	7	349,6720	1474,9486	459,4810	1584,7576
4	8	343,0303	1468,3069	444,9247	1570,2013
8	9	315,4970	1440,7736	430,5438	1555,8204

6	10	256,1848	1381,4613	413,1079	1538,3845
12	11	227,0961	1352,3727	396,1978	1521,4743
11	12	158,9564	1284,2329	376,4277	1501,7042
15	13	147,4386	1272,7152	358,8131	1484,0897
20	14	95,9029	1221,1795	340,0338	1465,3104
3	15	92,7083	1217,9848	323,5454	1448,8220
19	16	49,0753	1174,3519	306,3911	1431,6676
1	17	-16,4583	1108,8183	287,3999	1412,6765
30	18	-35,8367	1089,4399	269,4423	1394,7189
25	19	-41,8898	1083,3867	253,0564	1378,3330
31 (P1)	20	-42,2681	1083,0084	238,2902	1363,5668
29	21	-56,5602	1068,7163	224,2497	1349,5263
32 (P2)	22	-89,6003	1035,6763	209,9838	1335,2604
28	23	-122,6823	1002,5943	195,5201	1320,7966
5	24	-211,5035	913,7730	178,5607	1303,8373
9	25	-321,9731	803,3034	158,5394	1283,8160
18	26	-372,1216	753,1549	138,1293	1263,4059
16	27	-408,8187	716,4578	117,8720	1243,1486
10	28	-426,2215	699,0551	98,4401	1223,7167
23	29	-604,7047	520,5719	74,1937	1199,4703
2	30	-685,4131	439,8635	48,8735	1174,1501
27	31 (P1)	-731,7364	393,5402	23,6925	1148,9691
26	32 (P2)	-734,4687	390,8079	0,0000	1125,2766
Média geral			1125,2766		

As linhagens 17, 22, 24, 13, 7, 14, 21, 4, 8, 6, 12, 11, 15 e 20 foram superiores aos demais avaliados e apresentaram os maiores ganhos genéticos quando comparados à média geral, onde a última linhagem do intervalo de seleção apresentou ganho de 95,90 kg ha⁻¹ ou 7,81% e a primeira, 664,771 kg ha⁻¹ ou 69,27% e o ganho geral com base nos 14

indivíduos foi de 340,03 kg ha⁻¹ ou 30,21%, percentuais que ainda permanecem elevados. Barros *et al.* (2011), avaliando o ganho para produção selecionando cinco progênies de feijão-caupi de inflorescência composta oriundas dos retrocruzamentos 1 e 2 entre parentais com inflorescência simples e composta alcançaram ganhos de 92,96 kg ha⁻¹ e 119,24 kg ha⁻¹ respectivamente. No entanto, Sousa *et al.* (2019) estudando 16 genótipos de feijão-caupi para produtividade de grãos verdes no Norte e Nordeste do Brasil relatam ganhos de 292,58 kg ha⁻¹, 284,47 kg ha⁻¹ e 167,99 kg ha⁻¹ para as linhagens mais produtivas, indicando que as linhagens avaliadas no presente estudo apresentam potencial nas próximas etapas de seleção e estão dentro do intervalo de ganhos observados na literatura.

Assim como no C1, os valores genéticos da QCG observados no C2 (Tabela 16) foram interpretados utilizando-se os dados originais de notas para facilitar a compreensão dos resultados. Sendo assim, a média dos dados das linhagens transformados foi 1,54.

Tabela 16. Médias obtidas por meio do melhor preditor não viesado individual dos efeitos genotípicos (g), valores genéticos preditos (u + g), ganho genético predito e nova média para o caráter qualidade comercial do grão* (QCG*) de 32 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 2. Teresina, PI, 2021.

Linhagem	Ordem	g	u+g	Ganho	Nova Média
31 (P1)	1	0,6923	2,2289	0,6923	2,2289
6	2	0,5006	2,0372	0,5964	2,1331
8	3	0,2861	1,8228	0,4930	2,0296
11	4	0,2861	1,8228	0,4413	1,9779
28	5	0,2861	1,8228	0,4102	1,9469
18	6	0,1621	1,6988	0,3689	1,9055
3	7	0,0381	1,5747	0,3216	1,8583
5	8	0,0381	1,5747	0,2862	1,8228
9	9	0,0381	1,5747	0,2586	1,7953
12	10	0,0381	1,5747	0,2366	1,7732
14	11	0,0381	1,5747	0,2185	1,7552
15	12	0,0381	1,5747	0,2035	1,7401

17	13	0,0381	1,5747	0,1908	1,7274
20	14	0,0381	1,5747	0,1799	1,7165
23	15	0,0381	1,5747	0,1704	1,7071
24	16	0,0381	1,5747	0,1621	1,6988
30	17	0,0381	1,5747	0,1548	1,6915
2	18	-0,1145	1,4222	0,1399	1,6765
4	19	-0,1145	1,4222	0,1265	1,6631
7	20	-0,1145	1,4222	0,1145	1,6511
13	21	-0,1145	1,4222	0,1036	1,6402
19	22	-0,1145	1,4222	0,0936	1,6303
21	23	-0,1145	1,4222	0,0846	1,6212
25	24	-0,1145	1,4222	0,0763	1,6129
26	25	-0,1145	1,4222	0,0687	1,6053
29	26	-0,1145	1,4222	0,0616	1,5983
1	27	-0,2670	1,2696	0,0495	1,5861
10	28	-0,2670	1,2696	0,0381	1,5748
16	29	-0,2670	1,2696	0,0276	1,5643
22	30	-0,2670	1,2696	0,0178	1,5544
27	31	-0,2670	1,2696	0,0086	1,5453
32 (P2)	32	-0,2670	1,2696	0,0000	1,5366
Média geral			1,5366		

*Variável transformada para $\sqrt{x + 0,5}$.

