

**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE SANTA CATARINA – UDESC**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS AGROVETERINÁRIAS – CAV**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO VEGETAL – PPGPV**

**LUAN TIAGO DOS SANTOS CARBONARI**

**AÇÃO GÊNICA PREDOMINANTE E SUAS IMPLICAÇÕES NA SELEÇÃO PARA  
A CAPACIDADE DE COZIMENTO EM FEIJÃO**

**LAGES**

**2023**

**LUAN TIAGO DOS SANTOS CARBONARI**

**AÇÃO GÊNICA PREDOMINANTE E SUAS IMPLICAÇÕES NA SELEÇÃO PARA  
A CAPACIDADE DE COZIMENTO EM FEIJÃO**

Dissertação apresentada ao programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, do Centro de Ciências Agroveterinárias da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal, na linha de pesquisa em Melhoramento e Recursos Genéticos.

Orientador: Prof. Dr. Jefferson Luís  
Meirelles Coimbra

Coorientadora: Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Rita Carolina de  
Melo

**LAGES**

**2023**

**Ficha catalográfica elaborada pelo programa de geração automática da  
Biblioteca Setorial do CAV/UEDESC,  
com os dados fornecidos pelo autor**

CARBONARI, LUAN TIAGO DOS SANTOS  
AÇÃO GÊNICA PREDOMINANTE E SUAS IMPLICAÇÕES  
NA SELEÇÃO PARA A CAPACIDADE DE COZIMENTO EM  
FEIJÃO / LUAN TIAGO DOS SANTOS CARBONARI. -- 2023.  
78 p.

Orientador: JEFFERSON LUÍS MEIRELLES COIMBRA  
Coorientadora: RITA CAROLINA MELO  
Dissertação (mestrado) -- Universidade do Estado de Santa  
Catarina, Centro de Ciências Agroveterinárias, Programa de  
Pós-Graduação em Produção Vegetal, Lages, 2023.

1. Phaseolus vulgaris L.. 2. Cozimento. 3. Variância genética. 4.  
Ganho genético. 5. Melhoramento de plantas. I. COIMBRA,  
JEFFERSON LUÍS MEIRELLES. II. MELO, RITA CAROLINA.  
III. Universidade do Estado de Santa Catarina, Centro de Ciências  
Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em Produção  
Vegetal. IV. Título.

**LUAN TIAGO DOS SANTOS CARBONARI**

**AÇÃO GÊNICA PREDOMINANTE E SUAS IMPLICAÇÕES NA SELEÇÃO PARA  
A CAPACIDADE DE COZIMENTO EM FEIJÃO**

Dissertação apresentada ao programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, do Centro de Ciências Agroveterinárias da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal, na linha de pesquisa em Melhoramento e Recursos Genéticos.

**BANCA EXAMINADORA**

Dr. Jefferson Luís Meirelles Coimbra

Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC)

Membros:

Dr. Clóvis Arruda de Souza

Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC)

Dr. Dediel Junior Amaral Rocha

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI)

Dr. Sydney Antonio Frehner Kavalco

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI)

Lages, 28 de julho de 2023.

Aos meus pais, pela educação, ensinamentos  
e incentivo ao estudo!

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo o que proporcionou em minha vida.

Aos familiares, em especial meus pais (Moacir Carbonari e Elizabete Regina dos Santos), por todo o apoio durante a trajetória como estudante.

A meu nonno Ângelo Carbonari e nonna Élia Lucieta Zannetti Carbonari, pelo exemplo forte, os quais convivi quando criança (*In memoriam*).

A minha namorada, pelo carinho, compreensão e incentivo durante este período.

Ao professor Jefferson Luís Meirelles Coimbra, por todos os ensinamentos, cobranças e apontamentos no decorrer desse período como orientador.

Ao professor Altamir Frederico Guidolin, pelos ensinamentos em Genética e o convite a estudar de forma direcionada o melhoramento vegetal.

Aos amigos e colegas de laboratório pelos momentos de discussões e descontrações.

Ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade do Estado de Santa Catarina, pela oportunidade de realizar este curso.

Aos membros da banca examinadora, por aceitarem contribuir com este trabalho.

A FAPESC pelo apoio financeiro, através da concessão de bolsa durante esta pesquisa.

Por fim, a todos que contribuíram de maneira direta ou indiretamente para a realização desse trabalho. MUITO OBRIGADO!!!

“Avalia-se a inteligência de um indivíduo pela sua capacidade de suportar incertezas.” ...  
“A temporalidade do mundo é diferente da alma.” (SANTO AGOSTINHO)

## RESUMO

O desenvolvimento de cultivares com reduzido tempo de cocção é um dos objetivos do melhoramento genético da cultura do feijão. Esse caráter apresenta uma grande influência do genótipo na sua expressão fenotípica, decorrente de inúmeros fatores físicos e químicos que moldam a estrutura dos seus grãos. Apesar disso, a natureza da ação gênica predominante na não apresenta um consenso na literatura para o tempo de cocção, dificultando o estabelecimento do momento adequado para realizar a seleção de plantas. Assim, os objetivos dessa dissertação foram: *i*) identificar populações divergentes para o tempo de cocção; *ii*) estimar os componentes da variação fenotípica nestas populações, com finalidade de verificar a predominância da ação gênica e suas implicações no melhoramento deste caráter; e *iii*) comparar a eficiência da seleção de plantas quanto a predição dos ganhos genéticos para o tempo de cocção em genótipos de feijão com diferentes níveis de endogamia. Foram desenvolvidos três estudos que contemplaram estes objetivos, nos anos de 2022 e 2023 em Lages, Santa Catarina, Brasil. Inicialmente, no capítulo “*Análise multivariada aplicada na discriminação de genótipos em caracteres do tempo de cozimento em feijão (Phaseolus vulgaris L.)*”, foi verificado que uma abordagem multivariada foi eficiente na discriminação de genótipos de feijão, em que as populações oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07 demonstraram maior divergência. Em sequência, no capítulo “*Ação gênica predominante e suas implicações no melhoramento do caráter tempo de cocção em feijão*”, utilizando progênies oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07, observou-se que o componente de dominância da variância genética foi superior ao componente aditivo no modelo genético ajustado e as estimativas da variância aditiva foram próximas as esperadas pelo modelo genético de Cockerham. Por fim, no capítulo “*Eficiência da seleção de plantas em gerações iniciais e avançadas de autofecundação no caráter tempo de cocção em feijão*” se verificou maiores ganhos genéticos preditos nas gerações avançadas de autofecundação (F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>), em comparação as iniciais (F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>). Com isso, os resultados dos estudos demonstram que em decorrência da presença considerável da ação gênica de dominância na variância genética, conjuntamente aos maiores ganhos preditos observados em gerações avançadas, a seleção de plantas para o caráter tempo cocção em feijão apresenta maior possibilidade de sucesso em gerações com maiores níveis de homozigose nas progênies.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; Cozimento; Variância genética; Ganho genético; Melhoramento de plantas.

## ABSTRACT

The development of common bean cultivars with reduced cooking time is one of the goals of genetic improvement in this crop. This trait is greatly influenced by the genotype in its phenotypic expression, resulting from numerous physical and chemical factors that shape the structure of its grains. Despite this, the nature of the predominant gene action in genetic variation does not have a consensus in the literature for cooking time, making it difficult to establish an appropriate moment to perform plant selection. Therefore, the objectives of this dissertation were: *i*) to identify divergent populations for cooking time; *ii*) to estimate the components of phenotypic variation in these populations in order to determine the predominance of gene action in genetic variance and its implications in the improvement of this trait; and *iii*) to compare the efficiency of plant selection in predicting genetic gains for cooking time in bean genotypes with different levels of inbreeding. Three studies were developed that contemplated these objectives, in the years 2022 and 2023 in Lages, Santa Catarina, Brazil. Initially, in the chapter “Multivariate analysis applied in the discrimination of genotypes in characteristics of cooking time in beans (*Phaseolus vulgaris* L.)”, it was verified that a multivariate approach was efficient in the discrimination of bean genotypes, in which the populations derived from the cross BAF50 x BAF07 showed greater divergence. Subsequently, in the chapter “Predominant gene action and its implications for improving the cooking time character in beans”, using progenies from the cross BAF50 x BAF07, it was observed that the dominance component of the genetic variance was superior to the additive component in the model adjusted genetic and additive variance estimates were close to those expected by the Cockerham genetic model. Finally, in the chapter “Efficiency of plant selection in early and advanced generations of selfing on the trait of cooking time in beans”, greater predicted genetic gains were found in advanced generations of selfing ( $F_{8:9}$  and  $F_{9:10}$ ), in comparison with the initials ( $F_{2:3}$ ,  $F_{3:4}$ ). Thus, the results of the studies demonstrate that due to the considerable presence of the gene action of dominance in the genetic variance, together with the greater predicted gains observed in advanced generations, the selection of plants for the character cooking time in beans presents a greater possibility of success in generations with higher levels of homozygosity in the progenies.

**Keywords:** *Phaseolus vulgaris* L.; Cooking; Genetic variance; Genetic gain; Plant breeding.

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 — Dendrograma obtido pelo método aglomerativo da ligação média entre grupos (UPGMA), com as distâncias de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre os genótipos de feijão, para as variáveis do tempo de cozimento (TCH2, TCH12 e TCH13). .....32
- Figura 2 — Representação esquemática do método de condução em “bulk” aplicado no decorrer dos anos até a geração  $F_t$ , conjuntamente a forma de obtenção das progênes com sua subdivisão em  $F_g = F_t + 1$ , oriundas do cruzamento BAF50 (P1) x BAF07 (P2). .....38
- Figura 3 — Efeitos genotípicos (BLUP) inerentes as progênes de feijão em diferentes gerações de autofecundação ( $F_{2:3}$ ,  $F_{3:4}$ ,  $F_{8:9}$  e  $F_{9:10}$ ), para o caráter tempo de cocção. ....64

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 — Características dos genitores utilizados para a hibridação no estudo. ....21
- Tabela 2 — Medidas descritivas (valor mínimo, máximo, média e desvio padrão) das variáveis tempo de cocção dos grãos referentes as 13 primeiras hastes do método de Mattson. ....25
- Tabela 3 — Resumo da análise de variância multivariada para 12 genótipos avaliados em blocos ao acaso, considerando variáveis relacionadas ao tempo de cocção em feijão. ....27
- Tabela 4 — Dissimilaridade entre os genótipos de feijão estimada pela distância de Mahalanobis ( $D^2$ ) abaixo da diagonal principal, conjuntamente aos valores de probabilidades associados as estimativas F para as distancias acima da diagonal principal ( $H_0: D^2 = 0$ ;  $H_a: D^2 \neq 0$ ), em relação ao tempo de cocção das hastes (TCH2, TCH12 e TCH13) do método cozedor de Mattson. ....30
- Tabela 5 — Coeficientes dos componentes aditivo (a) e de dominância (d) da variância genética entre progênes para as gerações  $F_{2:3}$ ,  $F_{3:4}$ ,  $F_{8:9}$  e  $F_{9:10}$ , com os respectivos coeficientes de endogamia. ....42
- Tabela 6 — Estimativas da variância fenotípica, variância entre gerações de autofecundação, variância genética e ambiente, conjuntamente a estimativa de herdabilidade ampla (%) para o caráter tempo de cocção em progênes de feijão.....44
- Tabela 7 — Estimativas da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância genética de dominância ( $\hat{\sigma}_D^2$ ) e herdabilidade no sentido restrito ( $\hat{h}_r^2$ ), referente ao caráter tempo de cocção em progênes obtidas nas gerações de autofecundação  $F_{2:3}$ ,  $F_{3:4}$ ,  $F_{8:9}$  e  $F_{9:10}$ . ....47

- Tabela 8 — Estimativas dos parâmetros variância fenotípica ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) e variância de ambiente ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), conjuntamente a herdabilidade no sentido amplo ( $\hat{h}^2$ ), para o caráter tempo de cocção em genótipos de feijão.....60
- Tabela 9 — Efeitos genotípicos preditos (BLUP) ao nível individual de progênies de feijão e médias fenotípicas inerentes as gerações de autofecundação F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>, para o caráter tempo de cocção em minutos. ....63
- Tabela 10 — Valores genotípicos (g), média predita ( $\mu + g$ ) e ganho de seleção (GS) das quatro melhores progênies nas gerações de autofecundação (F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>), em relação as progênies das populações os genitores (BAF50 e BAF07), para a capacidade do tempo de cocção em feijão. ....66

## LISTA DE SÍMBOLOS

%	Porcento/porcentagem
ha	Hectare
m	Metro
kg	Quilograma
g	Gramma
mg	Miligramma
dm <sup>-3</sup>	Decímetro cúbico
h	Hora
min	Minuto
°C	Grau Celsius
pH	Potencial hidrogeniônico
P	Fósforo
K	Potássio
MO	Matéria orgânica
cmolc	Centimol de carga
Ca	Cálcio
Mg	Magnésio
H <sub>0</sub>	Hipótese de nulidade
H <sub>a</sub>	Hipótese alternativa
P	Probabilidade
D <sup>2</sup>	Distância de Mahalanobis
F <sub>t</sub>	Última geração de condução aleatória da população (“bulk”)
F <sub>g</sub>	Geração em que se inicia a avaliação das progênies (abertura de linhas)
F <sub>∞</sub>	Geração com infinitas autofecundações
I <sub>t</sub>	Coefficiente de endogamia na geração F <sub>t</sub>
I <sub>g</sub>	Coefficiente de endogamia na geração F <sub>g</sub>
$\hat{\beta}$	Estimador dos parâmetros pelo método dos mínimos quadrados
$\hat{\sigma}_F^2$	Estimativa da variância fenotípica
$\hat{\sigma}_{ger}^2$	Estimativa da variância entre gerações de autofecundações
$\hat{\sigma}_g^2$	Estimativa da variância genética
$\hat{\sigma}_e^2$	Estimativa da variância de ambiente
$\hat{\sigma}_A^2$	Estimativa da variância genética aditiva
$\hat{\sigma}_D^2$	Estimativa da variância genética de dominância
$\hat{h}^2$	Estimativa de herdabilidade no sentido amplo
$\hat{h}_r^2$	Estimativa de herdabilidade no sentido restrito

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>15</b>
<b>2</b>	<b>CAPÍTULO I - ANÁLISE MULTIVARIADA APLICADA NA DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS EM CARACTERES DO TEMPO DE COZIMENTO EM FEIJÃO (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.)<sup>1</sup>.....</b>	<b>19</b>
2.1	RESUMO .....	19
2.2	INTRODUÇÃO .....	20
2.3	MATERIAL E MÉTODOS .....	21
2.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	25
2.5	CONCLUSÃO .....	33
<b>3</b>	<b>CAPÍTULO II - AÇÃO GÊNICA PREDOMINANTE E SUAS IMPLICAÇÕES NO MELHORAMENTO DO CARÁTER TEMPO DE COCCÃO EM FEIJÃO.....</b>	<b>35</b>
3.1	RESUMO .....	35
3.2	INTRODUÇÃO .....	36
3.3	MATERIAL E MÉTODOS .....	37
<b>3.3.1</b>	<b>Constituições genótípicas.....</b>	<b>37</b>
<b>3.3.2</b>	<b>Condução do experimento a campo.....</b>	<b>39</b>
<b>3.3.3</b>	<b>Avaliação do tempo de cocção.....</b>	<b>40</b>
<b>3.3.4</b>	<b>Análise estatística .....</b>	<b>41</b>
3.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	43
3.5	CONCLUSÃO .....	52
<b>4</b>	<b>CAPÍTULO III – EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO DE PLANTAS EM GERAÇÕES INICIAIS E AVANÇADAS DE AUTOFECUNDAÇÃO NO CARÁTER TEMPO DE COCCÃO EM FEIJÃO.....</b>	<b>53</b>
4.1	RESUMO .....	53
4.2	INTRODUÇÃO .....	54
4.3	MATERIAL E MÉTODOS .....	55
<b>4.3.1</b>	<b>Constituições genótípicas.....</b>	<b>55</b>
<b>4.3.2</b>	<b>Condução do experimento a campo.....</b>	<b>56</b>
<b>4.3.3</b>	<b>Avaliação do tempo de cocção.....</b>	<b>57</b>
<b>4.3.4</b>	<b>Análise estatística .....</b>	<b>58</b>

4.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	59
4.5	CONCLUSÃO .....	69
5	CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	71
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>73</b>
	<b>APÊNDICE A – CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO A CAMPO. ....</b>	<b>76</b>
	<b>APÊNDICE B – AVALIAÇÃO DO TEMPO DE COCÇÃO EM FEIJÃO UTILIZANDO O COZEDOR MATTSON. ....</b>	<b>77</b>
	<b>APÊNDICE C – GRÃOS DAS PROGÊNIES SELECIONADAS PARA O CARÁTER TEMPO DE COCÇÃO EM FEIJÃO. ....</b>	<b>78</b>

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.,  $2n=2x=22$ ), é um alimento de destaque na dieta dos brasileiros, devido seu valor nutricional. Seu consumo contribui para uma dieta equilibrada e saudável, fornecendo proteínas de qualidade e outros nutrientes essenciais. Desse modo, devido esse teor proteico e diversos benefícios na saúde humana, o feijão é considerado um alimento funcional (CAROVIC-STANKO *et al.*, 2017).

Em virtude dessas características, os brasileiros consomem uma quantidade considerável desse grão, impulsionando seu cultivo. O cultivo no Brasil é praticado em diversas regiões, abrangendo desde sistemas de produção familiares em pequena escala, até aqueles com grande aporte tecnológico. Na safra de 2021/22, a produção nacional de feijão, incluindo os tipos de grãos preto e cores, alcançou um total de 2,367 milhões de toneladas, em uma área cultivada de 1,572 milhões de hectares (CONAB, 2022). Estes números resultaram em uma produtividade média para o feijão comum de 1505 kg ha<sup>-1</sup>, revelando um rendimento superior em comparação com as produtividades históricas, onde nas últimas quatro décadas o país reduziu sua área cultivada em 30%, no entanto, registrou um aumento na produção de 35% nesse período (CONAB, 2022).

Este fato, em grande parte se deve aos genótipos melhorados e disponibilizados aos agricultores. Assim, os principais objetivos do melhoramento dessa cultura com o decorrer dos anos foram a obtenção de cultivares produtivas, aliada a características agronômicas que permitissem a colheita de forma mecanizada dos grãos. No entanto, além do avanço no quesito produtivo, é fundamental que a qualidade dos grãos disponibilizados ao consumidor demonstre boa aceitação (CARBONEL *et al.*, 2003). Contudo sob o ponto de vista prático do melhoramento, a seleção é realizada para o rendimento de grãos, ocorrendo apenas uma avaliação do tempo de cocção nos genótipos selecionados para o rendimento de grãos, estabelecida pelo ministério da agricultura através da Portaria n° 294 de 14 de outubro de 1998, nas diretrizes para o lançamento de cultivares (BRASIL, 2006). Na qual é imprescindível informar o descritor relacionado ao tempo de cocção dos genótipos de feijão.

