

SUZY ANNE DE ARAÚJO E SILVA

**MÉTODOS DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE VARIEDADES  
TRADICIONAIS DE FEIJÃO CAUPI NO ACRE**



RIO BRANCO – AC

2019

SUZY ANNE DE ARAÚJO E SILVA

**MÉTODOS DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE VARIEDADES  
TRADICIONAIS DE FEIJÃO CAUPI NO ACRE**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal.

Orientador: Dr. Vanderley Borges dos Santos

RIO BRANCO – AC

2019

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC

---

S586m Silva, Suzy Anne de Araújo e, 1987 -

Métodos de seleção em progênies de variedades tradicionais de feijão caupi no Acre / Suzy Anne de Araújo e Silva; orientador: Dr. Vanderley Borges dos Santos. – 2019.

60 f. ; 30 cm.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Acre, Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal, Rio Branco, 2019.

Inclui referências bibliográficas e apêndices.

1. *Vigna unguiculata* (L) Walp. 2. Ganho por seleção. 3. Melhoramento genético. I. Santos, Vanderley Borges dos (orientador). II. Título.

CDD: 338.1

---

*Aos meus pais*

*Eduardo Alves de Melo e Silva e Sirlene Vieira de Araújo,*

*Que nunca mediram esforços para que eu chegasse até aqui.*

*Ao meu filho Gustavo Henrique Araújo*

*Por todo amor, paciência, companheirismo e compreensão*

*Pela minha ausência durante este período de minha formação.*

*Dedico.*

## **AGRADECIMENTOS**

À Deus pela vida, proteção e saúde. Por me conceder a oportunidade e me dar forças para persistir e alcançar mais esse objetivo;

À toda minha família pelo incentivo e apoio constantes;

À Universidade Federal do Acre pela realização do Curso de Mestrado em Produção Vegetal;

Ao Cnpq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico), pela concessão da bolsa de estudos imprescindível no decorrer do curso;

Ao meu orientador, Prof. Dr. Vanderley Borges dos Santos, pela paciência na orientação, incentivo e conhecimentos a mim repassados;

A todos os professores que durante este período compartilharam seus conhecimentos, contribuindo com a minha formação;

Aos estagiários da graduação pelo apoio e auxílio na instalação do experimento e coleta de dados;

Aos amigos e colegas da pós-graduação, pelo apoio, convívio e troca de experiências (amizades que vou levar para vida!);

À todos aqueles que estiveram envolvidos direta ou indiretamente colaborando com o sucesso desse trabalho.

O meu muito OBRIGADA!

## RESUMO

O feijão caupi (*VignaUnguiculata* (L.) Walp.) é uma leguminosa de grande valor econômico e social, que possui uma grande variabilidade genética, conferindo-lhe uma vasta versatilidade quanto a adaptação ao clima, solo e sistemas de plantios. No Acre, há grande diversidade de variedades tradicionais com características importantes, e promissoras para melhoramento dessa cultura no Estado. A seleção como técnica de melhoramento pode se apresentar de diversas formas e intensidades e a avaliação de seus ganhos é passo importante na escolha do método de melhoramento mais adequado. Objetivou-se com esse trabalho avaliar diferentes métodos de seleção (entre e dentro, combinada, massal simples e massal estratificada) em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi do Acre, sob duas intensidades de seleção. O experimento foi realizado na área experimental da Universidade Federal do Acre. Foram avaliadas 11 progênies das variedades tradicionais de feijão-caupi: Manteiguinha, Caupi preto, Caupi branco e Barrigudinho, que fazem parte da coleção de germoplasma mantida pelo Professor Dr. Vanderley Borges dos Santos na Universidade Federal do Acre. O delineamento estatístico experimental foi em blocos ao acaso com duas repetições, a parcela experimental constituída de dez plantas individuais no espaçamento de 1,0 por 0,5 m, avaliando-se 5 plantas de cada parcela. As variáveis analisadas foram: Peso de vagem (PV), Massa de 100 grãos (MCG), Comprimento médio de vagem (CMV), Número de grãos por vagem (NGV), Número de locos (NL), Comprimento de semente (CS), Largura de sementes (LS) e Espessura de semente (ES). Realizadas análises individuais para as todas as características avaliadas, selecionadas para acréscimo das médias originais com duas intensidades de seleção de 80% entre e 50% dentro e 50% entre e 25% dentro das famílias. Realizadas com o uso do aplicativo computacional GENES. As progênies avaliadas apresentaram variabilidade genética para os caracteres avaliados, exceto para número de grãos por vagem e número de locos. A seleção combinada proporcionou estimativas de ganhos significativamente maiores que os demais métodos. A porcentagem de seleção de 80% entre e 50% dentro foi a mais recomendada. A seleção para os caracteres peso de vagem e massa de cem grãos apresentaram maiores estimativas de ganhos genéticos de 55,9 e 55,32% respectivamente. As famílias 5, 6, 9 e 11 foram as mais promissoras para seleção dos caracteres avaliados.