A variabilidade genética existente entre as linhagens avaliadas, assim como no C1, permitiu ganhos genéticos significativos e deslocamento da média geral através das médias preditas via BLUPs. As linhagens 31 (P1), 6, 8, 11, 28, 18, 3, 5, 9, 12, 14, 15, 17 e 20 apresentaram ganhos genéticos altos em relação a média geral, com a última linhagem do grupo fornecendo ganho de 0,04 (2,48%) e o primeiro 0,69 (45,05%) com ganho geral de 0,18 (11,71%) para o intervalo de seleção contemplado pelos materiais.

Considerando os dados originais com a finalidade de favorecer as interpretações relacionadas ao ranqueamento dos genótipos para a qualidade comercial do grão, pode-se destacar a linhagem 31 (P1), que recebeu nota 5 em ambas repetições, permanecendo na primeira colocação;

em segundo lugar, o genótipo 6 recebeu nota 4 em ambas repetições; já as linhagens 8, 11 e 28 receberam nota 3 em ambas as repetições; a linhagem 18 recebeu notas 2 e 3 na 1ª e 2ª repetição, respectivamente; e as demais linhagens no intervalo de seleção receberam nota 2 em ambas as repetições. Isso demonstra que também há possibilidade de seleção de indivíduos com qualidade comercial de grão superior entre as linhagens avaliadas no C2, mesmo que apenas uma linhagem tenha demonstrado nota próximo ao parental de inflorescência simples, quatro das linhagens selecionadas possuem boas características que podem ser trabalhadas futuramente com estratégias adequadas no programa de melhoramento, sendo o início da etapa relacionada a seleção de grãos com importância comercial em genótipos de feijão-caupi de inflorescência composta.

Nenhuma linhagem de C1 e apenas duas linhagens do C2, se fizeram presentes em todos intervalos de seleção para os diferentes caracteres, apresentando-se como possíveis candidatas a compor a próxima etapa de seleção para obtenção de uma cultivar de feijão-caupi de inflorescência composta. Segundo o ranqueamento realizado pelos valores genéticos preditos, as únicas linhagens que se fizeram presentes em todos os ranks foram a 6 e 8. No geral, o restante das linhagens não foram condordantes para os caracteres de interesse, o que era previsto, uma vez que a seleção truncada não pondera as proporções de ganhos entre os caracteres de interesse simultaneamente.

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

As estimativas de ganhos genéticos esperados em porcentagem e valores inteiros com base na seleção simultânea dos caracteres TP, NGV, P100G, QCG e PROD no C1 estão apresentados na Tabela 17 e o ranqueamento das linhagens na Tabela 18. O ranqueamento das linhagens foi realizado com base em valores genéticos elaborados através da correção da média geral pelos desvios dos BLUPs preditos. Sendo assim, de acordo

com o ordenamento realizado pela índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (IMM) e com o ganho genético predito de cada linhagem, estimaram-se os ganhos genéticos gerais para cada caráter e posteriormente do índice em si levando em consideração todas os caracteres. Portanto, os valores de ganhos genéticos gerais obtidos por meio do IMM para TP, NGV, P100G, QCG e PROD foram respectivamente -0,01 (-0,54%), 0,89 (8,02%), 0,51 g (2,29%), 0,10 (6,30%) e 103,2802 (6,95%) e o ganho do IMM para todas os caracteres simultaneamente foi de 23,02%.

Mesmo apresentando valores de ganho genético bem inferiores aos ganhos gerais obtidos por indivíduos selecionados pelos BLUPs individuais no C1 para TP -0,07 (-4,96%), NGV 1,36 (12,27%), P100G 2 g (9%), QCG 0,2367 (14,50%) e PROD 420,39 kg ha⁻¹ (28,30%), as linhagens seelcionadas pelo IMM mantiveram os valores mínimos desejados no sentido da seleção visado pelo melhorista.

Oliveira *et al.* (2017), avaliando 12 caracteres simultaneamente em populações de progênies F₄ de feijão-caupi obtiveram ganhos genéticos entre 5% à 31,25%; intervalo de ganho geral no qual o presente estudo se encaixa. Dias (2009), estudando 27 genótipos de feijão-caupi de portes eretos e semieretos obteve ganhos genéticos para os caracteres NGV, P100G e PROD de 10,89%, 17,88% e 6,47% respectivamente, que estão dentro das proporções observadas no presente estudo, exceto para P100G em que os valores comparados são bem diferentes.

Tabela 17. Ganho de seleção geral e específico para os caracteres tipo de porte (TP), peso de 100 grãos (P100G), número de grãos por vagem (NGV), produtividade kg ha⁻¹ (PROD) e Qualidade comercial de grão (QCG) obtidos via índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978) (IMM) a partir da avaliação de 37 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021.