Apesar do tempo de cocção geralmente não ser considerado no momento da seleção nos programas de melhoramento, essa característica é afetada por inúmeros fatores físicos e químicos moldados pelo genótipo, como tamanho, peso, volume e

composição do tegumento do grão (BASSETT; HOOPER; CICHY, 2021). Embora a importância que o genótipo demonstra na expressão fenotípica deste caráter, a estrutura genética do tempo de cocção tem uma menor compressão, em comparação a caracteres relacionados a produção. Alguns estudos indicam que este é um caráter controlado por poucos genes e apresenta valores de herdabilidade superiores a 0,5 (JACINTO-HERNANDEZ *et al.*, 2003; ARNS *et al.*, 2018). Outros estudos relatam ampla variância genética do caráter, com várias regiões genômicas envolvidas em seu controle genético (VASCONCELOS *et al.*, 2012; CICHY *et al.*, 2015; BERRY *et al.*, 2020).

Com base nisso, os trabalhos de melhoramento genético vegetal para qualquer espécie, devem estar alicerçados no conhecimento detalhado das características botânicas, agronômicas e genéticas. Sendo relevantes as informações a respeito da quantidade de variabilidade genética e a herança dos caracteres, possibilitando desta maneira que estratégias apropriadas de melhoramento sejam adotadas. Através do conhecimento prévio da ação gênica predominante, é possível estabelecer um direcionamento acerca da condução de populações segregantes e métodos de melhoramento empregados. Os estudos disponíveis na literatura considerando a base genética do tempo de cocção não demonstram consenso quanto a natureza da variação genética, ou seja, se a ação gênica predominante tem origem da aditividade ou dominância entre os alelos (ELIA *et al.*, 1997; HERNANDEZ *et al.*, 2003; RIBEIRO *et al.*, 2006).

A informação a respeito da predominância da ação gênica na variância genética apresenta fundamental importância visando subsidiar o melhorista na decisão em relação a melhor geração para iniciar a seleção de plantas. Neste sentido, se a variação genética predominante for aditiva, indivíduos superiores geneticamente originarão progênies também superiores, devido ocorrer a fixação dos valores genéticos dos indivíduos nas progênies com o avanço das autofecundações (FALCONER; MACKAY, 1996). Contrariamente, se a predominância for do componente de dominância, o melhorista está diante de um fator perturbador na identificação de genótipos superiores nas populações segregantes, pois alterações imprevisíveis podem ocorrer nos valores genéticos dos indivíduos (MATHER; JINKS, 1982). Esta situação ocorre porque a ação gênica de dominância que apresenta origem dos locos em heterozigose, demonstra uma redução pela metade a cada autofecundação nas populações segregantes de feijão.

Neste sentido, são relevantes os trabalhos que possibilitem a identificação de indivíduos com valores genotípicos que contribuam na redução do tempo de cocção, visto que este caráter não é preconizado no momento da seleção de plantas no melhoramento do feijão, fornecendo subsídios para o aprimoramento da qualidade culinária, atendendo às preferências dos consumidores. A literatura disponível, também demonstra uma lacuna em relação ao uso de genótipos segregantes nos estudos referentes ao tempo de cocção. Visto que grande parte dos trabalhos existentes se concentram apenas em variedades comerciais ou linhagens avançadas, deixando de explorar a possibilidade de realizar a seleção de plantas em populações segregantes para esse caráter (BORDIN *et al.*, 2010; CICHY *et al.*, 2019; KATUURAMU *et al.*, 2020; SADOHARA *et al.*, 2022).

Diante do exposto, os objetivos dessa dissertação foram: *i*) identificar populações divergentes para caracteres do tempo de cocção; *ii*) estimar os componentes da variação fenotípica, com finalidade de verificar a predominância da ação gênica na variância genética e suas implicações no melhoramento deste caráter em progênies de feijão; e *iii*) comparar procedimentos de seleção quanto à predição dos ganhos genéticos para o tempo de cocção em genótipos segregantes e linhagens avançadas de feijão, considerando diferentes níveis de endogamia nas progênies.



## 2 CAPÍTULO I - ANÁLISE MULTIVARIADA APLICADA NA DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS EM CARACTERES DO TEMPO DE COZIMENTO EM FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.)<sup>1</sup>

### 2.1 RESUMO

As avaliações rotineiras do caráter tempo de cozimento em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) podem ser efetuadas de distintas maneiras resultando em diferentes variáveis. Por vez, a análise estatística univariada não considera as interdependências entre as variáveis, podendo omitir importantes informações a respeito dos genótipos. Com isso, o objetivo do trabalho foi dispor uma proposta alternativa para análise do tempo de cozimento em feijão, permitindo a discriminação entre genótipos. O experimento utilizado para esta abordagem foi conduzido em condições de campo na safra agrícola do ano 2017/18 em Lages, Santa Catarina, Brasil. Os tratamentos foram compostos por doze genótipos, sendo quatro genitores, estruturados em dois cruzamentos BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR 88 Uirapuru, com suas gerações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>8</sub> e F<sub>9</sub>. O delineamento utilizado foi blocos casualizados, com dois blocos e duas observações em cada unidade experimental. Posteriormente a colheita, a variável resposta tempo de cocção dos grãos de feijão foi mensurada com o cozedor Mattson, sendo considerado o tempo de cocção das 13 hastes iniciais. Na análise multivariada, as variáveis tempo de cocção da segunda (TCH2), décima segunda (TCH12) e décima terceira haste (TCH13) foram utilizadas com base em sua significância pelo método de seleção de variáveis passo a passo (stepwise). A análise de variância multivariada demonstrou diferença entre os genótipos (P<0,05). A partir da matriz de dissimilaridade com as distâncias de Mahalanobis e o dendrograma de agrupamento, foi possível verificar as distâncias dos genótipos derivados dos cruzamentos BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR 88 Uirapuru. Com isso, a análise multivariada possibilitou a discriminação dos genótipos, adicionalmente o cruzamento BAF50 x BAF07 demonstrou maiores estimativas de dissimilaridade nas progênes.

**Palavras-chave:** Tempo de cocção; Stepwise; Dissimilaridade; Melhoramento de plantas.

---

<sup>1</sup> Artigo aceito em 06/06/2023: CARBONARI, L. T.; MELO, R. C.; CERUTTI, P. H.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Análise multivariada aplicada na discriminação de genótipos em caracteres do tempo de cozimento em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Revista de Ciências Agroveterinárias, v. 22, n.3, 2023.

## 2.2 INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é amplamente cultivado no Brasil, devido principalmente ser considerado um alimento rico em proteínas, carboidratos, fibras alimentares e minerais (LOS *et al.*, 2018). Decorrente disso, o cultivo desta cultura é realizado em até três safras, com sistemas de produção diversificados, no qual a produtividade de grãos média no país foi de 1505 kg ha<sup>-1</sup> na safra de 2021/22, para os tipos de grãos cores e preto (CONAB, 2022). Um rendimento de grãos superior comparado as produtividades históricas, em que nos últimos 40 anos o país reduziu sua área plantada em 30%, contudo demonstrou incrementos na produção próximos a 40%, decorrente do aumento na produtividade média (CONAB, 2022).

Este fato em grande parte se deve aos genótipos melhorados e disponibilizados aos agricultores, tornando a atividade do melhoramento fundamental nesta cultura (CHIORATO *et al.*, 2010). Assim, os principais objetivos do melhoramento do feijão com o decorrer dos anos foram a obtenção de cultivares produtivas, aliada a outras características agronômicas que permitissem a colheita de forma mecanizada dos grãos, além dos avanços na qualidade dos grãos disponibilizados ao consumidor (RIBEIRO *et al.*, 2023). Com base nisso, o surgimento de cultivares com qualidades superiores, principalmente para o caráter tempo de cozimento podem incentivar ainda mais o consumo deste grão. Neste sentido, inúmeros são os trabalhos na literatura avaliando a existência e magnitude da variação genética para o caráter tempo de cozimento em genótipos de feijão (ARNS *et al.*, 2018; CICHY *et al.*, 2019; KATUURAMU *et al.*, 2020; PEREIRA *et al.*, 2017; WIESINGER *et al.*, 2016).

As avaliações rotineiras para este caráter são realizadas com o método do cozedor Mattson adaptado por Proctor e Watts (1987), sendo o padrão das normas do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (BRASIL, 2006). Contudo, são observados diferentes padrões de emprego desta metodologia (RIBEIRO *et al.*, 2007), em que são considerados principalmente: *i*) o tempo de queda da 13<sup>o</sup> haste das 25 utilizadas no método, caracterizando 52% dos grãos cozidos; *ii*) tempo médio de 13 hastes iniciais; *iii*) porcentagem de 80% de queda dos 25 grãos cozidos e *iv*) multiplicação do número de grãos cozidos em um determinado período, pelo tempo de cozimento total, dividido pelo número inicial de grãos. Estes critérios apresentam um aspecto em comum, a

consideração de uma ou diferentes hastes sendo analisadas como uma única variável, desconsiderando o caráter multivariado destes dados.

A partir disso, uma abordagem multivariada considera a dependência entre as variáveis obtidas, fato não contemplado na univariada, visto que a análise multivariada tem como objetivo a síntese de um conjunto de variáveis, considerando a variância total do conjunto de dados (CRUZ; FERREIR; PESSONI, 2020; MORRISON, 1976; RENCHER, 2002). Com base nisso, a utilização de apenas uma variável pode resultar em uma simplificação perigosa, não evidenciando de modo adequado as verdadeiras causas das variações intrínsecas aos dados de estudo, podendo omitir importantes informações a respeito dos genótipos (COIMBRA *et al.*, 2007). Assim, para o tempo de cozimento em feijão, a consideração deste aspecto pode ser relevante. Isso, devido principalmente as variações intrínsecas presentes nas amostras de genótipos com constituição genética segregante, decorrente de diferenças genotípicas além da variação de ambiente.

Portanto, este trabalho teve por finalidade dispor uma proposta para análise estatística do tempo de cozimento em feijão, visando a discriminação de genótipos.

### 2.3 MATERIAL E MÉTODOS

Os genótipos a serem utilizados no estudo, foram originados a partir dos cruzamentos dirigidos entre os genitores BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR 88 Uirapuru. As características dos genitores utilizados nos cruzamentos podem ser observadas na Tabela 1. A hibridação artificial foi realizada, com prévia emasculação do botão floral no ano de 2008. Além disso, restituições dos cruzamentos foram realizadas nos anos de 2015 e 2016 em casa de vegetação.

Tabela 1 — Características dos genitores utilizados para a hibridação no estudo

Genótipo	Grupo comercial	Origem
BAF50	Carioca	Lebon Régis/SC
BAF07	Preto	Lages/SC
BAF09	Preto	CENA-Piracicaba/SP
IPR 88 Uirapuru	Preto	Cultivar-IAPAR/PR

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

Os híbridos destes genitores deram origem a diferentes populações segregantes nas gerações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>4</sub>, F<sub>5</sub>, F<sub>6</sub>, F<sub>7</sub> e F<sub>8</sub>, avançadas pelo método de condução em “bulk”, sem aplicação de seleção artificial nas diferentes gerações. Destas populações, na safra agrícola de 2017/18 em experimento de campo foram conduzidos os seguintes genótipos: 1) BAF07; 2) BAF09; 3) BAF50; 4) IPR 88 Uirapuru; 5) BAF50 x BAF07 na geração F<sub>1</sub>; 6) BAF50 x BAF07 na geração F<sub>2</sub>; 7) BAF50 x BAF07 na geração F<sub>7</sub>; 8) BAF50 x BAF07 na geração F<sub>8</sub>; 9) BAF09 x IPR 88 Uirapuru na geração F<sub>1</sub>; 10) BAF09 x IPR 88 Uirapuru na geração F<sub>2</sub>; 11) BAF09 x IPR 88 Uirapuru na geração F<sub>7</sub>; e 12) BAF09 x IPR 88 Uirapuru na geração F<sub>8</sub>.

O experimento a campo foi realizado na área experimental do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM), localizado no Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV), da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) em Lages, Santa Catarina, Brasil. As coordenadas geográficas da área experimental são 27° 47'S de latitude, 50° 18'W de longitude, com 950m de altitude, classificado segundo Koppen como clima cfb temperado (mesotérmico úmido e verão ameno) (KOPPEN; GEIGER, 1930). O solo do local é classificado como um Cambissolo Húmico Alumínio Léptico, textura argilosa, predominando o substrato siltito + argilito, com relevo ondulado e rampas de aproximadamente 300 m de comprimento, com as propriedades: 34% de argila; pH em água de 5,93; acidez potencial pelo método SMP de 5,21; 10,06 mg dm<sup>-3</sup> de P; 80 mg dm<sup>-3</sup> de K; 2,61% de MO; 5,42 cmolc dm<sup>-3</sup> de Ca e 2,10 cmolc dm<sup>-3</sup> de Mg.

As práticas culturais durante o ciclo foram realizadas conforme as recomendações técnicas da cultura do feijão, enquanto a adubação de semeadura e cobertura tiveram como base a interpretação da análise de solo, seguindo o disposto pela Comissão de Química e Fertilidade do Solo, visando um rendimento de grãos de 4000 kg ha<sup>-1</sup> (CQFS-RS/SC, 2016). A adubação nitrogenada em cobertura foi parcelada, nos estádios vegetativos de primeira (V3) e terceira (V4) folha trifoliolada aberta.

O delineamento utilizado foi blocos casualizados com dois blocos, resultando em 24 unidades experimentais, em virtude de alguns genótipos segregantes estarem em gerações iniciais de autofecundação, onde o tamanho e quantidade de parcelas geralmente ficam restringidas, devido a pouca disponibilidade de sementes nestas gerações (SOUZA *et al.* 2000). Cada unidade experimental foi composta por quatro linhas de um metro, com densidade de 10 sementes por metro linear. Devido a metodologia utilizada apresentar

uma variação intrínseca, duas amostras foram contabilizadas em cada unidade experimental, resultando em 48 observações para o tempo de cozimento. A avaliação do tempo de cozimento foi realizada após a colheita do ensaio nos genitores e nas sementes F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>7</sub> e F<sub>8</sub> dos cruzamentos BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR 88 Uirapuru. Os grãos foram secos em estufa até atingirem 12% de umidade. O tempo de cocção foi determinado através da utilização do cozedor de Mattson (MATTSON, 1946), modificado por Proctor e Watts (1987).

Os grãos foram previamente hidratados em água destilada e deionizada por um período de 12 horas, anteriormente ao teste de cozimento. O cozedor é composto de 25 hastes verticais, cada uma com ponta de 2 mm de diâmetro e peso padrão de 90 gramas, as quais permanecem apoiadas nos grãos de feijão durante o cozimento sob água destilada fervente. O tempo de cozimento em minutos foi obtido quando 13 unidades de hastes perfuraram os grãos. Além disso, na realização da análise multivariada foi considerando o tempo de cocção em minutos para cada haste, totalizando assim 13 variáveis: Tempo de Cocção da Haste 1 (TCH1), Tempo de Cocção da Haste 2 (TCH2), Tempo de Cocção da Haste 3 (TCH3), Tempo de Cocção da Haste 4 (TCH4), Tempo de Cocção da Haste 5 (TCH5), Tempo de Cocção da Haste 6 (TCH6), Tempo de Cocção da Haste 7 (TCH7), Tempo de Cocção da Haste 8 (TCH8), Tempo de Cocção da Haste 9 (TCH9), Tempo de Cocção da Haste 10 (TCH10), Tempo de Cocção da Haste 11 (TCH11), Tempo de Cocção da Haste 12 (TCH12) e o Tempo de Cocção da Haste 13 (TCH13).

O modelo estatístico multivariado utilizado apresenta a mesma expressão da equação univariada, sendo os termos escalares substituídos por vetores, em que cada um dos termos é um vetor com dimensão “v” inerente as variáveis, cujos os elementos são identificados com o acréscimo de um “l” sobescrito, onde:  $Y_{ijk}^l = m + g_i + b_j + e_{ij} + d_{k(ij)}$  em que:  $Y_{ijk}^l$ : é o vetor das observações das variáveis ( $l = 1, \dots, v$ ) numa unidade experimental que recebeu um tratamento  $i$  ( $i=1,2,\dots,12$ ), numa repetição  $j$  ( $j=1$  e  $2$ ), na amostra  $k$  ( $k = 1$  e  $2$ );  $m$ : é a constante inerente a todas as observações (média geral);  $g_i$ : é o efeito proporcionado pelo genótipo  $i$  (Tratamento);  $b_j$ : é o efeito proporcionado pelo bloco  $j$ ;  $e_{ij}$ : é o efeito aleatório (erro) na unidade experimental observada;  $d_{k(ij)}$ : é o efeito da amostra  $k$  ( $k=1$  e  $2$ ) dentro da parcela  $ij$ . Considerando a análise multivariada, um número grande de variáveis pode levar a uma síntese adequada do conjunto de variáveis a partir da variância total do conjunto de dados, no entanto há um aumento de

complexidade na interpretação. Por outro lado, um número pequeno de variáveis e covariáveis pode levar a uma interpretação mais simplificada, porém sem representar os dados. De modo geral, na estatística deseja-se que o modelo explique adequadamente os dados, promovendo uma parcimônia, representando da melhor maneira o fenômeno, com menor complexidade.

Neste sentido, anteriormente as análises multivariadas utilizou-se o método de seleção de variáveis. A partir das variáveis originais demonstradas na Tabela 2, foi aplicado o método de seleção de variáveis passo a passo (Stepwise), objetivando caracterizar as variáveis com contribuição significativa com a variável tempo de cozimento para a cultura do feijão (TCH13), segundo os padrões do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (BRASIL, 2006).

O método de seleção de variáveis aplicado (stepwise), adiciona as variáveis uma a uma ao modelo necessitando a estatística F ser significativa para estas serem mantidas. Após a adição de determinada variável, o método analisa novamente as variáveis já incluídas e retira as que não demonstram significância, posteriormente outra variável pode ser adicionada. Este processo termina quando nenhuma variável que estiver fora demonstre significância com a probabilidade estabelecida, ou quando a variável a ser incluída for a que acaba de ser excluída (SMITH, 2018). Assim, para o conjunto de dados foi verificado que as variáveis que contribuem de maneira explicativa com a variável tempo de cozimento (TCH13) foram o tempo de cocção da segunda haste (TCH2), conjuntamente ao tempo de cocção da décima segunda haste (TCH12), com nível de significância de 0,05 para saída e entrada de variáveis no modelo a partir do teste F.

Com isso, a realização da análise de variância multivariada e estimação da dissimilaridade entre os genótipos se deu com as variáveis que melhor representam a variação do tempo de cozimento dos genótipos de feijão. A partir da análise de variância multivariada, obtiveram-se as matrizes de soma de quadrados e produtos residuais e a matriz de soma de quadrados e produtos entre genótipos. Assim as distâncias de Mahalanobis foram obtidas com as variáveis selecionadas e utilizadas como medidas de dissimilaridades.

No estudo da divergência genética, foi utilizado o método aglomerativo da ligação média entre grupos (UPGMA), fundamentados na distância de Mahalanobis como medida de dissimilaridade (CRUZ; FERREIR; PESSONI, 2020). As análises de seleção

de variáveis, análise de variância multivariada e obtenção das distâncias de Mahalanobis foram realizadas com os procedimentos REG, GLM e CANDISC, do sistema estatístico SAS (*SAS OnDemands for Academics*), enquanto o agrupamento foi realizado com o pacote “stats” do software R (R CORE TEAM, 2023).

## 2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média do experimento para a variável tempo de cozimento (TCH13) utilizando o cozedor de Mattson foi de 24,93 minutos, o valor mínimo apresentou 18,43 minutos e o máximo foi de 49,95, enquanto o desvio padrão obtido foi de 5,14 (Tabela 2). De maneira geral, estes valores foram considerados inferiores aos observados nas cultivares desenvolvidas pela Rede Sul-Brasileira de Feijão no decorrer dos anos de 2010 e 2022 (RIBEIRO; MAZIERO; ARGENTA, 2023).

Tabela 2 — Medidas descritivas (valor mínimo, máximo, média e desvio padrão) das variáveis tempo de cocção dos grãos referentes as 13 primeiras hastes do método de Mattson

Variável*	Mínimo	Máximo	Média	Desvio padrão
TCH1	8,28	22,32	15,77	2,93
TCH2	10,47	24,50	17,46	2,47
TCH3	13,95	30,02	18,43	2,76
TCH4	15,10	30,22	19,25	2,89
TCH5	15,12	31,03	19,91	3,23
TCH6	15,52	31,15	20,53	3,24
TCH7	16,55	32,80	21,21	3,47
TCH8	16,58	35,52	21,68	3,66
TCH9	14,90	39,80	22,28	4,26
TCH10	17,95	40,15	23,00	4,25
TCH11	18,02	40,83	23,69	4,22
TCH12	18,40	43,08	24,25	4,45
TCH13	18,43	49,95	24,93	5,14

\*Tempo de Cocção das Hastes (TCHn, com n = 1, 2, 3, ..., 13).

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

Conforme as informações da Tabela 2, observa-se concordância quanto a média de cocção dos grãos para as demais hastes, além dos desvios apresentarem valores percentuais de aproximadamente 15 a 20% da média. A significância das duas variáveis (tempo de cocção da segunda - TCH2 e décima segunda haste - TCH12) na contribuição com a variação do tempo de cozimento (TCH13), podem ser inerentes as características intrínsecas do método cozedor de Mattson. Isso porque as hastes no formato de êmbolos apresentam variação na perfuração dos grãos, decorrente das diferenças presentes na composição amostral dos grãos a ser realizado o teste de cozimento. Este fenômeno foi estudado, principalmente aumentando as amostras e número de feijões, utilizados no momento de realizar o tempo de cozimento, visando assim mitigar a variabilidade dentro da amostra (PROCTOR; WATTS, 1987). Onde, a utilização de apenas uma haste na consideração do tempo de cozimento pode mascarar efeitos importantes individuais dos genótipos de feijões, relevantes as características culinárias e a diferenciação.

De modo geral, em estudos visualizando as variações do método verificou-se que o tempo de cocção das hastes extremas demonstram uma menor precisão experimental, sugerindo que estes valores podem ser desconsiderados. Além disso, a utilização de apenas uma ou de muitas hastes na definição do tempo de cocção, poderia descaracterizar o tempo de cozimento relacionado as características sensoriais e culinárias, devido à redução ou incremento do tempo de avaliação (RIBEIRO *et al.*, 2007). Sendo assim, a mensuração destas variáveis e posterior consideração de apenas aquelas que apresentam maior relevância pode ser uma alternativa, a compor a análise para a capacidade de cozimento nos grãos de feijão, considerando os aspectos observados intrinsecamente no método cozedor de Mattson.

De acordo com o disposto, sugere-se que inicialmente seja realizado um diagnóstico das variáveis que apresentam maior contribuição para a variação do tempo de cozimento, representado pela décima terceira haste a perfurar os grãos (TCH13). Devido a mesma ser considerada como a variável que estabelece o tempo de cozimento pelo Registro Nacional de Cultivares (RNC), para a inscrição de novas cultivares neste sistema (BRASIL, 2006). Com isso, conferindo aos resultados uma padronização quanto aos critérios utilizados, considerando a legislação a respeito deste caráter.

Os aspectos relacionados a diferenciação dos genótipos são fundamentais, em decorrência da possibilidade de escolha somente ser possível na sua presença, visto que um dos objetivos básicos do melhoramento de plantas é discriminar o valor fenotípico em causas herdáveis e não herdáveis, permitindo que as diferenças captadas na seleção de plantas sejam perpetuadas a progênie (FALCONER; MACKAY, 1996). Assim, as diferenças observadas na discriminação dos genótipos necessitam ser de origem genética. Conforme observado nos resultados apresentados na Tabela 3, foi evidenciado a presença de significância para o efeito de genótipos ( $P < 0,05$ ), em ambos os testes multivariados (Wilks' Lambda, Pillai's Trace, Hotelling-Lawley Trace e Roy's Greatest Root), os quais demonstram-se equivalentes quanto a sua potência, não existindo na literatura um consenso sobre qual destes devem ser utilizados no teste de hipótese na análise de variância multivariada.

Tabela 3 — Resumo da análise de variância multivariada para 12 genótipos avaliados em blocos ao acaso, considerando variáveis TCH2, TCH12 e TCH13 relacionadas ao tempo de cozimento em feijão

Efeito	Teste	Valor	Valor F	P > F
Bloco	Wilks' Lambda	0,723	-	-
	Pillai's Trace	0,276	-	-
	Hotelling-Lawley Trace	0,382	-	-
	Roy's Greatest Root	0,382	-	-
Genótipo	Wilks' Lambda	0,021	2,20	0,019
	Pillai's Trace	1,997	1,99	0,025
	Hotelling-Lawley Trace	10,323	2,55	0,032
	Roy's Greatest Root	7,612	7.61	0,001

Hipótese de nulidade -  $H_0: \mu_1 = \mu_2 \dots = \mu_k$ ; Hipótese alternativa -  $H_a = \mu_1 \neq \mu_2 \dots \neq \mu_k$ .

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

A significância para este fator revelou o efeito diferencial dos genótipos avaliados para o caráter tempo de cozimento em feijão, considerando as variáveis tempo de cocção da segunda haste (TCH2), décima segunda haste (TCH12) e décima terceira haste (TCH13). Na Tabela 3 também se verificou uma resposta análoga dos genótipos nos

blocos do experimento, onde não foi verificada significância para o efeito de bloco ( $P > 0,05$ ), em relação ao tempo que as distintas hastes perfuraram os grãos de feijão dos diferentes genótipos, com o método de determinação do tempo de cozimento. As diferenças genotípicas para este caráter na cultura do feijão são amplamente observadas por diferentes autores, considerando a análise univariada (CICHY *et al.*, 2019; KATUURAMU *et al.*, 2020; PEREIRA *et al.*, 2017).

Neste sentido, essas diferenças genotípicas obtidas com a análise multivariada demonstram basicamente uma nova abordagem para este caráter. Considerando a interdependência das variáveis TCH2, TCH12 e TCH13, a interpretação de maneira conjunta destas é fundamental, decorrente do método cozedor de Mattson empregado para esta avaliação apresentar variações, referentes principalmente a capacidade de hidratação de água para cada grão de feijão, além de aspectos relacionados ao tamanho destes grãos na amostra (ARRUDA; GUIDOLIN; COIMBRA, 2012; MELO *et al.*, 2020).

A presença destas variações pode ocorrer principalmente devido a aleatoriedade das amostras, sendo capaz de influenciar de maneira pontual a mensuração do tempo de cozimento, para as diferentes observações realizadas nos experimentos. Estes e outros aspectos se agravam ainda mais ao considerar genótipos com constituição genética segregante, os quais demonstram conseqüentemente locus em heterozigose, segregando para as diferentes formas homozigotas (FALCONER; MACKAY, 1996). Essas diferenças genotípicas, podem resultar em variações dentro das amostras, inerentes basicamente ao desempenho genotípico diferencial para o tempo de cocção e outros atributos referentes a capacidade de cozimento dos grãos, que de maneira direta ou indiretamente podem influenciar na resposta deste caráter (WIESINGER *et al.*, 2016). Assim, a utilização de uma abordagem multivariada, resulta em uma interpretação facilitada destes dados, na presença da interdependência das variáveis avaliadas para o tempo de cozimento em genótipos de feijão.

Considerando estes aspectos relacionados a essa variabilidade, foi observado uma maior discriminação entre cultivares de feijão na avaliação do tempo de cozimento, com a utilização do tempo médio de queda das hastes do cozedor Mattson, além disso, o tempo médio das treze primeiras hastes do cozedor proporcionou também maior precisão experimental (RIBEIRO *et al.*, 2007). A partir disso, se verifica que a consideração de uma haste específica na definição do tempo de cocção para o feijão utilizando o cozedor

Mattson, pode levar o pesquisador a desfavorecer determinados genótipos em detrimento do favorecimento a outros. Com base neste aspecto, constituições genotípicas com potencial de redução do tempo de cozimento podem ser ignoradas para este caráter, sendo fundamental que as comparações sejam realizadas considerando as diferentes variáveis. Este fato apresenta relevância, visto que em estudo prévio foi verificado que os ganhos genéticos para o tempo de cocção são nulos nas cultivares desenvolvidas pela Rede Sul-Brasileira de Feijão entre 2010 e 2022 (RIBEIRO; MAZIERO; ARGENTA, 2023).

Neste sentido, a partir da verificação da presença de variação genética nos genótipos de feijão considerando as variáveis do tempo de cocção, uma informação importante que atende os objetivos do melhoramento é a quantificação e informação do grau de semelhança, além das diferenças apresentadas entre os diferentes genótipos, possível de ser observada por estimativas de dissimilaridade. Em uma etapa inicial dos programas de melhoramento esta informação é importante e de grande utilidade, visando orientar as hibridações, direcionando assim os esforços do melhorista para os cruzamentos em que há diversidade genética entre os genitores, sendo um indicativo da complementariedade gênica destes (CRUZ; FERREIR; PESSONI, 2020). Contudo, estas informações também são relevantes considerando populações segregantes (DELLAGOSTIN *et al.*, 2011), pois demonstram a distância genética dos genótipos e sua potencialidade em termos dos possíveis ganhos a serem obtidos com a seleção de plantas. No estudo em questão, a importância é inerente a discriminação dos genótipos considerando as diferentes variáveis, que apresentaram relevância nas populações segregantes.

Na Tabela 4, são apresentadas as informações relativas à dissimilaridade entre os genótipos de feijão estimada pela distância de Mahalanobis, em relação ao tempo de cocção dos grãos pelas hastes do método cozedor de Mattson (TCH2, TCH12 e TCH13), conjuntamente as probabilidades associadas as estimativas F para cada uma das distâncias. Constata-se que as maiores dissimilaridades entre os genitores foram observadas entre o genótipo 4 (IPR 88 Uirapuru), com os demais genitores oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão (BAF07, BAF09 e BAF50). Contudo estes valores não apresentaram significância considerando uma probabilidade de 0,05, aceitando-se a hipótese de nulidade ( $H_0: D^2 = 0$ ).

Tabela 4 — Dissimilaridade entre os genótipos de feijão estimada pela distância de Mahalanobis ( $D^2$ ) abaixo da diagonal principal, conjuntamente aos valores de probabilidades associados as estimativas F para as distancias acima da diagonal principal ( $H_0: D^2 = 0$ ;  $H_a: D^2 \neq 0$ ), em relação ao tempo de cocção das hastes (TCH2, TCH12 e TCH13) do método cozedor de Mattson

Genótipos*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-	0,77	0,88	0,14	0,13	0,02	0,55	0,93	0,32	0,30	0,30	0,70
2	1,32	-	0,64	0,36	0,12	0,01	0,24	0,64	0,34	0,71	0,79	0,92
3	0,76	2,05	-	0,17	0,04	0,02	0,52	0,91	0,32	0,28	0,28	0,73
4	8,06	4,22	7,39	-	0,02	0,01	0,02	0,09	0,53	0,88	0,44	0,25
5	8,50	8,95	14,31	18,51	-	0,01	0,04	0,07	0,04	0,05	0,05	0,05
6	16,7	25,50	16,96	46,45	31,17	-	0,18	0,04	0,01	<0,00	0,01	0,01
7	2,63	5,86	2,80	18,10	14,34	7,04	-	0,81	0,04	0,05	0,08	0,34
8	0,49	2,04	0,61	10,24	11,54	13,41	1,13	-	0,16	0,19	0,26	0,75
9	4,73	4,51	4,72	2,80	14,14	35,52	13,70	7,41	-	0,50	0,16	0,20
10	4,93	1,65	5,29	0,77	12,54	39,15	13,32	6,78	2,99	-	0,76	0,49
11	4,97	1,22	5,27	3,50	13,23	34,69	10,49	5,46	7,47	1,41	-	0,76
12	1,72	0,53	1,57	5,73	12,62	22,56	4,42	1,44	6,67	3,07	1,40	-

\*1: BAF07; 2: BAF09; 3: BAF50; 4: IPR 88 Uirapuru; 5: geração F<sub>2</sub> do cruzamento BAF50 x BAF07; 6: geração F<sub>3</sub> do cruzamento BAF50 x BAF07; 7: geração F<sub>8</sub> do cruzamento BAF50 x BAF07; 8: geração F<sub>9</sub> do cruzamento BAF50 x BAF07; 9: geração F<sub>2</sub> do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru; 10: geração F<sub>3</sub> do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru; 11: geração F<sub>8</sub> do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru; 12: geração F<sub>9</sub> do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

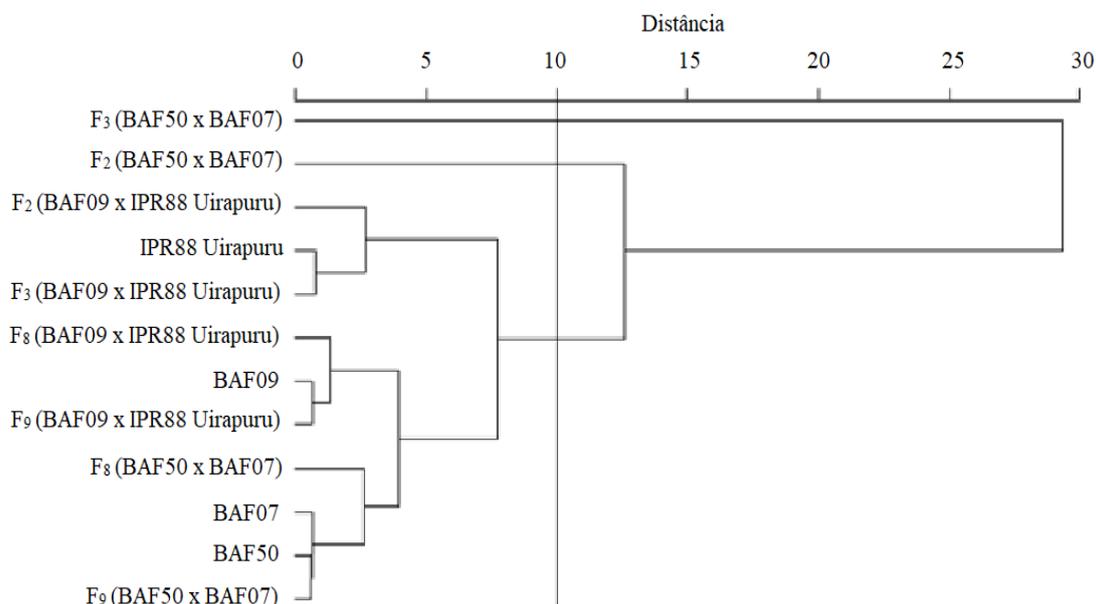
Quanto as populações segregantes oriundas do cruzamento entre os genótipos BAF50 x BAF07 (Tabela 4), foram verificadas maiores estimativas de dissimilaridades nas comparações entre as gerações F<sub>2</sub> e F<sub>3</sub> (5 x 6), F<sub>2</sub> e F<sub>8</sub> (5 x 7), F<sub>2</sub> e F<sub>9</sub> (5 x 8), além da geração F<sub>3</sub> com F<sub>9</sub> (6 x 8), as quais apresentaram significância a 0,05 ( $H_a: D^2 \neq 0$ ). No

cruzamento entre os genitores BAF09 x IPR 88 Uirapuru, estas populações segregantes demonstram baixas estimativas de dissimilaridade dentro do cruzamento, se comparado aos valores entre BAF50 x BAF07, deste modo não diferindo de 0 pelo teste F ( $H_0: D^2 = 0$ ). As dissimilaridades entre os genótipos segregantes dos dois cruzamentos evidenciaram magnitude mais elevada, refletindo as diferenças genotípicas entre os dois cruzamentos. Essas diferenças foram observadas principalmente entre a geração  $F_2$  e  $F_3$  do cruzamento BAF50 x BAF07, com as demais populações segregantes do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru.

Usualmente as medidas de dissimilaridade entre os genótipos são apresentadas empregando uma técnica de agrupamento. Utilizando as médias ponderadas das medidas de dissimilaridade na construção de um dendrograma estabelecido pelo genótipo de maior similaridade, sendo definido como o método aglomerativo UPGMA. Com este método de agrupamento foi possível verificar que as distâncias mínimas estão inclusas no dendrograma, enquanto o valor do último nível de fusão se encontra levemente abaixo da máxima dissimilaridade. O nível de informação mantida no dendrograma em relação a matriz de distancias é obtido pela correlação cofenética, sendo de 0,83 (Figura 1), indicando uma porcentagem de 83% da informação da matriz de distâncias entre os genótipos no dendrograma.

A partir da Figura 1, podem ser observados basicamente o agrupamento dos genótipos em três grupos, com o corte realizado a uma distância de 10. O primeiro grupo foi constituído pelo genótipo 6 (geração  $F_3$ ) localizado praticamente no último nível de fusão (39,15), um segundo grupo é formado pelo genótipo 5 (geração  $F_2$ ), ambos originários do cruzamento BAF50 x BAF07, enquanto os demais genótipos compuseram o terceiro grupo. Estes resultados revelam diferenças entre os grupos de genótipos, sendo fundamentadas basicamente entre as progênies do cruzamento BAF50 x BAF07. Considerando que o objetivo final da pesquisa em genética na agricultura é indicar o caminho que leva ao avanço genético. O aspecto com base no comportamento das populações segregantes destes cruzamentos fornecem uma indicação da potencialidade como critério a ser utilizado para seleção de plantas, além dos genitores a serem considerados no processo de melhoramento do caráter tempo de cozimento em feijão.

Figura 1 — Dendrograma obtido pelo método aglomerativo da ligação média entre grupos (UPGMA), com as distâncias de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre os genótipos de feijão para as variáveis do tempo de cozimento (TCH2, TCH12 e TCH13)



Valor de correlação cofenética = 0,83

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

As informações referentes ao mérito dos cruzamentos, conjuntamente as populações segregantes conduzidas em bulk com diferentes níveis de heterozigose, apresentam subsídios importantes. Pois este caráter, demonstra a particularidade de necessitar uma avaliação minuciosa, sendo essencial na obtenção do progresso com a seleção de plantas. Isso porque o avanço genético para qualquer caráter é definido em termos dos valores genéticos das gerações realmente testadas, em consequência das mudanças nas frequências alélicas obtida pela seleção. Com isso, essa relevância decorre da impossibilidade de realizar previsões sem o conhecimento das informações oriundas da avaliação das progênies, contrariamente a outros caracteres, onde o melhorista pode direcionar a seleção a partir de ideótipos e a sua experiência, descartando genótipos inferiores de maneira precoce (ALLARD, 1971).