IMM											
		TP*		NGV		P100G		QCG*		PROD	
Linhagem	Rank	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %
7	1	0,0054	0,36%	1,263	11,42%	1,8441	8,27%	0,0822	5,04%	92,3723	6,22%
12	2	-0,1511	-10,15%	0,7702	6,96%	1,5056	6,75%	0,2094	12,83%	-456,4561	-30,72%
25	3	0,0532	3,57%	1,1398	10,30%	2,5321	11,36%	0,4295	26,31%	-38,2458	-2,57%
11	4	0,0532	3,57%	1,7558	15,87%	0,3539	1,59%	0,2094	12,83%	-78,426	-5,28%
31	5	0,0532	3,57%	0,6881	6,22%	1,2112	5,43%	0,2094	12,83%	1834,9368	123,50%
26	6	-0,0489	-3,29%	2,3307	21,07%	-2,0046	-8,99%	-0,045	-2,76%	201,0699	13,53%
24	7	-0,0489	-3,29%	1,3862	12,53%	0,0265	0,12%	0,2094	12,83%	-653,2229	-43,97%
15	8	0,0532	3,57%	1,6737	15,13%	-0,3488	-1,56%	-0,045	-2,76%	527,3351	35,49%
4	9	0,0532	3,57%	0,6881	6,22%	0,5526	2,48%	0,2094	12,83%	-294,3571	-19,81%
9	10	0,0054	0,36%	0,7702	6,96%	-0,8419	-3,78%	-0,045	-2,76%	201,9312	13,59%
5	11	0,0532	3,57%	-0,0511	-0,46%	0,858	3,85%	0,2094	12,83%	-74,2917	-5,00%
1	12	-0,1511	-10,15%	0,1132	1,02%	0,1148	0,51%	-0,358	-21,93%	158,9948	10,70%
18	13	0,0054	0,36%	0,4417	3,99%	1,8257	8,19%	0,0822	5,04%	-203,6178	-13,70%
28	14	-0,0489	-3,29%	-0,5438	-4,92%	-0,4776	-2,14%	0,0822	5,04%	227,8998	15,34%

Ganho geral	-0,0081	-0,54%	0,8876	8,02%	0,5108	2,29%	0,1028	6,30%	103,2802	6,95%
-------------	---------	--------	--------	-------	--------	-------	--------	-------	----------	-------

*Variável transformada para $\sqrt{x + 0,5}$.

Tabela 18. Classificação individual de 37 linhagens de feijão-caupi de inflorescência composta com base na seleção simultânea de cinco caracteres via índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978) (IMM) avaliadas no ensaio intermediário do cruzamento 1. Teresina, PI, 2021.

IMM						
Linhagem	TP*	NGV	P100G	PROD	QCG*	Soma de Ranks
1	1	21	16	12	32	82
2	2	34	14	29	17	96
3	19	35	8	35	18	115
4	20	14	13	28	3	78
5	21	22	12	22	4	81
6	22	10	36	3	33	104
7	12	7	6	15	13	53
8	13	25	20	20	14	92
9	14	12	27	8	19	80
10	3	11	23	27	28	92
11	23	3	15	24	5	70
12	4	13	10	32	6	65
13	15	27	26	33	7	108
14	24	24	4	37	8	97
15	25	4	24	4	20	77

16	5	30	33	2	21	91
17	16	1	37	25	34	113
18	17	17	7	26	15	82
19	26	23	5	19	29	102
20	18	16	35	6	35	110
21	27	37	31	13	36	144
22	28	8	34	11	22	103
23	29	29	22	34	30	144
24	6	6	18	36	9	75
25	30	9	3	21	2	65
26	7	2	32	9	23	73
27	31	31	17	10	24	113
28	8	26	25	7	16	82
29	9	19	19	16	25	88
30	32	5	30	23	26	116
31	33	15	11	1	10	70
32	10	20	28	30	27	115
33	34	33	2	31	11	111
34	35	28	21	5	31	120
35	36	32	1	18	12	99
36 (P1)	37	36	9	14	1	97
37 (P2)	11	18	29	17	37	112

*Variável transformada para $\sqrt{x + 0,5}$.

As estimativas de ganhos genéticos esperados em porcentagem e valores inteiros com base na seleção simultânea no C2 para os mesmos caracteres avaliados no C1 exceto TP, estão apresentadas na Tabela 19 e o ranqueamento dos genótipos na Tabela 20. Sendo assim, os valores de ganhos genéticos gerais alcançados através do índice para NGV, P100G, PROD e QCG foram respectivamente, 0,5156 (4,56%) 1,1262 (5,61%), 183,0668 (16,27%) e 0,1778 (11,57%) e o ganho do índice para todos os caracteres 38,01%.

Assim como em C1, mesmo com valores de ganho genético inferiores aos ganhos gerais obtidos pelos indivíduos selecionados pelos BLUPs individuais no C2 para, NGV 1,00 (8,82%) P100G 2,40 g (10,70%), QCG 0,18 (11,71%) e PROD 340,03 kg ha⁻¹ ou 30,21%, os genótipos englobados na seleção pela soma de ranks mantiveram os valores mínimos desejados no sentido da seleção visado pelo melhorista. Diferente do C1, o ganho geral apresentado pelo índice está acima dos intervalos de ganhos observados por Oliveira et al. (2017), além disso, os ganhos genéticos estabelecidos por Dias (2009) para os caracteres NGV (10,89%), P100G (17,88%) e PROD (6,47%), diferem das proporções observadas no presente estudo, no qual os resultados indicaram maior ganho para PROD (16,27%) e ganhos menores para P100G (5,61%) e NGV (4,56%).

Portanto em geral o ranqueamento elaborado pelo índice de soma de ranks agrupou os indivíduos 24, 6, 30, 3, 12, 8, 15, 28, 11, 31, 7, 4, 23, e 13 no C1 e 6, 8, 24, 15, 17, 12, 30, 11, 14, 3, 31, 13, 5 e 28 no C2 por reunirem os valores mínimos aceitáveis para as características alvo da seleção de modo a compor os próximos ensaios de rendimento para obtenção de uma nova cultivar com inflorescência composta, precoce, de porte ereto, alta produtividade e elevada qualidade comercial do grão.

Tabela 19. Ganho de seleção geral e específico obtido via índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978) (IMM) para os caracteres peso de 100 grãos (P100G), número de grãos por vagem (NGV), produtividade kg ha⁻¹ (PROD) e Qualidade comercial de grão (QCG) a partir da avaliação de 32 linhagens de feijão-caupi no ensaio intermdiório do cruzamento 2. Teresina, PI, 2021.