Conforme observado nas estimativas da dissimilaridade entre os genótipos, o cruzamento BAF50 x BAF07 demonstrou maiores valores entre as gerações segregantes, comparativamente ao outro cruzamento. Deste modo, a consideração da interdependência

das variáveis do tempo de cozimento pelo método cozedor de Mattson na análise estatística, colabora com a síntese de informações a partir da variação total observada para as variáveis mensuradas nos genótipos, favorecendo a discriminação das progênies.

## 2.5 CONCLUSÃO

A proposta utilizando as diferentes técnicas de análise multivariada, aplicada as variáveis do tempo de cozimento em feijão, pode ser utilizada para a diferenciação dos genótipos a partir das constituições genéticas presente neste estudo, indicando uma alternativa para análise estatística deste caráter. Adicionalmente, verifica-se diferenças entre genótipos obtidos do cruzamento de genitores similares, pertencentes a grupos comerciais diferentes para o tempo de cozimento. O cruzamento BAF50 x BAF07, demonstra maiores estimativas de dissimilaridade nas progênies de feijão, inerentes as diferentes gerações de autofecundação.



### 3 CAPÍTULO II - AÇÃO GÊNICA PREDOMINANTE E SUAS IMPLICAÇÕES NO MELHORAMENTO DO CARÁTER TEMPO DE COCÇÃO EM FEIJÃO

#### 3.1 RESUMO

O objetivo do trabalho foi estimar os componentes da variação fenotípica, com finalidade de verificar a predominância da ação gênica na variância genética e suas implicações no melhoramento do caráter tempo de cocção em feijão. Os genótipos utilizados no estudo foram originados do cruzamento dirigido entre os genitores BAF50 x BAF07. As progênes deste cruzamento foram conduzidas em “bulk” até as gerações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>7</sub> e F<sub>8</sub>. Posteriormente foram amostradas e subdivididas 16 progênes nas gerações F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>, conduzidas experimentalmente a campo conjuntamente aos genitores, em esquema hierárquico de gerações e progênes, repetidas três vezes em delineamento de blocos ao acaso, totalizando 198 parcelas experimentais, compostas por uma linha de dois metros, com densidade de oito sementes por metro linear. Após a colheita, a variável resposta tempo de cocção foi mensurada por meio do cozedor de Mattson em minutos. Os componentes da variação fenotípica foram estimados de acordo com o modelo misto, sendo a variação genotípica fracionada em componentes aditivo e dominante. O componente de dominância da variância genética foi superior ao componente aditivo. Para o modelo ajustado, as estimativas das variâncias genéticas de dominância foram superiores as esperadas no caráter tempo de cocção nas progênes de feijão inerentes as gerações F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>. As estimativas do componente aditivo da variância genética obtiveram seus valores semelhantes aos esperados, resultando em herdabilidades restritas superiores nas gerações autofecundação F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>. Com base nestes resultados, a seleção de plantas para o tempo cocção em feijão pode apresentar maior sucesso em gerações com maiores níveis de homozigose, devido a redistribuição da variância genética, com a redução da variância de dominância e incremento da variância aditiva nas progênes.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L; Cockerham; Variância genética; Melhoramento de plantas.

### 3.2 INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.,  $2n=2x=22$ ) é amplamente cultivado e consumido no Brasil, por ser considerado um alimento rico em proteínas, carboidratos, fibras e minerais (LOS *et al.*, 2018). A atividade do melhoramento de plantas nesta cultura no decorrer dos anos foi fundamental, para os consumidores e agricultores. Os principais objetivos se direcionaram na obtenção de cultivares produtivas, aliada a características agronômicas que permitiram a colheita mecanizada dos grãos. Além disso, foram observados avanços na qualidade culinária dos grãos disponibilizados aos consumidores (ALMEIDA *et al.*, 2018).

Considerando as características relacionadas a qualidade dos grãos, o aspecto referente ao tempo de cozimento demonstra uma relevância significativa para o consumidor. Isso porque um tempo elevado de cocção não estimula o consumo recorrente do feijão na alimentação da população, decorrente do próprio tempo e consumo de energia necessários para o seu preparo, influenciando diretamente a percepção do consumidor sobre este alimento, sendo um importante aspecto na aceitação do cultivar pelo mercado (CARBONEL; CARVALHO; PEREIRA, 2006). Com isso, inúmeros são os trabalhos na literatura avaliando a existência e a magnitude da variação genética para o caráter tempo de cocção em genótipos de feijão (CICHY *et al.*, 2019; KATUURAMU *et al.*, 2020; PEREIRA *et al.*, 2017; WIESINGER *et al.*, 2016). Essas diferenças genotípicas são oriundas de fatores físicos e químicos intrínsecos do genótipo, que moldam a estrutura da semente, influenciando as diferentes fases do processo de cozimento (BASSETT; HOOPER; CICHY, 2021).

Apesar da importância que o genótipo demonstra na expressão fenotípica do caráter tempo de cocção, os ganhos genéticos obtidos no decorrer dos anos são devidos a basicamente seleções indiretas. Isso porque do ponto de vista prático do melhoramento desta cultura, a seleção é realizada para o caráter rendimento de grãos, sendo apenas avaliada a capacidade de cocção nas progênies selecionadas. Assim, o conhecimento das frações inerentes a variação genética do caráter tempo de cocção, possibilita o estabelecimento de estratégias adequadas na condução e seleção das populações segregantes, pois o progresso genético no melhoramento depende da magnitude e natureza da variação genética na população que será praticada a seleção (ALLARD,

1971). Neste sentido, os estudos disponíveis na literatura para este caráter não demonstram um consenso da natureza da variação genética, ou seja, se a ação gênica predominante tem origem da interação alélica aditiva ou de dominância (ELIA *et al.*, 1997; HERNANDEZ *et al.*, 2003; RIBEIRO *et al.*, 2006).

A implicação da ação gênica no melhoramento deste caráter, deriva principalmente se a variação genética predominante for aditiva, indivíduos superiores geneticamente iram originar progênes também superiores, devido os valores genotípicos dos indivíduos serem fixados nas progênes com o avanço das gerações de autofecundação, de acordo com a redistribuição das formas alélicas heterozigotas em homozigotas nos diferentes locos (FALCONER; MACKAY, 1996). Contrariamente, se o componente de dominância apresentar predominância, ocorre um fator perturbador na identificação de genótipos superiores nas populações segregantes, decorrente de alterações imprevisíveis nos valores genéticos (MATHER; JINKS, 1982). Isto ocorre porque a ação gênica de dominância originada dos locos em heterozigose, demonstra uma redução pela metade a cada geração sucessiva de autofecundação nas populações segregantes de feijão. Desse modo, em termos do melhoramento do caráter tempo de cocção, a importância se direciona basicamente para a magnitude do componente aditivo da variância genética, visando a identificação do procedimento mais adequado para realizar a seleção de plantas.

Portanto, este trabalho teve por objetivo estimar os componentes da variação fenotípica, com finalidade de verificar a predominância da ação gênica na variância genética e suas implicações no melhoramento do tempo de cocção em progênes de feijão.

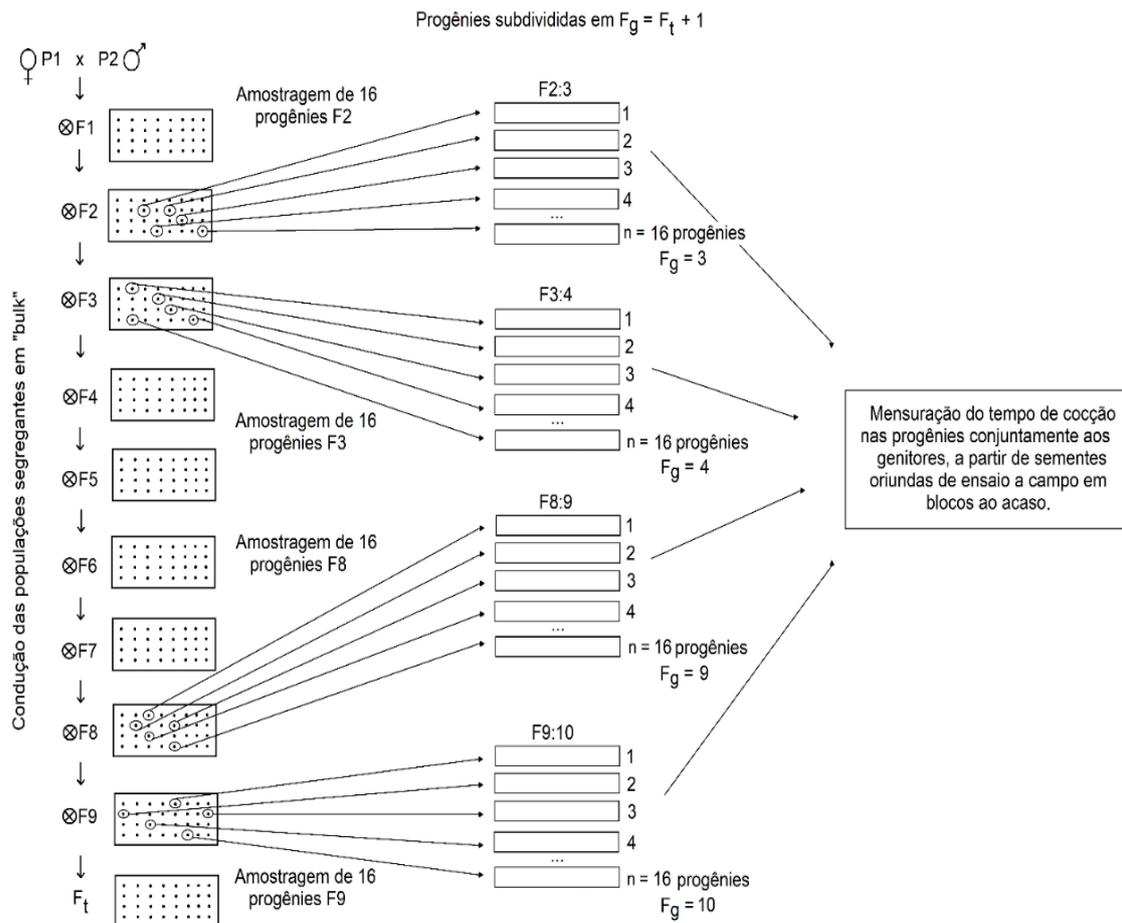
### 3.3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.3.1 Constituições genotípicas

Os genótipos utilizados foram originados do cruzamento dirigido entre os genitores BAF50 x BAF07, oriundos do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade do Estado de Santa Catarina. A utilização deste cruzamento se deu mediante a estes genótipos demonstrarem acentuada divergência genética nas progênes deste cruzamento para o caráter tempo de cocção (CARBONARI *et al.*, 2023). O BAF50 apresenta grão do tipo carioca, hábito de crescimento tipo III com origem de coleta no município de Lebon

Régis/SC. De modo contrário, BAF07 tem grão do tipo preto, demonstra hábito de crescimento tipo III e origem do município de Lages/SC. A hibridação artificial foi realizada, com prévia emasculação do botão floral no ano de 2008. Além disso, os cruzamentos foram realizados novamente nos anos de 2015 e 2016 em casa de vegetação, visando a obtenção de sementes em gerações iniciais de autofecundação. O cruzamento entre os genitores originou diferentes populações segregantes nas gerações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>4</sub>, F<sub>5</sub>, F<sub>6</sub>, F<sub>7</sub> e F<sub>8</sub>, avançadas pelo método de condução em “bulk” a campo, sem aplicação de seleção artificial nas diferentes gerações, sendo realizada apenas com objetivo de avançar os níveis de homozigose com gerações de autofecundação nas populações (Figura 2).

Figura 2 — Representação esquemática do método de condução em “bulk” aplicado no decorrer dos anos até a geração F<sub>t</sub>, conjuntamente a forma de obtenção das progênies com sua subdivisão em F<sub>g</sub> = F<sub>t</sub> + 1, oriundas do cruzamento BAF50 (P1) x BAF07 (P2)



Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

Uma amostra de sementes das populações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>7</sub> e F<sub>8</sub> (sendo as duas últimas, as últimas gerações conduzidas em “bulk”) foram obtidas com amostrador tipo “divisor de solo” e semeadas em casa de vegetação no ano de 2022. Após a maturação fisiológica, as sementes foram colhidas em plantas individuais, de modo que na geração seguinte as progênies pudessem ser avaliadas experimentalmente, totalizando 16 progênies amostradas em cada uma destas gerações (Figura 2), decorrente da dificuldade de avaliação deste caráter considerando o método cozedor de Mattson (CARVALHO *et al.*, 2017). Assim, ao todo foram considerados 66 genótipos neste trabalho, sendo incluídas progênies em gerações iniciais e avançadas de autofecundação (64), conjuntamente aos genitores (2): *i*) Genitores: BAF50 e BAF07; *ii*) 16 progênies oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07 na geração F<sub>2:3</sub>; *iii*) 16 progênies oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07 na geração F<sub>3:4</sub>; *iv*) 16 progênies oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07 na geração F<sub>7:8</sub>; e *v*) 16 progênies oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07 na geração F<sub>8:9</sub>.

### 3.3.2 Condução do experimento a campo

O experimento a campo foi desenvolvido na área experimental do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM), localizado no Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV), da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) em Lages, Santa Catarina, Brasil (APÊNDICE A), na safra agrícola 2022/23. As coordenadas geográficas da área experimental são 27° 47'S de latitude, 50° 18'W de longitude, com 950m de altitude, classificado segundo Koppen como clima cfb temperado (mesotérmico úmido e verão ameno). O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, considerando o esquema hierárquico com gerações de autofecundação e progênies, em que os fatores experimentais (*bloco + geração + geração(progênies)*) foram considerados aleatórios (fatores amostrados). Com isso, 16 progênies amostradas em cada uma das gerações F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub> (totalizando 64), foram conduzidas conjuntamente aos genitores, totalizando 198 unidades experimentais, composta por uma linha de 2 metros, com densidade de 8 sementes por metro linear.

As práticas culturais durante o ciclo foram realizadas conforme as recomendações técnicas da cultura do feijão, enquanto a adubação de semeadura e cobertura tiveram como base a interpretação da análise de solo, seguindo o disposto pela Comissão de

Química e Fertilidade do Solo, visando um rendimento de grãos de 4000 kg ha<sup>-1</sup> (CQFS-RS/SC, 2016). A adubação nitrogenada em cobertura foi parcelada nos estádios vegetativos de primeira (V3) e terceira (V4) folha trifoliolada aberta. Na maturidade fisiológica as parcelas foram colhidas individualmente e posteriormente foi realizado a trilha manual de cada parcela, com os grãos secos em estufa até aproximadamente 13% de umidade. Em sequência os grãos foram armazenados em sacos de papel pelo período de um mês em temperatura ambiente, até o momento de realização do teste de cocção. Estas sementes correspondem uma geração avançada de autofecundação em relação as gerações F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>, no entanto para a estimação dos parâmetros genéticos foi considerada a geração do tegumento, decorrente do efeito materno ser relatado para este caráter na literatura, conjuntamente a ausência de xênia. Assim, o tempo de cocção tem sua expressão fenotípica uma geração atrasada em relação a geração da planta, ou seja as sementes colhidas das plantas de determinada geração de autofecundação, representam a própria geração da planta mãe para este caráter, pois o tegumento demonstra grande influência, sendo proveniente do desenvolvimento da parede do ovário, determinado antes da fertilização (HERNANDEZ et al., 2003; RIBEIRO et al., 2006).

### 3.3.3 Avaliação do tempo de cocção

O tempo de cocção das parcelas foi determinado através da utilização do cozedor de Mattson (MATTSON, 1946), modificado por Proctor e Watts (1987). O cozedor é composto de 25 hastes verticais, cada uma com ponta de 2 mm de diâmetro e peso padrão de 90 g, as quais permanecem apoiadas nos grãos de feijão durante o cozimento sob água destilada fervente (APÊNDICE B). O tempo de cocção em minutos considerado foi quando 13 unidades de hastes perfuraram os grãos. Cada amostra das parcelas, composta por 16 g de grãos foram imersas em 100 mL de água destilada na proporção de 1:6,25 respectivamente, mantidas por 25°C por um período de hidratação de 12 h. Após o período de hidratação, 25 grãos de feijão foram colocados sob o suporte do cozedor de Mattson, com as hastes sendo posteriormente apoiadas sob os grãos. Posteriormente, o cozedor foi acondicionado em panela de aço inoxidável com 3 L de água destilada fervente a 100°C constante, sendo iniciado neste momento a contagem do tempo de cocção decorrendo-se até a perfuração do 13º grão de feijão da amostra, caracterizando 52% dos grãos cozidos (T50).

### 3.3.4 Análise estatística

A análise estatística para a variável tempo de cocção foi procedida com estimação dos componentes de variância genotípica e residuais (variâncias associadas aos efeitos aleatórios do modelo estatístico) realizadas considerando o modelo misto, denotado matricialmente por:  $Y = XB + ZU + e$ , onde:  $Y$  é o vetor das observações;  $X$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos (média);  $B$  é o vetor dos efeitos fixos;  $Z$  é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios (bloco + geração + geração(progênes));  $U$  é o vetor dos efeitos aleatórios;  $e$  compõe o vetor aleatório inerente ao erro experimental. As estimativas dos componentes aleatórios foram fundamentadas no método da máxima verossimilhança restrita (REML), devido as suas propriedades consideradas superiores comparativamente as estimativas de quadrados mínimos e de máxima verossimilhança. Isto porque seus estimadores são obtidos maximizando a função de verossimilhança com os componentes de variâncias negativos sendo restringidos a média zero, a qual é dividida em duas partes independentes, referente aos efeitos fixos e aleatórios, sendo a função de verossimilhança inerente ao somatório de cada parte (SEARLE; CASELLA; MCCULLOCH, 1992).