		IMM							
		NGV		P100G		QCG*		PROD	
Linhagem	Rank	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %	Ganho	Ganho %
6	1	0,8818	7,80%	1,371	6,12%	0,5006	32,58%	256,1848	22,77%
8	2	2,0929	18,51%	0,5627	2,51%	0,2861	18,62%	315,497	28,04%
24	3	2,0929	18,51%	0,5627	2,51%	0,2861	18,62%	315,497	28,04%
15	4	0,9626	8,51%	0,8999	4,02%	0,0381	2,48%	147,4386	13,10%
17	5	3,0618	27,08%	-4,5074	-20,12%	0,0381	2,48%	664,771	59,08%
12	6	1,3663	12,08%	-1,6028	-7,16%	0,0381	2,48%	227,0961	20,18%
30	7	0,3167	2,80%	3,1907	14,24%	0,0381	2,48%	-35,8367	-3,18%
11	8	0,2359	2,09%	-1,391	-6,21%	0,2861	18,62%	158,9564	14,13%
14	9	-0,0063	-0,06%	-1,3434	-6,00%	0,0381	2,48%	357,6167	31,78%
3	10	-1,0156	-8,98%	2,7628	12,33%	0,0381	2,48%	92,7083	8,24%
31 (P1)	11	-2,1863	-19,33%	13,1192	58,57%	0,6923	45,05%	-42,2681	-3,76%
13	12	-0,41	-3,63%	1,0468	4,67%	-0,1145	-7,45%	439,4601	39,05%
5	13	0,4781	4,23%	-0,0294	-0,13%	0,0381	2,48%	-211,5035	-18,80%
28	14	-0,6522	-5,77%	2,9443	13,14%	0,2861	18,62%	-122,6823	-10,90%

Ganho geral	0,5156	4,56%	1,2562	5,61%	0,1778	11,57%	183,0668	16,27%
-------------	--------	-------	--------	-------	--------	--------	----------	--------

*Variável transformada para $\sqrt{x + 0,5}$.

Tabela 20. Classificação individual de 32 linhagens de feijão-caupi de inflorescência composta com base na seleção simultânea de quatro caracteres via índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978) (IMM) avaliadas no ensaio intermediário do cruzamento 2. Teresina, PI, 2021.

IMM					
Linhagem	NGV	P100G	PROD	QCG*	Soma de Ranks
1	22	14	17	27	80
2	17	27	30	18	92
3	28	4	15	7	54
4	10	22	8	19	59
5	11	15	24	8	58
6	8	7	10	2	27
7	20	23	5	20	68
8	2	13	9	3	27
9	23	25	25	9	82
10	24	12	28	28	92
11	13	21	12	4	50
12	3	24	11	10	48
13	21	9	4	21	55
14	14	20	6	11	51

15	7	11	13	12	43
16	18	19	27	29	93
17	1	32	1	13	47
18	29	10	26	6	71
19	5	31	16	22	74
20	30	5	14	14	63
21	19	26	7	23	75
22	6	29	2	30	67
23	25	17	29	15	86
24	9	8	3	16	36
25	16	18	19	24	77
26	26	28	32	25	111
27	31	6	31	31	99
28	27	3	23	5	58
29	15	16	21	26	78
30	12	2	18	17	49
31 (P1)	32	1	20	1	54
32 (P2)	4	30	22	32	88

*Variável transformada para $\sqrt{x + 0,5}$.

5 CONCLUSÕES

A possibilidade de ganhos significativos de produtividade com a introdução da inflorescência composta nos genótipos em relação aos de inflorescência simples foi constatada no processo de seleção.

Nos cruzamentos 1 (MNC04-795F-168 x MNC11-1076-131-1-22) e 2 (MNC05-828C-3-15 x MNC11-1076B-91-1-25), as linhagens C1 (G7, G12, G25, G11, G31, G26, G24, G15, G4, G9, G5, G1, G18 e G28) e C2 (G6, G8, G24, G15, G17, G12, G30, G11, G14, G3, G31, G13, G5 e G28) apresentam os valores mínimos aceitáveis para os caracteres alvo da seleção segundo o índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock, constituindo-se em candidatas para compor o próximo ensaio de rendimento no processo de melhoramento genético de plantas de feijão-caupi de inflorescência composta.

O índice de soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock permitiu maior sucesso no processo de seleção em comparação às estimativas BLUPs individuais, na seleção de indivíduos superiores de inflorescência composta que englobem simultaneamente os caracteres agronômicos e comerciais de maior interesse pelo produtor, comércio e consumidor de feijão-caupi.

A seleção para o aumento do tamanho e a qualidade de grão pode proporcionar ganhos simultâneos para esses caracteres nas linhagens de ambos os cruzamentos de feijão-caupi de inflorescência composta avaliados.