Em sequência, a variância genotípica das progênes ( $\sigma_g^2$ ) foi decomposta em componentes aditivo ( $\sigma_A^2$ ) e dominante ( $\sigma_D^2$ ) para as gerações  $F_{2:3}$ ,  $F_{3:4}$ ,  $F_{8:9}$  e  $F_{9:10}$ , de acordo com o proposto por Cockerham (1963), onde:  $\sigma_g^2 = a\sigma_A^2 + d\sigma_D^2 \dots$ , com  $a = (1 + I_t)$  e  $d = (1+I_t)(1-I_t)^{-1}(1-I_g)^2$ , sendo  $I_t$  o coeficiente de endogamia na geração de referência (última geração de condução em “bulk”),  $I_g$  o coeficiente de endogamia na geração  $g$  da descendência (geração de abertura do “bulk”/início da avaliação das progênes) (Tabela 5). O modelo genético hierárquico utilizado no estudo tem como característica as progênes de uma geração não serem representadas nas gerações subsequentes, decorrente dos diferentes momentos de subdivisão das progênes (abertura do bulk/início da avaliação das progênes). Assim, o modelo utilizado na obtenção das estimativas contemplou todas as gerações de autofecundação avaliadas no estudo  $F_{2:3}$ ,  $F_{3:4}$ ,  $F_{8:9}$ ,  $F_{9:10}$ . Estas decomposições da variância genética foram realizadas utilizando o método de mínimos quadrados, com suas estimativas obtidas de acordo com o seguinte estimador:  $\hat{\beta} = (X'X)^{-1}X'Y$ , onde  $\hat{\beta}$  é o vetor inerente as estimativas dos componentes da variância

genética; X é a matriz dos componentes genéticos; Y é a matriz de variância genéticas observadas nas progênes (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Tabela 5 — Coeficientes dos componentes aditivo (a) e de dominância (d) da variância genética entre progênes para as gerações F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>, com os respectivos coeficientes de endogamia

Geração	I <sub>t</sub> <sup>1/</sup>	I <sub>g</sub> <sup>2/</sup>	a	d
F <sub>2:3</sub>	0	1/2	1	1/4
F <sub>3:4</sub>	1/2	3/4	3/2	3/16
...	...	...	...	...
F <sub>8:9</sub>	63/64	127/128	127/64	127/16384
F <sub>9:10</sub>	127/128	255/256	255/128	255/65536
F <sub>∞</sub>	1	1	2	0

<sup>1/</sup>I<sub>t</sub>: coeficiente de endogamia da última geração conduzida em “bulk”; <sup>2/</sup>I<sub>g</sub>: coeficiente de endogamia da geração de início da avaliação das progênes

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

Os coeficientes de herdabilidade foram obtidos conforme:  $\hat{h}^2 = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2$  e  $\hat{h}_r^2 = \hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2$ , sendo  $\hat{h}^2$  o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo,  $\hat{h}_r^2$  o coeficiente de herdabilidade no sentido restrito,  $\hat{\sigma}_g^2$  o componente de variância genética,  $\hat{\sigma}_e^2$  a variância de ambiente entre parcelas, enquanto  $\hat{\sigma}_A^2$  é o componente aditivo da variância genética. Para que essas estimativas cumpram sua finalidade, as mesmas devem ser consideradas a partir das unidades em que será praticada a seleção de plantas. Com isso, neste estudo a obtenção das estimativas de herdabilidade foram realizadas com base na variação fenotípica ao nível de parcela, ou seja, o somatório da variação genética e da variação de ambiente entre as progênes de feijão, as quais foram procedidas as observações para o caráter tempo de cocção. As análises foram realizadas com auxílio do software SAS (SAS OnDemand for Academics), com os procedimentos MIXED e IML, utilizados para estimação dos componentes de variância e obtenção das estimativas por quadrados mínimos, respectivamente.

### 3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os avanços da genética e dos métodos clássicos de melhoramento de plantas são resumidamente fundamentados no pressuposto que o fenótipo é o resultado da ação conjunta do genótipo e ambiente, expressos em termos de suas variâncias associadas aos efeitos destes fatores aleatórios para os caracteres quantitativos, em que a verificação da presença e magnitude destes componentes de variância se torna essencial (MATHER; JINKS, 1982). Com isso, o estudo analítico das propriedades de uma população possibilita o conhecimento da sua estrutura genética, em que utilizando-se principalmente estimativas dos componentes de variância, estas permitem a obtenção de parâmetros genéticos que se relacionam aos processos seletivos das melhores progênes, demonstrando fundamental importância na escolha das estratégias seletivas a serem aplicadas no melhoramento. A partir disso, sabe-se que o aspecto mais importante de um caráter quantitativo gira em torno de sua variação, admitindo-se que não é possível distinguir cada um dos genes que a segregação demonstra na forma de variação contínua.

Assim, as magnitudes das estimativas dos componentes de variância fenotípica entre progênes, variâncias genéticas entre progênes e variância de ambiente, conjuntamente a herdabilidade para o tempo de cocção nas progênes de feijão utilizadas neste estudo são apresentadas na Tabela 6. O componente de variância genética (56,04), teve a hipótese de nulidade ( $H_0: \hat{\sigma}_g^2 = 0$ ) recusada pelo teste Z ( $P < 0,05$ ). Este fato demonstra a existência de variância neste fator aleatório do modelo misto, considerando as diferentes progênes ( $H_1: \hat{\sigma}_g^2 \neq 0$ ), evidenciando a possibilidade de sucesso com a seleção de plantas para o caráter tempo de cocção. O componente de variância das gerações de autofecundação teve seu valor igual a zero ( $\hat{\sigma}_{ger}^2$ ), permitindo inferências referentes a comparação das variâncias entre essas diferentes gerações. Adicionalmente, se verificou uma variância de ambiente (203,90) superior a variância genética, as quais somadas compõe a variância fenotípica (259,94), indicando uma herdabilidade no sentido amplo de 0,21. O conhecimento sobre a magnitude desses componentes pode direcionar o trabalho do melhoramento, onde conjuntamente a informação da ação gênica predominante nas diferentes gerações, a intensidade e o momento adequado para a seleção de plantas podem ser definidos, conjuntamente a estimação dos ganhos genéticos esperados pelo melhoramento deste caráter.

Tabela 6 — Estimativas da variância fenotípica, variância entre gerações de autofecundação, variância genética e ambiente, conjuntamente a estimativa de herdabilidade ampla (%) para o caráter tempo de cocção em progênies de feijão

Parâmetro	Estimativa
Variância fenotípica ( $\hat{\sigma}_F^2$ )	259,94
Variância entre gerações ( $\hat{\sigma}_{ger}^2$ )	0
Variância genética ( $\hat{\sigma}_g^2$ )	56,04*
Variância de ambiente ( $\hat{\sigma}_e^2$ )	203,90
Herdabilidade ( $\hat{h}^2$ )	0,21

\*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste Z, com  $H_0: \hat{\sigma}_g^2 = 0$

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

A decomposição da variação fenotípica observada nos resultados (Tabela 6), representa uma relevante etapa em um programa de melhoramento. Isso, porque o conhecimento da magnitude da variância genética presente em determinado caráter é primordial para a obtenção da proporção herdável da variação fenotípica, ou seja, a proporção da variância total que é atribuída aos efeitos gênicos dos indivíduos, também denominada de herdabilidade (FALCONER; MACKAY, 1996). Considerando essas estimativas, inúmeros trabalhos avaliaram a existência e magnitude da variação genética para o tempo de cocção na cultura do feijão. Na grande maioria destes se observa a presença de ampla variabilidade genética para esse caráter. Um estudo demonstrou acentuada variação fenotípica entre 14 genótipos avaliados em 15 ambientes quanto ao tempo de cocção, com a variação fenotípica tendo uma considerável fração atribuída aos genótipos (CICHY *et al.*, 2019). Outro trabalho para este caráter, descreveu e estudou a variabilidade genética de uma coleção de 295 genótipos de feijão, oriundos dos germoplasmas das Américas, Europa e África (SADOHARA *et al.*, 2022). Estes autores indicaram a presença de variação entre os genótipos avaliados, com amplitudes para os valores de tempo de cocção de 17 a 120 minutos.

Os valores de herdabilidade para o caráter tempo de cocção verificados nos trabalhos citados anteriormente foram superiores a 0,5, refletindo a possibilidade de sucesso com o melhoramento de plantas. Confrontando estes valores com as estimativas obtidas para as populações consideradas neste estudo, não se verifica uma consonância quanto as suas magnitudes. Um fato relevante ao considerar a distinção destes valores é relacionado principalmente a constituição genética dos genótipos, visto que nos trabalhos citados anteriormente os autores utilizaram basicamente linhagens em homozigose. Os poucos trabalhos disponíveis na literatura que consideram a utilização de populações segregantes também reportaram menores valores de herdabilidade (BALDONI; DOS SANTOS, 2005; CARVALHO *et al.*, 2017). Aliado a este fato, o conhecimento acumulado da genética nos remete a um aspecto principal para esta situação, relacionado principalmente a constituição genotípica das populações, de modo que os parâmetros genéticos estimados em uma determinada população, possibilitam a realização de inferências apenas para estes indivíduos (MATHER; JINKS, 1982).

Conjuntamente a impossibilidade de comparação entre estas estimativas, esses valores refletem a dificuldade relacionada com a necessidade da substituição de um grande número de alelos nos diferentes locos, para determinar um progresso expressivo neste caráter. Isso, devido a uma baixa contribuição de cada um destes alelos na variância genética e acentuado efeito de ambiente. Com isso, se faz necessário um direcionamento adicional para o conhecimento da herdabilidade no sentido restrito, contemplando apenas o componente herdável da variação genética em plantas de reprodução sexual. Este componente é composto pela variação aditiva, presente na variação genética. Essa fração da variação originada dos valores genotípicos é fixada nos genótipos das progênes com os avanços das autofecundações em espécies autógamias, sendo fundamental no momento de seleção de plantas (RAMALHO; VENCOVSKY, 1978).

A variação genética nas gerações segregantes advindas do cruzamento de duas linhagens, segue um modelo com o decorrer das gerações de autofecundação, sendo que os aspectos que diferem os métodos de melhoramento clássico são o modo como essas gerações são conduzidas até atingir a homozigose. Neste sentido, a distribuição da variância genética entre progênes do cruzamento de duas linhagens nos componentes aditivo e dominante, resulta da redistribuição das formas alélicas heterozigotas e homozigotas com o avanço da endogamia. Considerando que esta decomposição foi

realizada para a geração F<sub>2</sub>, os componentes da variância genética esperados nesta geração são de  $\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2$ , decorrente da metade dos locos divergentes para as duas linhagens genitoras estarem na forma homozigota e metade dos locos se encontrarem na forma heterozigota, chegando a  $2\hat{\sigma}_A^2$  quando os locos estiverem em homozigose, decorrente do avanço da endogamia na geração F<sub>∞</sub> (COCKERHAM, 1963).

Com isso, se a proporção da variação genética pela variação fenotípica for suficientemente alta, com predominância do componente aditivo, são preferíveis métodos de melhoramento que constam avaliação das progênes em gerações iniciais (precoce), visando a possibilidade de seleção e o descarte de genótipos indesejáveis para o tempo de cocção, decorrente da fixação do valor genotípico na progênie. Por outro lado, na presença do componente de dominância com magnitude relevante na variância genética total, a avaliação e seleção das progênes deve ser preferida em gerações avançadas, com maiores níveis de homozigose. Isso, devido principalmente à ausência de fixação dos valores genotípicos das progênes em gerações iniciais, decorrente da presença de dominância advinda da heterozigose dos diferentes locos. Assim, a fixação do valor genotípico somente irá ocorrer a partir da diminuição das formas alélicas heterozigotas em detrimento do aumento dos locos em homozigose, resultando na redução da variação de dominância (MATHER; JINKS, 1982).

Neste sentido, com base nos componentes da variância genética, informações importantes podem ser obtidas subsidiando o processo de seleção de plantas no caráter tempo de cocção em feijão. Considerando as gerações de autofecundação com diferentes níveis de homozigose, foi realizado a estimativa para os parâmetros da variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ) e dominante ( $\sigma_D^2$ ) com base no modelo hierárquico. Este modelo contemplou todas as gerações do estudo (F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub>, F<sub>9:10</sub>), obtendo as seguintes estimativas para os parâmetros genéticos:  $\sigma_g^2 = f(27,50a, 101,35d)$  com  $R^2 = 0,98$ . A partir do modelo ajustado, verifica-se que a estimativa do componente da variância genética de dominância foi superior ao componente aditivo. As estimativas da variância genética aditiva e variância genética de dominância entre as progênes, conjuntamente a herdabilidade no sentido restrito inerentes as gerações de autofecundação, são apresentadas na Tabela 7. Na geração F<sub>2:3</sub> se verifica uma estimativa de 27,50 para o componente aditivo da variação genotípica, a magnitude desta estimativa refletiu uma herdabilidade no sentido restrito de 0,10. Este valor corresponde aproximadamente à 50% da variância genética total entre

progênies. A magnitude observada desta estimativa na geração F<sub>3:4</sub> foi de 41,25, resultando em uma herdabilidade restrita de 0,15 (Tabela 7). Com o avanço das gerações de autofecundação até F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>, a variância aditiva demonstrou herdabilidades no sentido restrito próximas a 0,20 nas progênies, visto que em termos práticos a totalidade dos locos estão em homozigose como resultado do avanço da endogamia.

Tabela 7 — Estimativas da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância genética de dominância ( $\hat{\sigma}_D^2$ ) e herdabilidade no sentido restrito ( $\hat{h}_r^2$ ), referente ao caráter tempo de cocção em progênies obtidas nas gerações de autofecundação F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>

Geração	Variância aditiva ( $\sigma_A^2$ )		Variância de dominância ( $\sigma_D^2$ )		$\hat{h}_r^2$ (%)
	Estimada	Esperada	Estimada	Esperada	
F <sub>2:3</sub>	27,50	28,02	25,33	7,00	0,10
F <sub>3:4</sub>	41,25	42,03	19,03	5,25	0,15
F <sub>8:9</sub>	54,45	55,60	0,43	0,21	0,20
F <sub>9:10</sub>	54,72	55,82	0,39	0,11	0,21
$\chi^2$	0,224 <sup>1/</sup>		85,09 <sup>2/</sup>		

<sup>1/</sup>Não significativo e <sup>2/</sup>significativo pelo teste qui-quadrado a 5% de probabilidade  
Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

O componente aditivo da variação genética ( $\sigma_A^2$ ), não demonstrou distinção entre os valores estimados e esperados com o modelo genético de Cockerham (1963), revelando uma consonância pelo teste qui-quadrado com nível de significância de 5%. Por outro lado, a magnitude da estimativa inerente ao componente de dominância observada na geração F<sub>2:3</sub> foi de aproximadamente 25,33, sendo superior a variação esperada pelo coeficiente  $1/4\hat{\sigma}_D^2$ , o qual representa um valor esperado de 7,00 (Tabela 7). Estes valores na geração F<sub>3:4</sub> foram de 19,03 para a estimativa do componente de variância de dominância, sendo o valor esperado de 5,25. Ademais, nas gerações de autofecundação F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>, a estimativa deste componente foi próxima ao valor esperado. Assim, as distorções verificadas entre os valores esperados e observados nas gerações F<sub>2:3</sub> e F<sub>3:4</sub> resultaram em um valor acentuado de qui-quadrado (85,09), onde a hipótese alternativa

para o teste é aceita, refletindo deste modo uma inadequação dos valores estimados com os esperados. Isso indica que o componente de dominância estimado captou uma fração da variação genética superior ao que se espera utilizando o modelo genético de Cockerham, revelando implicações negativas ao considerar a realização da seleção de plantas em gerações iniciais, visando obter de genótipos com menor tempo de cocção. A partir dos componentes de variância genética presentes nas diferentes gerações de autofecundação, informações importantes podem ser obtidas para subsidiar o processo de seleção de plantas no caráter tempo de cocção considerado. As estimativas da herdabilidade no sentido restrito, conjuntamente a magnitude superior das estimativas dos componentes de variância de dominância nas gerações iniciais, demonstram uma concordância precisa na redistribuição do componente de variância genética nas diferentes gerações de autofecundação.

Os trabalhos relacionados a genética quantitativa para o caráter tempo de cocção são escassos na literatura. Um dos trabalhos pioneiros foi um estudo com 16 genótipos, empregando o delineamento Carolina do Norte II, sendo que os autores encontraram efeitos aditivos predominando no controle genético tempo de cocção (ELIA *et al.*, 1997). De acordo com estes autores, a variância aditiva apresentou uma magnitude de 76,5% da variância genética total, enquanto a variância de dominância foi de 23,5% no primeiro ambiente. Para o segundo a variância genética aditiva foi de 96,9% e a de dominância de 3,1%, por fim, no terceiro ambiente a variância aditiva foi de 87,1% e a fração de dominância foi de 13% da variância genética total. Outro estudo considerando a genética deste caráter, avaliou 104 genótipos com origem de um cruzamento entre linhagens contrastantes para o tempo de cocção, avançados até as gerações F<sub>6</sub>, F<sub>7</sub> e F<sub>8</sub>, os quais apresentaram um indicativo da presença de dominância (HERNANDEZ *et al.*, 2003). Também se verificou a presença de dominância, considerando o modelo genético de médias em populações segregantes, conjuntamente ao efeito materno para este caráter na cultura do feijão, no qual o efeito da dominância observada foi no sentido de incrementar o tempo de cocção (RIBEIRO *et al.*, 2006).

Com os resultados obtidos neste trabalho para o caráter tempo de cocção na cultura do feijão, conjuntamente aos estudos disponíveis na literatura, a expressividade do componente de dominância nestas populações estudadas se torna evidente. Considerando a magnitude deste componente da variação genética, uma série de problemas na seleção

de plantas é verificada. Este fato é inerente ao processo de desenvolvimento de cultivares de feijão ser realizado visando a obtenção de linhagens, ou seja, os genótipos segregantes apresentam o avanço em gerações de autofecundação, de modo que praticamente todos os locos são considerados em homozigose, embora essa nunca seja atingida teoricamente. Com isso, nas cultivares de feijão a variância genética apresenta origem apenas da ação gênica do tipo aditiva, enquanto não há métodos disponíveis que possibilite a obtenção de híbridos comerciais nesta cultura.

Na presença de dominância os fenótipos observados para os diferentes caracteres considerados em gerações iniciais de segregação, podem ser atribuídos a indivíduos geneticamente distintos, decorrente do elevado nível de heterozigose nas progênies, apresentando um potencial de ofuscar os ganhos esperados com a seleção nas gerações  $F_{2:3}$  e  $F_{3:4}$ . Assim, mudanças nos valores fenotípicos das progênies selecionadas podem ser observadas de maneira frequente, inerente basicamente aos diferentes valores gaméticos dos indivíduos, que são redistribuídos pelo processo de recombinação na meiose (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Esse processo é realizado de maneira sucessiva a cada autofecundação das progênies, impossibilitando a realização da seleção nas gerações iniciais de autofecundação, objetivando o desenvolvimento de cultivares com reduzido tempo de cocção.

A possibilidade da seleção em gerações iniciais, permitiria um eventual aumento da porcentagem de genótipos com menor tempo de cocção. Além disso, haveria perspectiva de descarte dos genótipos com elevado tempo de cozimento nestas gerações, com base nos valores genotípicos das progênies (BOS; CALIGARI, 1995). Assim, a comparação de diferentes estratégias de melhoramento apresenta relevância, visando um direcionamento adequado do início da avaliação e seleção das progênies, almejando ganhos genéticos expressivos, visto que o caráter tempo de cocção apresentou progresso genético nulo nas linhagens de feijão obtidas para cultivo no sul do Brasil durante o período de 2010 até o ano de 2022 (RIBEIRO *et al.*, 2023). Um fato inicial ao realizar qualquer comparação entre estratégias de seleção de plantas está relacionado se a população foi subdividida em progênies ou se as informações são inerentes ao comportamento das progênies ainda em plantas individuais. Neste sentido, o método utilizado na condução das populações segregantes reflete diretamente na expectativa dos resultados possíveis com o melhoramento de plantas autógamas (ALLARD, 1971).