6 REFERÊNCIAS

- ABREU, H. K. A.; CECCON, G.; CORREA, A. M.; FACHINELLI, R.; YAMAMOTO, E. L. M.; TEODORO, P. E. Adaptability and stability of cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE BIPLLOT. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 4, p. 1071-1082, 2019.
- ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA DE GRÃOS (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 7, n. 3 (2019/20). Brasília: CONAB, 2019. p. 64.
- ACQUAHH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. 2. ed. Wiley-Blackwell, 2012. 740 p.
- ADELUSI, A. A.; J. D. AILEME. Effects of light and nutrient stress on some growth parameters of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Research Journal Botanic**, v.1 n. 2, p. 95-103, 2006.
- EMBRAPA. **Cientistas obtêm primeiro feijão-de-corda com múltiplas vagens**. 2019. Disponível em: <<http://www.agronovas.com.br/novo-cultivar-de-feijao/>>. Acesso em: 20 maio 2021.
- ALMEIDA, F. S. *et al.* Does the sowing period change the grain technological quality of cowpea cultivars?. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 15, n. 4, p. 1-8, 2020.
- AMARAL, N. D. O. *et al.* 2009. **Estimativas de parâmetros genéticos em feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce**. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPAT-2010/11716/1/AT09096.pdf>>. Acesso em: 10 de mar. 2021.
- ANDARGIE, M. *et al.* Molecular mapping of QTLs for domestication-related traits in cowpea (*V. unguiculata* (L.) Walp.). **Euphytica**, v. 200, n. 1, p. 401-412, 2014.
- ANDO, K. *et al.* Manipulation of plant architecture to enhance crop disease control. **CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources**, v. 2, n. 26, p. 1-8, 2007.
- 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.
- ARAÚJO, J. P. P. de. Melhoramento do caupi no Brasil. In: ARAÚJO, J. P. P. de; WATT, E. E. (Org.). **O caupi no Brasil**. Brasília, DF: IITA: EMBRAPA, 1988. p. 249-283.
- BA, F.S.; PASQUET, R.S.; GEPTS, P. Genetic diversity in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] as revealed by RAPD markers. **Genet Resources Crop Evaluation**, v. 51, n. 5, p. 539–550, 2004.
- BALZARINI, M. Applications of mixed models in plant breeding. In: KANG, M. S (ed.).

Quantitative genetics, genomics and plant breeding. [S.L]: Cab Ebooks, 2002. Cap. 23, p. 363.

BARROS, F. R. *et al.* Potencial genético de progênies de feijão-caupi segregando quanto ao tipo de inflorescência. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 1, p. 182-189, 2011.

BARROSO NETO, A. M. *et al.* Genetic variability and selection of extra-early cowpea progenies. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 1, p. 698-707, 2017.

BENLLOCH, R. *et al.* Floral initiation and inflorescence architecture: A comparative view. **Annals of Botany**, v. 100, n. 3, p. 659-676, 2007.

BERBEL, A. *et al.* Vegetative1 is essential for development of the compound inflorescence in pea. **Nature Communications**, v. 3, n. 797, p. 1-8, 2012.

MAGALHÃES, C. H. C. B, *et al.* Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010.

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

BERNARDO, K. A. S. *et al.* Incorporation of compound inflorescences and selection of high-yielding progenies in cowpea. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 10, p. 1150-1157, 2018.

BERNARDO, K. A. S. **Seleção de progênies de feijão-caupi com inflorescência composta em geração precoce.** Teresina: Universidade Federal do Piauí, 2015. 83p. (Dissertação de Mestrado em Genética e Melhoramento).

BOUCHENAK, M.; LAMRI-SENHADJI, M. Nutritional Quality of Legumes, and Their Role in Cardiometabolic Risk Prevention: A Review. **Journal of Medicinal Food**, v. 16, n. 3, p. 1-14, 2013.

BORGES, P. R. S. *et al.* Distribuição de massa seca e rendimento de feijão-caupi inoculadas com rizóbio em Gurupi, TO. **Revista Caatinga**, v. 25, n. 1, p. 37-44, 2012.

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

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Apoio Rural e Cooperativismo. Portaria nº 85 de 6 mar. 2002. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, 18 mar. 2002. Seção 1, anexo 12.

BRITTINGHAM, W. H. The inheritance of date pod maturity, pod length, seed shape and seed size in the southern pea., *Vigna sinensis*. **Proceedings of the American Society for Horticultural**, v. 56, n. 1, p. 381-388, 1950.

CARVALHO, L. C. B. *et al.* Genotype x environment interaction in cowpea by mixed models. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 5, p. 872-878, 2017.

CARVALHO, L. P. *et al.* Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, v. 75, n. 3, p. 314-321, 2016.

CHENG, X.; LI, G.; TANG, Y.; WEN, J. Dissection of genetic regulation of compound inflorescence development in *Medicago truncatula*. **The Company of Biologists**, v. 145, n.1, p. 1-13, 2018.

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

CORREA, A. M. *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.

CRAUFURD, P. Q. *et al.* Photoperiod, temperature and the growth and development of cowpea (*Vigna unguiculata*). **Experimental Agriculture**, v. 32, n. 1, p. 29-40, 1996.

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

DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; MENEZES JÚNIOR, J. A. N. Socioeconomia. In: BASTOS, E. A. (Coord.). **A cultura do feijão-caupi no Brasil**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, p. 6-12. 2016.

DELMONDES B. L. *et al.* Identifying lines of the black-eyed cowpea having high productivity and quality commercial grain. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 5, p. 848-855, 2017.

DIAS, F. T. C. **Utilização de técnicas multivariadas e moleculares na caracterização e seleção de genótipos de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce**. 98 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2009.

DWEVEDI, A.; KAYASTHA, A. M. SOYBEAN: A multifaceted legume with enormous economic capabilities. In: NG, T. B. (ed.). **Soybean - biochemistry, chemistry and physiology**. Rijeka: IntechOpen, 2011. p. 165-188.
em:<<https://www.feedipedia.org/node/233>>. Acesso em: 10 mar. 2021.

EWANSIHA, S.U.; OSAIGBOVO, A.U. Cowpea for a changing environment in the rainforest of south-south nigeria. **Agro-Science: Journal of Tropical Agriculture, Food, Environment and Extension**, v. 15, n. 1, p. 23-28, 2016.