A diferença básica entre os métodos aplicados na condução das populações segregantes refere-se justamente ao momento em que se inicia a avaliação das progênies e por consequência a seleção artificial de plantas. Inicialmente foram criados os métodos genealógico e da população (“bulk”). O método genealógico se fundamenta no comportamento das progênies desde as gerações iniciais, enquanto o método “bulk” se caracteriza pelo avanço em gerações de autofecundação, para posteriormente realizar o julgamento do mérito das progênies. Fundamentado nestes dois principais aspectos, o melhorista necessita definir se aguarda em número de autofecundações para realizar a seleção, visando um incremento na homozigose e na variância aditiva, ou se começa a subdivisão das progênies derivadas de plantas individuais em gerações com maiores níveis de heterozigose. Considerando a subdivisão da população em progênies derivadas de plantas individuais, a seleção pode ser realizada com base no comportamento médio destas progênies, podendo também ser praticada dentro das progênies a depender do nível de endogamia (RAMALHO; VENCOVSKY, 1978). Essas questões fundamentais para a eficiência da seleção, precisam ser definidas com base na variabilidade a ser explorada.

Assim, a comparação entre o método de condução de populações segregantes “bulk” com os demais métodos (genealógico, amostra dentro de progênies e descendente de uma única semente), considera a magnitude e composição da variância genética e a definição se a seleção será realizada entre e dentro das progênies, ou apenas entre as progênies. Considerando que a seleção será praticada entre progênies, os métodos da amostra dentro de populações e genealógico não demonstram vantagem em comparação ao método “bulk” e descendente de uma única semente para o tempo de cocção. Isso devido a variância aditiva permanecer inalterada entre as progênies com o avanço das autofecundações nestes métodos (genealógico e amostra dentro de progênies), sendo apenas reduzida a variância de dominância em função da diminuição da heterozigose (RAMALHO; VENCOVSKY, 1978). Além disso, o método “bulk” e descendente de uma única semente demonstram sucessivos incrementos na variância genética aditiva conforme os avanços da endogamia.

Considerando a condução em “bulk” realizada neste estudo, a composição da variância genética entre progênies fica dependente da última geração que a população foi conduzida de maneira aleatória, onde a subdivisão da população em progênies derivadas de plantas individuais ocorrerá definitivamente. Um fato relevante a este aspecto, diz

respeito ao número de progênies avaliadas nas gerações de autofecundação, onde possíveis problemas de amostragem podem ter ocorrido devido a utilização de apenas 16 progênies em cada geração de autofecundação. Contudo, salienta-se a dificuldade na realização da mensuração deste caráter (CARVALHO *et al.*, 2017), assim a quantidade de progênies utilizadas considerou um número exequível para o experimento a campo, e também para a mensuração da cocção conforme os recursos humanos disponíveis.

Adicionalmente, conforme a magnitude do componente de dominância observado nas progênies para o caráter tempo de cocção, conjuntamente ao fato do teste de cocção pelo cozedor Mattson ser de difícil realização, a seleção em gerações iniciais e dentro de progênies não se justifica. Em complemento, espera-se que os métodos “bulk” e descendente de uma única semente, com a subdivisão da população em progênies derivadas de plantas individuais realizada em gerações avançadas de autofecundação, demonstrem uma maior variância aditiva e por consequência possibilitem ganhos genéticos mais expressivos. Esta proposta se fundamenta decorrente da ação gênica de dominância incrementar o tempo de cocção (RIBEIRO *et al.*, 2006), conjuntamente aos avanços da endogamia com as autofecundações, fazerem com que o valor genotípico das progênies (efeito aditivo e de dominância dos genes), se assemelhem com os valores genéticos (efeito aditivo dos genes), conforme demonstrado para o método descendente de uma única semente (SNAPE; RIGGS, 1975). Além disso, se verifica uma facilidade na avaliação das progênies em gerações avançadas. Devido a seleção em gerações iniciais ( $F_2$  e  $F_3$ ), demandar uma quantidade considerável de tempo e trabalho.

Nesta perspectiva, o método de condução “bulk” aplicado neste estudo demonstra-se conveniente para o caráter tempo de cocção em feijão. Sendo recomendado aguardar o incremento da magnitude da variação genética aditiva e redução da dominância, com avanços no número de autofecundações, para então realizar a seleção de plantas. Este processo, pode refletir em melhores progressos com a seleção nas gerações com maiores níveis de homozigose, necessitando realizar o avanço das populações segregantes com um número considerável de plantas, minimizando os problemas de amostragem. Assim, de acordo com o observado neste trabalho, o sucesso do melhoramento para o caráter tempo de cocção, depende da quantidade de variância genética disponível e o quanto desta variação será fixada no valor genotípico das progênies, de modo a contribuir efetivamente com a redução do tempo de cozimento.

### 3.5 CONCLUSÃO

A estimativa do parâmetro inerente ao componente de dominância da variância genética demonstra magnitude superior ao componente aditivo no modelo ajustado, resultando em estimativas de variâncias de dominância superiores as esperadas para o caráter tempo de cocção em progênies de feijão. Assim, a ação gênica predominante para o caráter tempo de cocção nos genótipos de feijão foi a de dominância. As estimativas de herdabilidade restrita são maiores nas gerações avançadas de autofecundação, em comparação as estimativas nas gerações iniciais. Com isso, a seleção de plantas para o caráter tempo de cocção em feijão, pode demonstrar maior sucesso com o avanço da homozigose e posterior subdivisão das progênies derivadas de plantas individuais.

#### 4 CAPÍTULO III – EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO DE PLANTAS EM GERAÇÕES INICIAIS E AVANÇADAS DE AUTOFECUNDAÇÃO NO CARÁTER TEMPO DE COCÇÃO EM FEIJÃO

##### 4.1 RESUMO

O objetivo deste trabalho foi verificar a eficiência da seleção quanto a predição dos ganhos genéticos para o caráter tempo de cocção em genótipos de feijão com diferentes níveis de endogamia. Os genótipos utilizados foram originados do cruzamento entre os genitores BAF50 x BAF07. As progênes deste cruzamento foram conduzidas em “bulk” até as gerações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>7</sub> e F<sub>8</sub>. Posteriormente amostrou-se de 16 progênes inerente as gerações F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>. Estas foram conduzidas em experimento a campo conjuntamente aos genitores, com esquema hierárquico de gerações e progênes, utilizando três repetições, em delineamento de blocos ao acaso. A unidade experimental foi composta por uma linha de dois metros, com densidade de oito sementes por metro linear. Posteriormente a colheita, a variável resposta tempo de cocção foi mensurada com o cozedor de Mattson em minutos. Os componentes da variação fenotípica foram estimados de acordo com o modelo misto. Também foram estimados os efeitos aleatórios do modelo inerentes ao fator genótipo (efeitos genotípicos). A estimativa do componente de variação foi de 56,04, enquanto a variação de ambiente foi de 203,90, resultando em uma herdabilidade de 0,21. As gerações iniciais de autofecundação (F<sub>2:3</sub> e F<sub>3:4</sub>) demonstraram menores ganhos genéticos, não sendo recomendadas para a seleção de genótipos com reduzido tempo de cocção. Os maiores ganhos genéticos preditos foram obtidos nas gerações avançadas (F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>). Indicando que o aumento dos locos em homozigose com o avanço da endogamia ao longo das gerações de autofecundação, resultaram em uma melhora na seleção de plantas, visando a redução do tempo de cocção nessa população. Assim, o procedimento seletivo mais eficiente referente a redução do tempo de cocção, demanda o avanço em gerações de autofecundação, para posteriormente realizar a seleção de plantas.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L. BLUP. Efeito genotípico. Ganho genético.

## 4.2 INTRODUÇÃO

O feijão é um alimento básico nas dietas em muitas regiões, sendo considerada a leguminosa mais importante para o consumo humano (MYERS; KMIĘCIK, 2017). A qualidade culinária desse grão está diretamente relacionada ao seu tempo de cocção (COMINELLI *et al.*, 2019). O tempo de cocção ideal do feijão é aquele que resulta em grãos macios e cozidos uniformemente, sem se desfazerem excessivamente (MACHADO *et al.*, 2016). Essa característica dos grãos apresenta uma variação significativa entre genótipos (CICHY *et al.*, 2019), sendo influenciada por diferenças genotípicas inerentes a composição química e física dos grãos (BASSET *et al.*, 2021). Além disso, fatores inerentes ao ambiente, como o clima, condições de cultivo e colheita, também podem desempenhar um papel na expressão fenotípica do tempo de cocção.

O desenvolvimento de variedades com reduzido tempo de cocção, compreende um dos objetivos do melhoramento genético do feijão, devido essa característica representar uma das principais exigências do consumidor, que necessita ser atendida conjuntamente a outras, visando uma boa aceitação dos novos cultivares (ALMEIDA *et al.*, 2018). A redução do tempo de cocção não apenas melhora a qualidade culinária do feijão, tornando-o mais conveniente para o consumo, mas também apresenta implicações econômicas e de sustentabilidade, visto que um menor tempo de cocção pode economizar energia durante o processo de preparo (WAINAINA *et al.*, 2021). Com isso, estudos sobre a seleção de plantas para este caráter são relevantes no melhoramento genético desta cultura, envolvendo a identificação de indivíduos com valores genotípicos que contribuam na redução do tempo de cocção, visando aprimorar a qualidade culinária e atender às preferências dos consumidores.

O progresso genético obtido pela seleção em qualquer caráter e espécie é dependente inicialmente da existência de variabilidade genética. Com base na existência de variação genética e do conhecimento da relação desta com a variância não genética, a seleção assume um importante papel no melhoramento genético (ALLARD, 1971). A seleção objetiva o acúmulo de alelos favoráveis para o caráter de interesse nos indivíduos de uma determinada população (FALCONER; MACKAY, 1983). Este direcionamento ocorrerá em magnitude e sentido variado, a depender da estratégia e dos critérios de seleção adotados (BOS; CALIGARI, 2007). Ao revisar a literatura disponível, observa-

se uma lacuna em relação ao uso de genótipos segregantes nos estudos referentes ao tempo de cocção (CICHY *et al.*, 2019; KATUURAMU *et al.*, 2020; SADOHARA *et al.*, 2022). Grande parte dos trabalhos existentes concentram-se apenas em variedades comerciais ou linhagens avançadas, deixando de explorar a possibilidade de realizar a seleção de plantas em populações segregantes nesse caráter. A partir disso, uma das atribuições do melhorista é identificar estratégias de seleção, capazes de promoverem alterações nos valores genéticos dos indivíduos em programas de melhoramento.

Assim, o objetivo deste trabalho foi comparar a eficiência da seleção de plantas quanto a predição dos ganhos genéticos em gerações iniciais e avançadas de autofecundação, para o caráter tempo de cocção em feijão.

### 4.3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 4.3.1 Constituições genótípicas

Os genótipos utilizados no estudo foram originados a partir do cruzamento dirigido entre os genitores BAF50 x BAF07, oriundos do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade do Estado de Santa Catarina. A utilização destes genótipos na realização deste estudo se deu mediante a estudos prévios demonstrarem acentuada divergência genética nas progênes deste cruzamento para o caráter tempo de cocção (CARBONARI *et al.*, 2023). O genitor BAF50 apresenta grão do tipo carioca, hábito de crescimento tipo III com origem de coleta no município de Lebon Régis/SC. Enquanto o BAF07 demonstra grão do tipo preto, hábito de crescimento tipo III e origem do município de Lages/SC. A hibridação artificial foi realizada, com prévia emasculação do botão floral no ano de 2008. Além disso, o cruzamento foi realizado novamente nos anos de 2015 e 2016, em casa de vegetação. Os cruzamentos entre estes genitores deram origem as populações segregantes nas gerações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>4</sub>, F<sub>5</sub>, F<sub>6</sub>, F<sub>7</sub> e F<sub>8</sub>, avançadas pelo método de condução “bulk” em condições de campo, sem aplicação de seleção artificial nas diferentes gerações, sendo realizada apenas com objetivo de avançar as gerações de autofecundação das populações.

Uma amostra de sementes das populações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>7</sub> e F<sub>8</sub> (últimas gerações conduzidas em “bulk”) foram obtidas com amostrador tipo “divisor de solo” e semeadas em casa de vegetação no ano de 2022. Após a maturação fisiológica, as sementes foram

colhidas em plantas individuais, de modo que na geração seguinte as progênies pudessem ser avaliadas experimentalmente, totalizando 16 progênies amostradas em cada uma destas gerações. Foi utilizado este número de progênies em função do tempo gasto no processo de avaliação dos grãos para o caráter tempo de cocção com o cozedor Mattson (CARVALHO et al., 2017). Assim, ao todo foram considerados 66 genótipos neste trabalho, sendo incluídas progênies em gerações iniciais e avançadas de autofecundação: *i*) Genitores: BAF50 e BAF07; *ii*) 16 progênies oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07 na geração F<sub>2:3</sub>; *iii*) 16 progênies oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07 na geração F<sub>3:4</sub>; *iv*) 16 progênies oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07 na geração F<sub>7:8</sub>; e *v*) 16 progênies oriundas do cruzamento BAF50 x BAF07 na geração F<sub>8:9</sub>.

#### 4.3.2 Condução do experimento a campo

O experimento a campo foi desenvolvido na área experimental do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM), localizado no Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV), da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) em Lages, Santa Catarina, Brasil (APÊNDICE A). As coordenadas geográficas da área experimental são 27° 47'S de latitude, 50° 18'W de longitude, com 950m de altitude, classificado segundo Koppen como clima cfb temperado (mesotérmico úmido e verão ameno). O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, considerando o esquema hierárquico com gerações de autofecundação e progênies, onde ambos os fatores experimentais (*bloco + geração + geração(progênies)*) foram aleatórios (fatores amostrados). Com isso, 16 progênies amostradas nas gerações F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub> foram conduzidas conjuntamente aos genitores (66 tratamentos), totalizando 198 unidades experimentais, compostas por uma linha de 2 metros, com densidade de 8 sementes por metro linear, espaçadas por uma distância de 0,5 metros.

As práticas culturais durante o ciclo foram realizadas conforme as recomendações técnicas da cultura do feijão, enquanto a adubação de semeadura e cobertura tiveram como base a interpretação da análise de solo, seguindo o disposto pela Comissão de Química e Fertilidade do Solo, visando um rendimento de grãos de 4000 kg ha<sup>-1</sup> (CQFS-RS/SC, 2016). A adubação nitrogenada em cobertura foi parcelada nos estádios vegetativos de primeira (V3) e terceira (V4) folha trifoliolada aberta. Na maturidade

fisiológica as plantas das parcelas foram colhidas individualmente, com a trilha manual de cada parcela sendo realizada, com posterior secagem dos grãos em estufa com circulação de ar até aproximadamente 13% de umidade. Em sequência os grãos foram armazenados em sacos de papel pelo período de um mês em temperatura ambiente, até o momento de realização do teste de cocção. Estas sementes correspondem uma geração avançada de autofecundação em relação as gerações F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>, no entanto foi considerada a geração do tegumento, decorrente do efeito materno e ausência de xênia ser relatado para este caráter na literatura, sendo expresso uma geração atrasada em relação a geração da planta (embrião), ou seja as sementes colhidas das plantas de determinada geração de autofecundação, representam a própria geração da planta mãe para este caráter, pois o tegumento da semente se expressa anteriormente a fertilização (HERNANDEZ *et al.*, 2003; RIBEIRO *et al.*, 2006).

### **4.3.3 Avaliação do tempo de cocção**

O tempo de cocção foi determinado através da utilização do cozedor de Mattson (MATTSON, 1946), modificado por Proctor e Watts (1987). O cozedor é composto de 25 hastes verticais, cada uma com ponta de 2 mm de diâmetro e peso padrão de 90 g, as quais permanecem apoiadas nos grãos de feijão durante o cozimento sob água destilada fervente (APÊNDICE B). O tempo de cocção em minutos considerado foi quando 13 unidades de hastes perfuraram os grãos. Cada amostra das parcelas, composta por 16 g de grãos foram imersas em 100 mL de água destilada na proporção de 1:6,25 respectivamente, mantidas por 25°C por um período de hidratação de 12 h. Após o período de hidratação, 25 grãos de feijão foram colocados sob o suporte do cozedor de Mattson, com as hastes sendo posteriormente apoiadas sob os grãos. Em sequência, o cozedor foi acondicionado em panela de aço inoxidável com 3 L de água destilada fervente a 100°C constante, sendo iniciado neste momento a contagem do tempo de cocção, decorrendo-se até a perfuração do 13º grão de feijão da amostra, caracterizando 52% dos grãos cozidos (T50).

#### 4.3.4 Análise estatística

A partir da variável tempo de cocção foi procedida a análise estatística, com estimação dos componentes de variância genotípica e residuais (variâncias associadas aos efeitos aleatórios do modelo estatístico), considerando o modelo misto, denotado matricialmente por:  $Y = XB + ZU + \epsilon$ , onde:  $Y$  é o vetor das observações;  $X$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos (média);  $B$  é o vetor dos efeitos fixos;  $Z$  é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios (bloco + geração + geração(progênes));  $U$  é o vetor dos efeitos aleatórios;  $\epsilon$  compõe o vetor aleatório inerente ao erro experimental. As estimativas dos componentes de variância associados aos efeitos aleatórios foram fundamentadas no método da máxima verossimilhança restrita (REML), devido as suas propriedades consideradas superiores comparativamente as estimativas de quadrados mínimos e de máxima verossimilhança. Isto porque seus estimadores são obtidos maximizando a função de verossimilhança (a qual é dividida em duas partes independentes, referente aos efeitos fixos e aleatórios, sendo a função de verossimilhança inerente ao somatório de cada parte), onde as estimativas dos componentes de variâncias são restringidas à média zero (SEARLE; CASELLA; MCCULLOCH, 1992).

O coeficiente de herdabilidade foi obtido conforme:  $\hat{h}^2 = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2$ , sendo  $\hat{h}^2$  o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo,  $\hat{\sigma}_g^2$  o componente de variância genética,  $\hat{\sigma}_e^2$  a variância de ambiente entre parcelas, fundamentado com base na unidade em que será realizada a seleção de plantas. Neste estudo, foi considerada a seleção entre as progênes a partir da variação fenotípica ao nível de parcela, ou seja, o somatório da variação genética e da variação de ambiente entre as progênes de feijão. A predição a respeito dos efeitos aleatórios para este estudo foi realizada com a melhor predição linear não viesada (BLUP). Este procedimento tem fundamentação no conhecimento das estimativas dos componentes de variância, inerentes as causas de variação aleatórias do modelo misto (HENDERSON, 1986). A estimativa do valor genotípico por essa abordagem representa uma diferença entre a média da amostra e média populacional. Se a variância genotípica for consideravelmente menor do que a variância de ambiente, os valores preditos serão proporcionalmente menores em relação à média populacional esperada (zero). Por outro lado, considerando uma magnitude relevante do componente de variância inerentes as causas aleatórias (genótipos...), estes valores são incrementados.