FAITH, D. I. *et al.* Cowpea marketing and consumer preference in Magama Local government area of Niger state, Nigeria. **Journal of Agriculture & Social Sciences**,

v. 7, n. 1, p. 30-34, 2011.

FAO. FAOSTAT. **Crops**. 2019. Cow peas, dry. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 5 de mar. 2021.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Imprensa Universitária Federal de Viçosa, 1987. 279 p.

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

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

FRAHM-LELIVELD, J.A. Cytological data on some wild tropical Vigna species and cultivars from cowpea and asparagus bean. **Euphytica**, v. 14, n. 3, p. 251-270, 1965.

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

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

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

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

FREIRE FILHO, F. R.; CARDOSO, M. J.; ARAÚJO, A. G. Caupi: nomenclatura científica e nomes vulgares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 18, n. 12, p. 1369-1372, 1983.

FREITAS, R. M. O. *et al.* Physiological responses of cowpea under water stress and rewatering in no-tillage and conventional tillage systems. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 559-567, 2017.

FURLANI, R. C. M. *et al.* Estimation of variance components and prediction of breeding values in rubber tree breeding using the REML/BLUP procedure. **Genet. Mol. Biol.**, São Paulo, v. 28, n. 2, p. 271-276, 2005.

GAUR, P. M.; GOUR, V. K. A gene producing one to nine flowers per flowering node in chickpea. **Euphytica**, v. 128, n. 2, p. 231-235, 2002.

GENESYS. 2020. **Cowpea**. Disponível em: <<https://www.genesys-pgr.org/c/cowpea>>. Acesso em: 10 de mar. 2021.

GEREN, H. *et al.* Intercropping of corn with cowpea and bean: Biomass. **African Journal of Biotechnology**, v. 7, n. 22, p. 4100-4104, 2008.

GREGORY, P. J. *et al.* **Expanding the Production and Use of Cool Season Food Legumes**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1994. 991p.

GUAZZELLI, R. J. Histórico das pesquisas com caupi no Brasil. In: ARAÚJO, J. P. P. de; WATT, E. E. (Org.). **O caupi no Brasil**. Brasília, DF: IITA: EMBRAPA, 1988. p. 49-59.

GUILHERME, S. R. *et al.* Genetic control of inflorescence in common bean. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 1, p. 1350-1358, 2014.

GUO, Y. *et al.* Plant growth and architectural modelling and its applications. **Annals of Botany**, v. 107, n. 1, p. 723-727, 2011.

HALL, A. E. Phenotyping cowpeas for adaptation to drought. **Frontiers in Physiology**, v. 3, n. 155, p. 1-8, 2012.

HARTUNG, R. C.; SPECHT, J. E.; WILLIAMS, J. H. Modifications of soybean plant architecture by genes for stem growth habit and maturity. **Crop Science**, v. 21, n. 1, p. 51-56, 1981.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, n. 1, p. 476-490, 1943.

HERNITER, I. A.; MUÑOZ-AMATRIAIN, M.; CLOSE, T. J. Genetic, textual, and archaeological evidence of the historical global spread of cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp). **Legume Science**, v. 2, n. 4, 2020.

HEUZE, V.; TRAN, G.; BASTIANELLI, D.; LEBAS, F. **Cowpea (*Vigna unguiculata*) forage**. Feedipedia. A program by INRA, CIRAD, AFZ and FAO. Rome: Food and Agriculture Organization, 2015. Available at: <https://www.feedipedia.org/node/233>.

KAMARA, A. Y. *et al.* Effects of plant density on the performance of cowpea in nigerian savannas. **Experimental Agriculture**, v. 54, n. 1, p. 120-132, 2016.

KAPRAVELOU, G. *et al.* Natural fermentation of cowpea (*Vigna unguiculata*) flour improves the nutritive utilization of indispensable amino acids and phosphorus by growing rats. **Nutrients**, v. 12, n. 2186, p. 1-18, 2020.

KELLY, J. D. Remaking bean plant architecture for efficient production. **Advances in Agronomy**, v.71, n. 1, p.109-143, 2001.

KOINANGE, E. M. K.; SINGH, S. P.; GEPT, P. Genetic control of the domestication syndrome in common bean. **Crop Science**, v. 36, n. 1, p. 1037-1045, 1996.

KPOVIESSI, A. D. *et al.* Resistance of cowpea to Cowpea bruchid (*Callosobruchus maculatus* Fab.): knowledge level on the genetic advances. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 11, n. 8, p. 185-195, 2019.

KRUTMAN, S.; VITAL, A. F.; BASTOS, E. G. **Variedades de feijão macassar *Vigna sinensis* L.: manual - características e reconhecimento**. Recife: IPEANE, 1968. p. 46.

KURODA, T. *et al.* Differences in flowering habit between determinate and indeterminate types of soybean. **Plant Production Science**, v. 1, n. 1, p. 18-24, 1998.

KHURI, A. I. Design for variance components estimation: past and present. **International Statistical Review / Revue Internationale de Statistique**, v. 68, n. 3, p. 311-322, 2000.

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.

LEE, E. *et al.* Identification of a lLocus controlling compound raceme inflorescence in mungbean [*Vigna radiata* (L.) R. Wilczek]. **Frontiers in Genetics**. v. 12, n. 642518, p. 1-12, 2016.

LIMA, J. A. A. *et al.* Simple and multiple resistances to viruses in cowpea genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 1, p. 1432-1438, 2011.

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

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.

LUDWIG, D. S. The glycemic index: physiological mechanisms relating to obesity, diabetes, and cardiovascular disease. **The Journal of the American Medical Association**, v. 287, n.18, p. 2414-2423, 2002.