Visando a comparação da seleção nas diferentes gerações de autofecundação em relação as progênies e aos genitores, foram estimados os ganhos percentuais com a seleção com base na expressão adaptada de Allard (1971):  $G_s (\%) = (\Delta g \times Mo^{-1}) \times 100$ , onde  $G_s$  representa o valor esperado do avanço genético devido a seleção (ganho predito com a seleção);  $\Delta g$  é o efeito genotípico médio das progênies selecionadas (25% das progênies com menor efeito genotípico, ou seja, as quatro melhores progênies para a redução do tempo de cocção nas gerações de autofecundações); e  $Mo$  é a média predita inerente as diferentes gerações de autofecundações (ganho em relação a seleção entre as progênies), e a média dos genitores (ganho obtido em relação aos genitores). As análises foram realizadas com auxílio do software SAS Studio (SAS OnDemand for Academics), com o procedimento MIXED para estimação dos componentes de variância e dos efeitos aleatórios fundamentados na melhor predição linear não viesada.

#### 4.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A seleção no contexto do melhoramento de plantas, desempenha um papel crucial no desenvolvimento de genótipos melhorados. O processo seletivo envolve a escolha dos indivíduos com as características desejáveis, visando concentrar alelos favoráveis que expressem os fenótipos de interesse. Esta etapa necessita de uma avaliação fenotípica cuidadosa, para então fazer uso de meios que permitam a identificação dos melhores valores genotípicos nestes indivíduos. Entretanto, como a segregação dos genes em estudo não pode ser estudada individualmente em caracteres quantitativos, a análise da variação genética fornece estimativas de parâmetros de fundamental importância para o direcionamento das técnicas aplicadas a seleção de plantas. Inicialmente, um aspecto necessário a ser considerado diz respeito a substituição gênica. Quando a substituição de um alelo por outro determina um drástico efeito sobre a variância fenotípica, o caráter é considerado qualitativo, quando estes efeitos de substituição são baixos, estamos diante de um caráter quantitativo. Considerando a situação de pequenos efeitos da substituição, a base genética que controla a manifestação do caráter deverá ser determinada por um grande número de genes, um segundo aspecto diz respeito a variação fenotípica ter uma grande fração inerente as causas de ambiente (CARVALHO, 1982).

Conseqüentemente, com base nisso sabe-se que o aspecto mais importante de um caráter quantitativo gira em torno de sua variação, visto não ser possível distinguir cada um dos genes que a segregação demonstra na forma de variação contínua. Assim, as magnitudes das estimativas dos componentes de variância fenotípica entre progênies, variâncias genéticas entre progênies e variância de ambiente, conjuntamente a herdabilidade para o tempo de cocção nas progênies de feijão utilizadas são demonstradas na Tabela 8. O componente de variância genética (56,04), teve a hipótese de nulidade ( $H_0: \hat{\sigma}_g^2 = 0$ ) recusada pelo teste Z ( $P < 0,05$ ), evidenciando a presença de variância genética na amostra da população, possibilitando o sucesso a partir da seleção de plantas no caráter tempo de cocção. Adicionalmente, se verificou uma variância de ambiente (203,90) superior a variância genética em aproximadamente três vezes, resultando em uma estimativa da herdabilidade no sentido amplo de 0,21. O valor dessa estimativa de herdabilidade é uma das principais propriedades de um caráter métrico, pois representa a proporção da variação total atribuída aos efeitos dos genes (FALCONER; MACKAY, 1983). A magnitude do valor de herdabilidade observado, demonstra grande influência dos efeitos do ambiente no valor fenotípico no tempo de cocção, para os genótipos de feijão nas diferentes gerações de autofecundação.

Tabela 8 — Estimativas dos parâmetros variância fenotípica ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) e variância de ambiente ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), conjuntamente a herdabilidade no sentido amplo ( $\hat{h}^2$ ), para o caráter tempo de cocção em genótipos de feijão

Parâmetro	Estimativa
$\hat{\sigma}_F^2$	259,94
$\hat{\sigma}_g^2$	56,04 <sup>1</sup>
$\hat{\sigma}_e^2$	203,90
$\hat{h}^2$	0,21

<sup>1</sup>Significativo a 5% de probabilidade pelo teste Z, com  $H_0: \hat{\sigma}_g^2 = 0$

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

Um valor de herdabilidade semelhante ao deste estudo foi verificado em um trabalho objetivando o desenvolvimento de uma nova metodologia para avaliar a capacidade de cozimento, com a aplicação da seleção recorrente em progênies

segregantes de feijão (CARVALHO *et al.*, 2017). Valores próximos também foram verificados em linhagens (CICHY *et al.*, 2019). A partir disso, a dificuldade mais evidente conforme essas estimativas de herdabilidades, está relacionada com a necessidade de substituir um grande número de alelos nos diferentes locos, visando determinar um progresso genético expressivo no caráter tempo de cocção para estes genótipos de feijão. Esse fato decorre de uma reduzida contribuição de cada alelo na expressão fenotípica, remetendo ao melhorista interessado em realizar o progresso genético deste caráter na cultura do feijão, uma dificuldade na escolha dos genótipos de interesse na população segregante a ser procedida a seleção de plantas.

De uma maneira geral, o melhoramento do feijão é realizado quase que em sua totalidade a partir da hibridação de genótipos que geralmente estão em homozigose, visando a obtenção de uma linhagem (também conceituada de linha pura). Este processo visando o desenvolvimento de linhas puras, engloba diferentes fases. Inicialmente a escolha dos genitores a ser realizada a hibridação, a aplicação de um método de condução das populações segregantes com posterior seleção, avaliação das linhagens em gerações avançadas de autofecundação e produção da semente comercial (ALLARD, 1971). Assim, considerando estas etapas do processo, o melhorista pode intervir em diferentes momentos visando aumentar a efetividade da seleção: *i*) a partir da escolha do método de condução da população segregante; *ii*) no momento de realizar a seleção, considerando a homozigose das progênies; *iii*) alterando a intensidade de seleção; e *iv*) com a técnica utilizada para caracterizar o mérito dos genótipos.

Objetivando uma eficiência na seleção o melhorista necessita realizar a mesma com base nos melhores valores genotípicos, e não com base no valor fenotípico. Neste sentido, a predição a respeito dos efeitos aleatórios demonstra grande relevância nesse estudo. As informações referentes a estes aspectos, compreendem a parte herdável do valor fenotípico dos indivíduos da população, sendo possível inferir quais genótipos apresentam maior potencial de transmitir as características desejáveis para a próxima geração. Além da identificação dos genótipos que possibilitam a redução do tempo de cocção (genótipos com efeito genotípico negativo), também se verifica os indivíduos que apresentam efeitos genotípicos que estão contribuindo para o aumento do período de cocção. Os resultados a respeito desse assunto, envolvem a discussão a respeito das estratégias de seleção no melhoramento genético, e tem sido amplamente debatida quanto

à escolha entre selecionar os melhores indivíduos nas populações segregantes, ou realizar a eliminação dos piores. Essa escolha necessita de considerações sobre diferentes aspectos inerentes a própria herdabilidade, aos ganhos genéticos, e a importância de diferentes abordagens visando aumentar a eficiência de seleção nos diferentes caracteres (FALCONER; MACKAY, 1983).

As estimativas dos valores genotípicos estão apresentadas na Tabela 9, considerando os efeitos aleatórios de 64 progênies, provenientes das gerações de autofecundação  $F_{2:3}$ ,  $F_{3:4}$ ,  $F_{8:9}$  e  $F_{9:10}$ , para o tempo de cocção em feijão. Esses valores demonstram uma dispersão dos efeitos aleatórios para todas as gerações em estudo. Considerando uma seleção de 25% dos indivíduos com menor valor genotípico nas diferentes gerações (quatro progênies), e conseqüentemente maior capacidade de redução do tempo de cocção, as progênies na geração  $F_{2:3}$  foram identificadas como sendo a  $F_{2:3-13}$ ,  $F_{2:3-12}$ ,  $F_{2:3-8}$  e  $F_{2:3-4}$ . Por vez, na geração  $F_{3:4}$  as progênies com menor efeito genotípico foram  $F_{3:4-14}$ ,  $F_{3:4-4}$ ,  $F_{3:4-3}$  e  $F_{3:4-7}$ . Nas gerações com maior nível de endogamia, as quatro progênies com menor efeito genotípico visando a redução do tempo de cocção em  $F_{8:9}$  foram identificadas como  $F_{8:9-9}$ ,  $F_{8:9-5}$ ,  $F_{8:9-10}$  e  $F_{8:9-1}$ . Enquanto na geração de autofecundação  $F_{9:10}$ , as progênies com determinadas características foram  $F_{9:10-4}$ ,  $F_{9:10-11}$ ,  $F_{9:10-3}$  e  $F_{9:10-14}$ . Os valores dos efeitos genotípicos das progênies demonstrados na Tabela 9, podem também ser visualizados graficamente (Figura 3), os grãos das progênies com menor efeito genotípicos estão demonstrados no Apêndice C.

Adicionalmente, no rodapé da Tabela 9 são verificados os valores dos efeitos genotípicos dos genitores BAF50 (-4,70) e BAF07 (-5,40). Estes valores são considerados semelhantes, com isso um questionamento a respeito dos efeitos genotípicos contrastantes para este caráter pode surgir, conforme visualizado nas progênies. No entanto, em decorrência dos genitores serem de grupos comerciais distintos, o cruzamento BAF50 (Carioca) com o BAF07 (Preto) levou ao aparecimento de diferentes constituições genotípicas, expressando distintas formas fenotípicas observadas nos tegumentos das sementes (APÊNDICE C). A partir disso, se faz necessário lembrar que sem a recombinação genética o conteúdo dos alelos particularmente em cada cromossomo estaria irreversivelmente fixado, podendo ser modificados apenas por mutação (KREBS; GOLDSTEIN; KILPATRICK, 2017). Com a recombinação, ao misturar os genes, novas combinações agindo como unidades individuais ou conjuntamente se expressão na forma

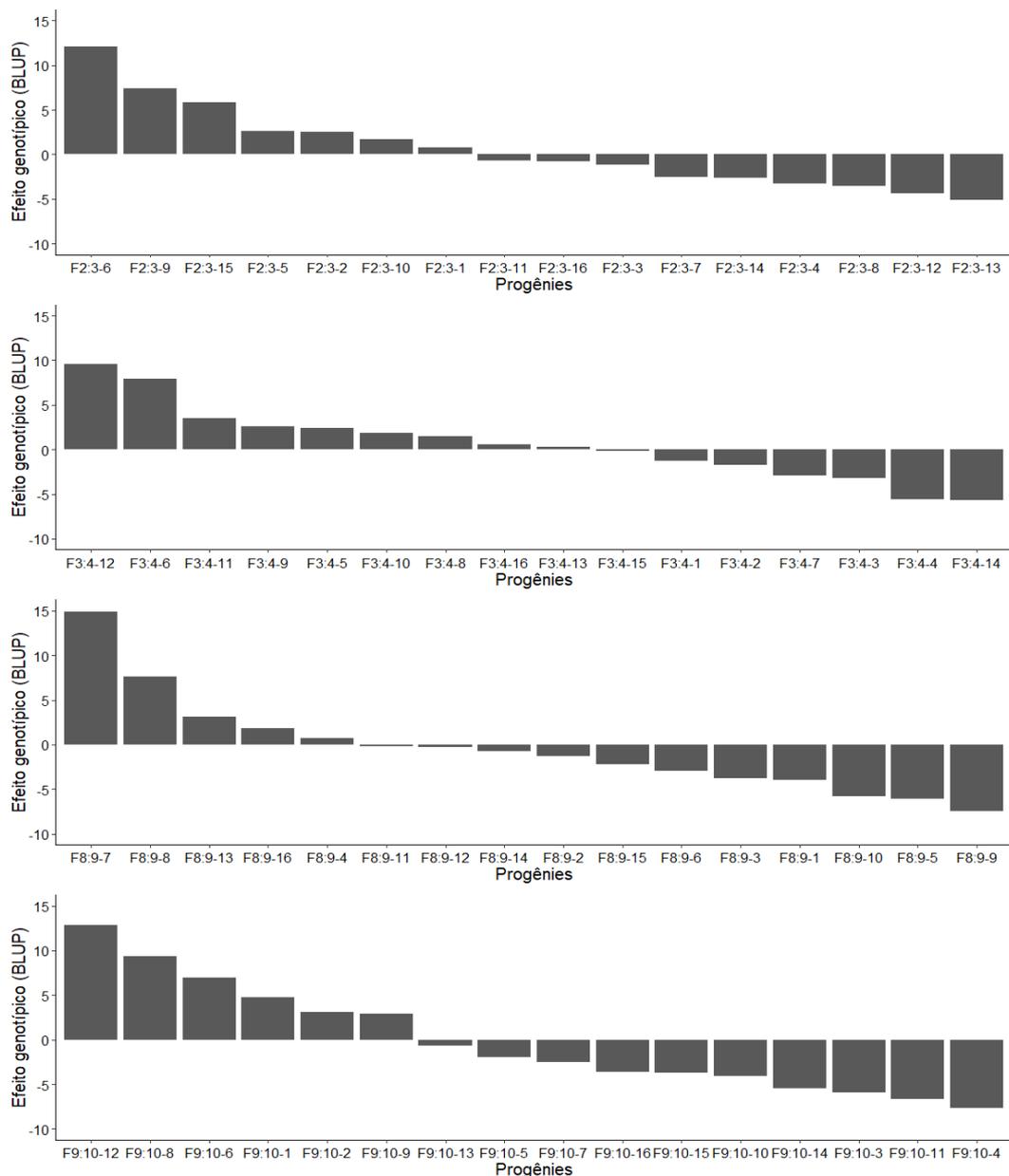
de variação genética, podendo ser favoráveis ou desfavoráveis ao valor fenotípico do tempo de cocção. Visto que este caráter depende de inúmeras outras características influenciadas por diferenças genóticas, inerentes a composição química e física dos grãos, entre elas, a hidratação, a espessura do tegumento dos grãos, as paredes celulares dos cotilédones, o teor e a disposição das fibras (BASSETT; HOOPER; CICHY, 2021).

Tabela 9 — Efeitos genóticos preditos (BLUP) ao nível individual de progênies de feijão e médias fenotípicas inerentes as gerações de autofecundação F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>, para o caráter tempo de cocção em minutos

Geração F <sub>2:3</sub>		Geração F <sub>3:4</sub>		Geração F <sub>8:9</sub>		Geração F <sub>9:10</sub>	
Progênie	BLUP	Progênie	BLUP	Progênie	BLUP	Progênie	BLUP
F2:3-1	0,74	F3:4-1	-1,30	F8:9-1	-3,98	F9:10-1	4,78
F2:3-2	2,48	F3:4-2	-1,76	F8:9-2	-1,33	F9:10-2	3,10
F2:3-3	-1,12	F3:4-3	-3,16	F8:9-3	-3,82	F9:10-3	-5,89
F2:3-4	-3,26	F3:4-4	-5,61	F8:9-4	0,75	F9:10-4	-7,67
F2:3-5	2,57	F3:4-5	2,45	F8:9-5	-6,06	F9:10-5	-1,95
F2:3-6	12,13	F3:4-6	7,88	F8:9-6	-2,95	F9:10-6	6,99
F2:3-7	-2,54	F3:4-7	-2,94	F8:9-7	14,86	F9:10-7	-2,52
F2:3-8	-3,52	F3:4-8	1,52	F8:9-8	7,58	F9:10-8	9,38
F2:3-9	7,43	F3:4-9	2,61	F8:9-9	-7,49	F9:10-9	2,89
F2:3-10	1,66	F3:4-10	1,84	F8:9-10	-5,80	F9:10-10	-4,07
F2:3-11	-0,73	F3:4-11	3,47	F8:9-11	-0,17	F9:10-11	-6,66
F2:3-12	-4,38	F3:4-12	9,61	F8:9-12	-0,29	F9:10-12	12,87
F2:3-13	-5,12	F3:4-13	0,28	F8:9-13	3,14	F9:10-13	-0,70
F2:3-14	-2,59	F3:4-14	-5,65	F8:9-14	-0,73	F9:10-14	-5,44
F2:3-15	5,81	F3:4-15	-0,21	F8:9-15	-2,25	F9:10-15	-3,72
F2:3-16	-0,76	F3:4-16	0,57	F8:9-16	1,84	F9:10-16	-3,58
Efeito genotípico do BAF50 (BLUP)					-4,70		
Efeito genotípico do BAF07 (BLUP)					-5,40		
Média geral					45,16		

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

Figura 3 — Efeitos genéticos (BLUP) inerentes as progênies de feijão em diferentes gerações de autofecundação (F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>) para o caráter tempo de cocção



Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

Embora o estudo contemplando genótipos segregantes possa demandar um maior esforço, em termos de avaliação individualizada, esses oferecem a oportunidade de visualizar os ganhos genéticos possíveis de serem obtidos nestas gerações. Considerando as diferentes gerações, a avaliação das progênies revela os indivíduos com potencial de contribuir para a redução do tempo de cocção, podendo resultar em linhagens de feijão

com essa característica culinária aprimorada. Portanto, este trabalho representa uma adição no conhecimento referente ao melhoramento genético do feijão, ao utilizar genótipos segregantes na realização da seleção no tempo de cocção, captando a segregação das características que definem a expressão fenotípica deste caráter. Além disso, esses resultados fornecem “insights” para o desenvolvimento de cultivares com reduzido tempo de cocção, apresentando os ganhos genéticos com base em diferentes níveis de endogamia, beneficiando tanto produtores quanto os consumidores.

A seleção de 25% das progênes inerentes as diferentes gerações resultaram nos ganhos de seleção visualizados na Tabela 10. Conforme observado, os menores valores genotípicos dessas progênes foram observados nas gerações avançadas de autofecundação ( $F_{8:9}$  e  $F_{9:10}$ ). Estes resultados obtidos para as diferentes gerações de autofecundação dos genótipos de feijão, em relação a capacidade do tempo de cocção revelaram distintos ganhos com a seleção. Sendo possível indicar uma redução média no tempo de cocção dos genótipos selecionados em relação à média das gerações, com base na média predita das progênes (Tabela 10). O ganho predito com a seleção entre progênes na geração  $F_{2:3}$  apresentou um valor de -9,01%, representando uma redução média de 4,07 minutos no tempo de cocção para os genótipos selecionados. Na geração  $F_{3:4}$ , o ganho com a seleção foi de -9,61%, indicando uma redução de 4,31 minutos no tempo de cocção, para as quatro progênes selecionadas em relação à média da geração.

Ao avançar para as gerações com maior nível de endogamia ( $F_{8:9}$  e  $F_{9:10}$ ), observou-se uma maior redução no tempo de cocção. A geração  $F_{8:9}$ , obteve um ganho predito com a seleção de -12,92%, representando uma diminuição média de 5,83 minutos nesta geração. Na geração de autofecundação  $F_{9:10}$ , o ganho com a seleção foi de -14,21%, indicando uma redução de 6,41 minutos no tempo de cocção para as progênes selecionados em relação à média das progênes dessa geração. O ganho predito com a seleção em relação aos genitores (BAF50 e BAF07), demonstra que as progênes com menores valores genotípicos para o tempo de cocção nas gerações iniciais ( $F_{2:3}$  e  $F_{3:4}$ ), apresentaram um incremento percentual do tempo de cocção, se comparado a média de seus genitores. Por vez, nas gerações avançadas de autofecundação foi possível verificar decréscimos no tempo de cocção em relação aos genitores (Tabela 10).

Tabela 10 — Valores genotípicos (g), média predita ( $\mu + g$ ) e ganho de seleção ( $G_s$ ) das quatro melhores progênies nas gerações de autofecundação (F<sub>2:3</sub>, F<sub>3:4</sub>, F<sub>8:9</sub> e F<sub>9:10</sub>), em relação as progênies e aos genitores (BAF50 e BAF07), no tempo de cocção em feijão

Geração	Genótipo	g	$\mu + g$	$G_s$ (%)	
				Entre progênies <sup>1</sup>	Genitores <sup>2</sup>
Genitores	BAF50	-4,70	40,46	-	-
	BAF07	-5,40	39,76	-	-
F <sub>2:3</sub>	F2:3-13	-5,12	40,04		
	F2:3-12	-4,38	40,78		
	F2:3-8	-3,52	41,64	-9,01	2,44
	F2:3-4	-3,26	41,90		
F <sub>3:4</sub>	F3:4-14	-5,65	39,51		
	F3:4-4	-5,61	39,55		
	F3:4-3	-3,16	42,00	-9,61	1,77
	F3:4-7	-2,94	42,22		
F <sub>8:9</sub>	F8:9-9	-7,49	37,67		
	F8:9-5	-6,06	39,10		
	F8:9-10	-5,80	39,36	-12,92	-1,95
	F8:9-1	-3,98	41,18		
F <sub>9:10</sub>	F9:10-4	-7,67	37,49		
	F9:10-11	-6,66	38,50		
	F9:10-3	-5,89	39,27	-14,21	-3,40
	F9:10-14	-5,44	39,72		

<sup>1</sup>Ganho percentual com a seleção em relação à média das gerações e à média dos <sup>2</sup>genitores

Fonte: Elaborada pelo autor (2023).

Os resultados revelam uma tendência clara de aumento do ganho com a seleção à medida que se avança as gerações de autofecundação. Esse padrão pode estar diretamente relacionado ao aumento dos locos em homozigose, obtido com a avanço da endogamia. Visto ser um processo comum quando se realiza o cruzamento de duas linhagens em plantas diploides, com o modo de reprodução por autofecundação, conforme evidenciado nas plantas de feijão (RAMALHO; VENCOVSKY, 1978). Com este aumento dos locos

em homozigose, decorrente do avanço da endogamia, ocorre conseqüentemente um incremento da variância genética aditiva, o que pode ser um fator chave para explicar esses maiores ganhos observados nas gerações  $F_{8:9}$  e  $F_{9:10}$ , comparativamente as gerações iniciais, onde se verifica uma maior heterozigose nos locos divergentes em que os genitores diferem para esse caráter. A presença dos locos em homozigose resulta na fixação dos alelos favoráveis ou desfavoráveis, para as diferentes características responsáveis de maneira direta ou indireta no tempo de cocção, podendo resultar em aumento nos valores genéticos dos indivíduos (FALCONER; MACKAY, 1983).

Além do incremento da variância aditiva, é importante considerar o papel da dominância no caráter tempo de cocção nesses genótipos de feijão, visto que essa ação gênica foi verificada em diferentes trabalhos na literatura (ELIA *et al.*, 1997; RIBEIRO; RAMALHO; ABREU, 2006). Assim os aumentos nos valores genotípicos observados podem estar relacionados a redução da variação de dominância no decorrer das gerações de autofecundação, decorrente do incremento dos locos em homozigose. Estes resultados ressaltam a importância do processo da seleção de plantas no melhoramento deste caráter na cultura do feijão, visando aumentar a concentração de alelos favoráveis para a redução do tempo de cocção, visto que poucos estudos objetivaram a seleção em caracteres relacionados a capacidade de cozimento de grãos de feijão, considerando progênies derivadas de cruzamentos. Os autores Baldoni e Santos (2005) observaram diferenças significativas entre as famílias, com possibilidades de selecionar quatro linhagens com tempo de cocção reduzido, conjuntamente a outros caracteres, sugerindo que a seleção para o tempo de cocção foi efetiva. Outros autores conduziram um estudo no qual investigaram a seleção recorrente realizada de maneira indireta para a capacidade de cozimento, no qual os ganhos obtidos com a seleção foram inferiores aos observados neste estudo (CARVALHO *et al.*, 2017).

As discrepâncias nesses resultados podem ser atribuídas a inúmeros fatores, incluindo as diferenças genéticas presentes nas populações estudadas, conjuntamente as metodologias de avaliação utilizadas para a avaliação deste caráter. Além disso, diferentes causas de variação inerentes ao ambiente podem ter influenciado o tempo de cocção, afetando por conseqüência os resultados da seleção. Neste sentido, é importante ressaltar que a seleção para um determinado caráter nem sempre apresenta resultados lineares e previsíveis. Podendo haver interações complexas entre os genótipos e ambiente,

os quais podem dificultar a reprodutibilidade dos resultados e a obtenção dos ganhos genéticos desejáveis (CICHY *et al.*, 2019; KATUURAMU *et al.*, 2020).

Com isso, a identificação de estratégias de seleção, capazes de promover alterações no sentido desejado para o caráter tempo de cocção demonstra fundamental importância, considerando os programas de melhoramento de feijão. Os ganhos genéticos inferiores observados nas gerações de elevadas heterozigose, demonstram que a seleção de plantas objetivando genótipos de feijão com maior capacidade de cocção, não é recomendada em gerações iniciais. Neste sentido, para este caráter os métodos de condução das populações segregantes que permitem a seleção de plantas em gerações iniciais de autofecundação não demonstram vantagem, comparativamente aos métodos que prezam pelo avanço da endogamia inicialmente, para então realizar a subdivisão da população em progênies derivadas de plantas individuais (BOS; CALIGARI, 1995). Assim, o método de condução em “bulk” utilizado no estudo apresenta uma maior efetividade nestas circunstâncias. Alternativamente, uma possibilidade também é a utilização do método descendente de uma única semente (SSD), visto que ambos preconizam o incremento nos níveis de endogamia para posteriormente realizar a seleção de plantas e o teste de progênies.

Ainda a respeito da presença de dominância no sentido de aumentar o tempo de cocção neste caráter (RIBEIRO; RAMALHO; ABREU, 2006). Os métodos de condução das populações segregantes “bulk” e SSD contribuem para a redução da capacidade de cocção dos genótipos, devido a redução da média genotípica relatada em função do aumento dos locos em homozigose, nos caracteres que demonstram a presença dominância incrementando os valores genotípicos das progênies (SNAPE; RIGGS, 1975). Neste sentido, métodos que prezam pela avaliação precoce não são recomendados na condução das populações segregantes objetivando a seleção para o tempo de cocção. Além disso, conforme evidenciado e relatado por alguns autores, um considerável tempo é gasto no processo de avaliação da cocção pelo método cozedor de Mattson (CARVALHO *et al.*, 2017). Tornando assim, os métodos de condução das populações segregantes que consideram o mérito dos genótipos a partir das gerações iniciais de autofecundação, onerosos e impraticáveis visando a avaliação de um grande número de progênies em gerações iniciais de autofecundação, situação que ocorre de maneira frequente nos programas de melhoramento de feijão.

Conforme observado, no melhoramento de plantas autógamas é difícil chegar a uma decisão em relação a melhor geração para iniciar a seleção em um caráter que demonstra variação contínua com poucas informações na literatura. Com isso, o avanço das pesquisas com diferentes estratégias de seleção é essencial, objetivando melhoras no tempo de cocção em feijão. Adicionalmente, verificou-se com os resultados que as gerações iniciais (como a  $F_{2:3}$  e a  $F_{3:4}$ ) podem desempenhar um papel apenas no descarte de genótipos com elevado tempo de cocção. Este estudo também sugere que a seleção de genótipos superiores geneticamente para o caráter tempo de cocção demonstra maior eficiência em gerações avançadas de autofecundação, permitindo a expressão do potencial genético dos genótipos, proporcionando a seleção dos indivíduos com efeitos genotípicos desejáveis. Considerando essas informações, deve ser preferido o avanço dos indivíduos em gerações de autofecundações, para então realizar a seleção, possibilitando a obtenção de progressos genéticos com maior expressividade no tempo de cocção.

#### 4.5 CONCLUSÃO

As gerações iniciais de autofecundação ( $F_{2:3}$  e  $F_{3:4}$ ), são úteis apenas para eliminar genótipos com alto tempo de cocção, não sendo recomendada a seleção de genótipos com maior capacidade de cocção. Maiores ganhos genéticos são obtidos nas gerações avançadas ( $F_{8:9}$  e  $F_{9:10}$ ), indicando que o aumento dos locos em homozigose com o avanço da endogamia ao longo das gerações de autofecundação, resultam em uma melhora na seleção de plantas visando a redução do tempo de cocção. Adicionalmente, os métodos de condução de populações segregantes que realizam o avanço em gerações de autofecundação e posteriormente a realização da seleção de plantas, podem apresentar vantagens no melhoramento do caráter tempo de cocção em feijão.



## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O cruzamento entre os genitores BAF50 e BAF07 demonstrou dissimilaridade nas progênies de feijão para caracteres do tempo de cocção. O ajuste do modelo genético nas progênies desse cruzamento, revelou um componente de dominância da variância genética com magnitude superior ao componente aditivo. As estimativas de variâncias de dominância foram superiores as esperadas para o tempo de cocção nas progênies de feijão em gerações iniciais, e conseqüentemente verificou-se estimativas de herdabilidades restritas superiores nas gerações avançadas de autofecundação. Com isso, maiores ganhos genéticos predito ocorreram nas gerações avançadas, indicando que o incremento da homozigose com o avanço da endogamia, melhora a eficiência da seleção de plantas para a capacidade de cocção. Assim, os métodos de condução de populações segregantes que preconizam o avanço das progênies em gerações de autofecundação e posteriormente realizam a seleção de plantas, possibilitam progressos genéticos mais expressivos no caráter tempo de cocção em feijão.



## REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blucher, 1971. 381p.
- ALMEIDA, G. G. *et al.* Genomic selection for grain quality traits in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1-10, 2018.
- ARNS, F. D. *et al.* Combined selection in carioca beans for grain size, slow darkening and fast-cooking after storage times. **Euphytica**, v.214, art.66, 2018.
- ARRUDA, B.; GUIDOLIN, A. F. ; COIMBRA, J. L. M. Environment is crucial to the cooking time of beans. **Ciência e Tecnologia de Alimentos (Online)**, v. 32, p. 573-578, 2012.
- BALDONI, A. B.; DOS SANTOS, J. B. Capacidade de cozimento de grãos de famílias de feijão do cruzamento ESAL 693 x Rosinha. **Acta Scientiarum. Biological Sciences**, v. 27, n. 2, p. 233-236, 2005.
- BASSETT, A.; HOOPER, S.; CICHY, K. Genetic variability of cooking time in dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) related to seed coat thickness and the cotyledon cell wall. **Food Research International**, v. 141, p. 109886, 2021.
- BORDIN, L. C. *et al.* Diversidade genética para a padronização do tempo e percentual de hidratação preliminar ao teste de cocção de grãos de feijão. **Food Science and Technology**, v. 30, p. 890-896, 2010.
- BOS, I.; CALIGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. Springer Science & Business Media, 2007.
- BRASIL - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. INSTRUÇÃO NORMATIVA Nº 25, DE 23 DE MAIO DE 2006.
- CARBONARI, L. T. S. *et al.* Análise multivariada aplicada na discriminação de genótipos em caracteres do tempo de cozimento em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 22, n.3, 2023. *(Aceito para publicação)*
- CARBONEL, S. A. M.; CARVALHO, C. R. L.; PEREIRA, V. R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantia**. v.62, n.3, p.369-379, 2003.
- CAROVIC-STANKO, K. *et al.* Genetic diversity of Croatian common bean landraces. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 604, 2017.
- CARVALHO, B. L. *et al.* New strategy for evaluating grain cooking quality of progenies in dry bean breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, p. 115-123, 2017.
- CARVALHO, F. I. F. de. Genética quantitativa. In: OSÓRIO, E. A. **Trigo no Brasil**. Campinas: FUNDAÇÃO CARGILL, 1982. p. 63-94.
- CHIORATO, A. F. *et al.* Genetic gain in the breeding program of common beans at IAC from 1989 to 2007. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 329-336, 2010.
- CICHY, K. A. *et al.* The role of genotype and production environment in determining the cooking time of dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Legume Science**, v. 1, n. 1, p. e13, 2019.
- COCKERHAM, C. C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. **Statistical genetics and plant breeding**. Symposium on Statistical Genetics and Plant Breeding. National Academy of Sciences-National Research Council., v. 982, p. 53-94, 1963.
- COIMBRA, J. L. M. *et al.* Técnicas multivariadas aplicadas ao estudo da fauna do solo: contrastes multivariados e análise canônica discriminante. **Revista Ceres**, v. 54, n. 313, p. 271-277, 2007.
- COMINELLI, E. *et al.* Genetic approaches to improve common bean nutritional quality: Current knowledge and future perspectives. **Quality Breeding in Field Crops**, p. 109-138, 2019.

COMISSÃO DE QUÍMICA E FERTILIDADE DO SOLO-CQFS-RS/SC. Manual de calagem e adubação para os Estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina. **Sociedade Brasileira de Ciência do Solo-Núcleo Regional Sul**, 376 p., 2016.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**, Brasília, DF, v. 9, safra 2021/22, n. 12 décimo segundo levantamento, setembro 2022.

CRUZ, C. D.; FERREIR, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: Ed. da UFV, 2020. 614p.

DELLAGOSTIN, M. *et al.* Dissimilaridade genética em população segregante de soja com variabilidade para caracteres morfológicos de semente. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, p. 689-698, 2011.

ELIA, F.M. *et al.* Genetic analysis and interrelationships between traits for cooking time, water absorption, and protein and tannin content of Andean dry beans. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.122, n.4, p.512-518, 1997.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 1996. Harlow, Essex, UK: Longmans Green, v. 3, 1996.

HENDERSON, C. R. Recent developments in variance and covariance estimations. **Journal of Animal Science**, v. 63, n. 1, p. 208-216, 1986.

HERNANDEZ, C. J. *et al.* Genetic analysis and random amplified polymorphic DNA markers associated with cooking time in common bean. **Crop science**, v. 43, n. 1, p. 329-332, 2003.

KATUURAMU, D. N. *et al.* On-farm multi-location evaluation of genotype by environment interactions for seed yield and cooking time in common bean. **Scientific reports**, v. 10, n. 1, p. 1-12, 2020.

KOPPEN, W.; GEIGER, R. **Handbuch der klimatologie**. Berlin: Gebrüder Borntraeger, 1930.

KREBS, J. E.; GOLDSTEIN, E. S.; KILPATRICK, S. T. **Lewin's genes XII**. Jones & Bartlett Learning, 2017. 838p.

LOS, F. G. B. *et al.* Beans (*Phaseolus vulgaris* L.): whole seeds with complex chemical composition. **Current Opinion in Food Science**, v. 19, p. 63-71, 2018.

MACHADO, R. M.; MONTENEGRO, F. M.; ARÊAS, J. A. G. Cooking time and sensory properties of common beans (*Phaseolus vulgaris*) as affected by soaking and hydrothermal processing. **Food Science and Technology**, v. 36, n. 4, p. 633-638, 2016.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**. 3 ed. Chapman and Hall, 1982. 396p.

MATTSON, S. The cookability of yellow peas. A colloid-chemical and biochemical study. **Acta Agriculturae Scandinavica**, v.2, n.1, p.185-231, 1946.

MELO, R. C. D. *et al.* Pressuposições do modelo estatístico atendidas por modelos lineares: clássicos e generalizados mistos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 51, n. 1, 2020.

MORRISON D.E. **Multivariate statistical methods**. New York, McGraw-Hill. 1976. 338p.

MYERS, J. R.; KMIECIK, K. Common bean: Economic importance and relevance to biological science research. **The common bean genome**, p. 1-20, 2017.

PEREIRA, H.S. *et al.* Culinary and nutritional quality of common bean lines with Carioca grain type and interaction with environments. **Revista Ceres**, v.64, p.159-166, 2017.

PROCTOR, J.R.; WATTS, B.M. Development of a modified Mattson bean cooker procedure based on sensory panel cookability evaluation. **Canadian Institute of Food Science and Technology Journal**, v.20, n.1, p.9-14, 1987.

R CORE TEAM 2023. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. Disponível em: <https://www.R-project.org/>

- RAMALHO, M. A. P.; VENCOVSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. **Ciência e prática**, v. 2, n. 2, p. 117-140, 1978.
- RENCHER A.C. **Methods of multivariate Analysis**. 2.ed. New York, A Wiley-Interscience publication. 2002. 740p.
- RIBEIRO, N. D. *et al.* Padronização de metodologia para avaliação do tempo de cozimento dos grãos de feijão. **Bragantia**, v. 66, p. 335-346, 2007.
- RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M. Environmental variability in simultaneous selection of common bean for grain quality and mineral concentration traits. **Scientia Agricola**, v. 80, 2022.
- RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M.; ARGENTA, H. D. S. Genetic gain for technological traits in new cultivars developed by the Southern Brazilian common-bean network. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 47, p. e019322, 2023.
- RIBEIRO, S. R. R. P.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Maternal effect associated to cooking quality of common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v. 6, p. 303-309, 2006.
- SADOHARA, R. *et al.* The Phaseolus vulgaris L. Yellow Bean Collection: genetic diversity and characterization for cooking time. **Genetic Resources and Crop Evolution**, p. 1-22, 2022.
- SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: John Wiley & Sons, 1992. 501p.
- SMITH, G. Step away from stepwise. **Journal of Big Data**, v. 5, n. 1, p. 1-12, 2018.
- SNAPE, J. W.; RIGGS, T. J. Genetical consequences of single seed descent in the breeding of self-pollinating crops. **Heredity**, v. 35, n. 2, p. 211-219, 1975.
- SOUZA, E. A. *et al.* Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1765-1771, 2000.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. 1992.
- WAINAINA, I. *et al.* Thermal treatment of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.): Factors determining cooking time and its consequences for sensory and nutritional quality. **Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety**, v. 20, n. 4, p. 3690-3718, 2021.
- WIESINGER, J. A. *et al.* Demonstrating a Nutritional Advantage to the Fast-Cooking Dry Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**. v. 64, p. 8592-8603, 2016.

## APÊNDICE A – CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO A CAMPO



1 e 2: condução das progênies em experimento a campo; 3: colheita das progênies individualmente  
Fonte: Elaborado pelo autor (2023).

## APÊNDICE B – AVALIAÇÃO DO TEMPO DE COZÇÃO EM GRÃOS DE FEIJÃO UTILIZANDO O COZEDOR MATTSON



1: processo de cozimento utilizando o cozedor Mattson; 2: grãos das progênies em processo de hidratação (anteriormente ao teste de cocção); 3: cozedor Mattson

Fonte: Elaborado pelo autor (2023).

**APÊNDICE C – GRÃOS DAS PROGÊNIES SELECIONADAS PARA O  
CARÁTER TEMPO DE COCÇÃO EM FEIJÃO**

F2:3-13



F2:3-12



F2:3-8



F2:3-4



F3:4-14



F3:4-4



F3:4-3



F3:4-7



F8:9-9



F8:9-5



F8:9-10



F8:9-1



F9:10-4



F9:10-11



F9:10-3



F9:10-14



Fonte: Elaborado pelo autor (2023).