MACHADO, C. F. *et al.* Identification of cowpea genotypes for earliness, plant architecture and grain yield. **Revista Ciência Agronômica**, v. 39, n. 1, p. 114-123, 2008.

MACHADO, C. F. *et al.* Herança da inflorescência composta da cultivar de feijão-caupi cacheado. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, n. 5, p. 1347-1350, 2007.

MARECHAL, R. MASCHERPA, J. M.; STAINER, F. **Etude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces des genres *Phaseolus* et *Vigna* (*Papilionaceae*) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique**. Genève: Conservatoire et jardin botaniques, 1978.

MARINHO, D. C. *et al.* Indexes in the comparison of pre-commercial genotypes of

common bean. **Ciência Rural**, v.44, n.7, p.1159-1165, 2014.

MARTINS, E. S. *et al.* Genetic control of number of flowers and pod set in common bean. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1-14, 2017.

MARCELINO, S. D. R.; IEMMA, A. F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 4, p. 643-652, 2000.

MATOS FILHO, C. H. A. *et al.* Potential grain yield of cowpea progenies with erect plant type. **Ciência Rural**, v. 39, n. 2, p. 348-354, 2009.

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

MEIRA, A. L. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em feijão-caupi sob estresse hídrico severo. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 13, n. 1, p. 1- 7. 2017

MELO, A. F. *et al.* Resistência de genótipos de feijão-caupi ao ataque de *Callosobruchus maculatus* (Fabr., 1775) (Coleoptera: Chrysomelidae: Bruchinae). **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 79, n. 1, p. 425-429, 2012.

MILLICENT, A. O. *et al.* Establishment of an early selection method (criteria) for breeding in cowpea (*Vigna unguiculata*). **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 12, n. 2, p. 106-130, 2020.

MCPHEE, K. E. Pea. In: KOLE, C. **Pulses, Sugar and Tuber Crops: genome mapping and molecular breeding in plants**. Berlin: Springer-Verlag, 2007. p. 33-47.

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

MULLEN, C. L.; HOLLAND, J. F.; HEUKE, L. **Cowpea, lablab and pigeon pea**. Sydney: New Agriculture, 2003. 16 p.

NARAYANA, M.; ANGAMUTHU, M. Cowpea. In: PRATAP, A.; GUPTA, S (eds.). **The beans and the peas (From orphan to mainstream crops)**. England: Woodhead Publishing, 2021. p. 241-272.

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

NOGUEIRA, A. P. O. *et al.* Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009. p. 7-16.

NUNES R. L. R. *et al.* Germination and vigour in seeds of the cowpea in response to salt and heat stress. **Revista Caatinga**, v. 32, n. 1, p. 143-151, 2019.

NWOSU, J. O.; LATUNBOSUN, B. D.; ADETILOYE, I. S. Genetic variability, heritability and genetic advance in cowpea genotypes in two agro-ecological environments. **Greener Journal of Biological Sciences**, v. 3, n. 5, p. 202-207, 2013.

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

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. 11, 2017.

OLIVEIRA, M. C. *et al.* Development and characterization of cake made with a mixture of cowpea and rice flours. **African Journal of Food Science**, v. 14, n. 11, p. 378-384, 2020.

OLIVEIRA, O. M. S. *et al.* Associações genotípicas entre componentes de produção e caracteres agronômicos em feijão-caupi. **Revista Ciência Agronômica**, v. 44, n. 1, p. 851-857, 2013.

PASQUET, R. S. Allozyme diversity of cultivated cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 101, p. 211-219, 2000.

PERINI, L. J. *et al.* Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, s.1, p. 2531-2544, 2012.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 49, n. 1, p. 803-804, 1969.

PRUSINKIEWICZ, P. *et al.* Evolution and Development of Inflorescence Architectures. **Science**, v. 316, n. 5830, p. 1452-1456, 2007.

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

R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2019.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMAN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 1993. 271 p.

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

RAVELOMBOLA, W. *et al.* Loci discovery, network-guided approach, and genomic prediction for drought tolerance index in a multi-parent advanced generation

intercross (MAGIC) cowpea population. **Horticulture Research**, v. 8, n. 24, p. 1-13, 2021.

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

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

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. **Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares**. Pesquisa Agropecuária Tropical, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

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.

ROBINSON, G. K. That BLUP Is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, v. 6, n. 1, p. 15-61, 1991.

ROCHA, M. M. *et al.* Yield adaptability and stability of semi-prostate cowpea genotypes in the Northeast region of Brazil by REML/BLUP. **Revista Ciência Agronômica**, v.48, p.879-888, 2017b.

ROCHA, M. M. *et al.* **Feijão-caupi**: Biologia Floral. Teresina-PI: Embrapa Meio-Norte, 2007. (Folder).

ROCHA, M. M. *et al.* **Melhoramento genético do feijão-caupi no Brasil**. 2013. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/94200/1/FRIJOL-CAUPI-BRASIL.pdf>. Acesso em: 15 de set. 2019.

ROCHA, M. M. *et al.* **Cultivares**. In: BASTOS, E. A. (Ed.). Cultivo do feijão-caupi. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2017a. Versão eletrônica. (Embrapa Meio-Norte. Sistema de produção, 2; Embrapa Amazônia Ocidental. Sistema de produção, 2; Embrapa Agrobiologia. Sistema de produção, 4).

ROCHA, M. M. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural**, v. 8, n. 1, p. 135-141, 2003.

ROCHA, M. M. *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.* **Feijão-caupi**: Melhoramento genético para o avanço da cultura. Embrapa Meio-Norte, Teresina, 2016. (Folder).

RODRIGUES, E. V. *et al.* Selection of cowpea populations tolerant to water deficit by selection index. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 5, p. 889-896, 2017.

RUBIO, J. *et al.* Effects of the erect/bushy habit, single/double pod and late/early flowering genes on yield and seed size and their stability in chickpea. **Field Crops Research**, v. 90, n. (2-3), p. 255–262, 2004.

SAJJA, S. B.; SRINIVASAN, S.; GAUR, P. M. Botany of chickpea. In: KOLE, C. **Compendium Of plant genomes**. [S.L]: Springer International Publishing, 2017. p. 13-24.

SAMIREDDYPALLE, A. *et al.* Cowpea and groundnut haulms fodder trading and it lessons for multidimensional cowpea improvement for mixed crop livestock systems in west Africa. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, n. 30, p. 1-9, 2017.

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

SAS Institute Inc. 2018. **SAS Studio 5.1**: Users Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.

SAWYER, S. F. Analysis of variance: the fundamental concepts. **The Journal of Manual & Manipulative Therapy**, v. 17, n. 2, p. 27-38, 2009.

SEDIYAMA, T. **Produtividade da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2016, 310 p.

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

SILVA, S. S. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cajueiro anão precoce pelo procedimento reml/blup. **Enciclopédia Biosfera**, v. 8, p. 867-881, 2012.

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

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

SILVA, J. N. *et al.* Cowpea yield and quality after application of desiccating herbicides. **Journal of Seed Science**, v. 42, n. 1, p. 1-11, 2020.

SIMION, T. Breeding Cowpea *Vigna unguiculata* L. Walp for quality traits. **Annals of Reviews and Research**, v. 3, n. 3 p. 1-7, 2018.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, n. 1, p. 240-250, 1936.

SINGH, B. B. Recent progress in cowpea genetics and breeding. **Acta Horticulturae**, v. 752, n. 1, p. 69–76, 2007.

SINGH, K. B.; JINDLA, L. N. Inheritance of bud and pod color, pod attachment and growth habit cowpeas. **Crop Science**, v.11, n. 1, p. 928-929, 1971.

SINGH, B. B. *et al.* Recent progress in cowpea breeding. In: FATOKUN, C. A.; TARAWALI, S. A.; SINGH, B. B.; KORMAWA, P. M.; TAMO, M. (Ed.). **Challenges and opportunities for enhancing sustainable cowpea production**. Ibadan: IITA, p. 22-40. 2002.

SINJUSHIN, A; LIBERZON, A. Contribution to genetic control of flower number in pea (*Pisum sativum* L.). **Ratarstvo i Povrtarstvo**, v. 53, n. 3, p. 116-119, 2016.

SOUSA, I. S. *et al.* **Genética de caracteres do pedúnculo em cruzamentos de feijão-caupi, segregando para inflorescências simples e composta**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2015b. 29p. (Embrapa Meio-Norte. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 109).

SOUSA, T. J. F. *et al.* Simultaneous selection for yield, adaptability, and genotypic stability in immature cowpea using REML/BLUP. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 54, n.1, p. 1-9, 2019.

SOUSA, J. L. M. *et al.* Potencial de genótipos de feijão-caupi para o mercado de vagens e grãos verdes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.50, n. 1, p.392-398, 2015b.

SOUSA, I. S. *et al.* **Genética da produtividade em feijão-caupi com inflorescência simples e composta**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2016. 27p. (Embrapa Meio-Norte. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 111).

SOARES, A. L. L. *et al.* Eficiência agronômica de rizóbios selecionados e diversidade de populações nativas nodulíferas em perdões (MG). I – caupi. **R. Bras. Ci. Solo**, v. 30, n. 1, p. 795-802, 2006.

SREERAMA Y. N. *et al.* Nutrients and antinutrients in cowpea and horse gram flours in comparison to chickpea flour: Evaluation of their flour functionality, **Food Chemistry**, v. 131, n. 2, p. 462-468, 2012.

SUN, Z. *et al.* Genetic improvement of the shoot architecture and yield in soya bean plants via the manipulation of GmmiR156b. **Plant Biotechnology Journal**, v. 17, n. 1, p. 50–62, 2019.

SUSSMILCH, F. **Genetic control of inflorescence development in pea**. 2014. 376 f. Tese (Doutorado) - Curso de Biological Sciences, University of Tasmania, Hobart, 2014.

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

TORRES FILHO, J. *et al.* Genotype by environment interaction in green cowpea

analyzed via mixed models. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 687-697, 2017.

THOMAS, A. L. **Soja**: tipos de crescimento da planta. Porto Alegre: UFRGS, 2018. 59 p.

VAVILOV, N. I. Studies on the origin of cultivated plants. **Russia: Bulletin of Applied Botany and Plant Breeding**, v. 14, v. 1, p. 1-245. 1926.

VERDCOURT, B. Studies in the leguminosae: papilionoideae for the Flora of tropical East Africa. **KewBulletin**, v. 24, n. 3, p. 507-569, 1970.

WANG, G., MCGIFFEN, M.; EHLERS, J. Competition and growth of six cowpea (*Vigna unguiculata*) genotypes, sunflower (*Helianthus annuus*), and common purslane (*Portulaca oleracea*). **Weed Science**, v. 54, n. 5, p. 954-960, 2006.

WESTPHAL, E. **Pulses in Ethiopia**: their taxonomy and agriculture significance. Wageningen: Centre for Agricultural Publishing and documentation, 1974. 279p.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v. 18, n. 1, p. 375-393, 1962.

XIONG, H. *et al.* Genetic differentiation and diversity upon genotype and phenotype incowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Euphytica**, v. 214, n. 4, p. 1-15, 2018.

XIONG, H. *et al.* Genetic diversity and population structure of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). **PLoS ONE**, v. 11, n. 8, p. 1-15, 2016.