**Palavras chave:** *Vigna unguiculata* (L) Walp, ganho por seleção, melhoramento genético.

## ABSTRACT

The cowpea bean (*VignaUnguiculata* (L.) Walp.) is one leguminous of economic and social great value, which has a great genetic variability, giving it a wide versatility as to the adaptation of climate, soil and planting systems. In Acre, there is great diversity of traditional varieties with important and promising characteristics to improvement of this culture in the state. The selection as an improvement technique can be show itself in different ways and intensities and the evaluation of its gains is an important step in choosing a more suitable improvement method. The objective of this work was to evaluate different selection methods (between and within, combined, massal simple and massal stratified) in progenies of traditional varieties of cowpea bean of Acre, under two selection intensities. The experiment was realized in the experimental area of the Federal University of Acre. Were evaluated 11 progenies of the traditional varieties of cowpea bean: Butter Bean, Black Cowpea, White Cowpea and Brown Bean, which are part of the germoplasm collection maintained by Teacher Dr. Vanderley Borges dos Santos in the Federal University of Acre. The experimental statistical design was in randomized blocks with two replications, the experimental plot constituted of ten individual plants in the spacing of 1.0 by 0.5 m, evaluating 5 plants of each plot. Were evaluated the varieties: pod weight (PV), 100 grain mass (MCG), average pod length (CMV), number of grains per pod (NGV), number of locus (NL), seed length (CS), seed width (LS) and seed thickness (ES). Individual analyzes were performed for all evaluated characteristics, selected to add the original averages with two selection intensities of 80% between and 50% within and 50% between and 25% within the families. All analysis were performed by the use of GENES computer applicative. The evaluated progenies presented genetic variability to the evaluated characters, except to number of grains per pod and number of locus. The combined selection provided significantly higher gain estimates than the other methods. The selection percentage of 80% between and 50% within was the most recommended. The selection for pod weight characters and mass of one hundred grains presented higher genetic gains of 55.9 and 55.32% respectively. The families 5, 6, 9 and 11 were the most promising to selection of evaluated characters.

**Key words:** *Vigna unguiculata* (L) Walp, gain by selection, genetic improvement.

## LISTA DE QUADROS

Quadro 1 - Número de progênies e procedência das variedades tradicionais de feijão-caupi avaliadas em Rio Branco-Acre, 2019.....	24
Quadro 2 - Características químicas do solo da área experimental, com amostras de solo coletadas na profundidade de 0 a 20 cm, Rio Branco, AC.....	25
Quadro 3 - Indivíduos selecionados por família para seleção combinada com a intensidade de 80% entre e 50% dentro por caracteres avaliados em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019.....	43

## LISTAS DE TABELAS

Tabela 1 -	Esquema da análise de variância para experimentos em blocos ao acaso com informação de plantas dentro das parcelas.....	27
Tabela 2 -	Resumo da análise de variância para os caracteres avaliados em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019.....	32
Tabela 3 -	Estimativas da variância, genética entre médias de famílias ( $\sigma_{ge}^2$ ), genotípica dentro de famílias ( $\sigma_{gd}^2$ ), fenotípica dentro de família ( $\sigma_{fd}^2$ ), fenotípica total ( $\sigma_f^2$ ), em virtude do efeito do bloco ( $\sigma_b^2$ ), e ambiental entre as parcelas ( $\sigma_{ee}^2$ ), estimados para os caracteres em estudo de progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019.....	33
Tabela 4	Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias ( $h_m^2$ ), de indivíduos dentro de famílias ( $h_d^2$ ), de indivíduos no experimento ( $h_e^2$ ) e no bloco ( $h_b^2$ ), estimados para variáveis em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019.....	34
Tabela 5	Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias ( $CV_{ge}$ ), genético dentro de família ( $CV_{gd}$ ), ambiental ( $CV_e$ ), e da relação entre os coeficientes de variação genéticos entre família e ambiental ( $CV_{ge}/CV_e$ ), e entre os coeficientes de variação dentro de família e ambiental ( $CV_{gd}/CV_e$ ), para caracteres de progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019.....	35
Tabela 6	Ganhos por seleção entre ( $GS_e$ ), dentro ( $GS_d$ ) e entre e dentro ( $GS_{ed}$ ) estimados pelo método 1 (diferencial de seleção) para caracteres de progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019.....	36
Tabela 7	Ganhos por seleção entre ( $GS_e$ ), dentro ( $GS_d$ ) e entre e dentro ( $GS_{ed}$ ) estimados pelo método 2 (intensidade de seleção) para caracteres de progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019.....	37
Tabela 8	Estimativas de Ganhos por seleção para seleção combinada (GSC), massal simples (GSMS), massal estratificada (GSME) e entre e dentro ( $GS_{ed}$ ) e eficiência da seleção combinada em relação à entre e dentro (SC/SED) e número de famílias selecionadas, considerando uma intensidade de seleção de 80% entre as famílias e 50% dentro de cada família em variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco - Acre, 2019.....	38
Tabela 9	Estimativas de Ganhos por seleção para seleção combinada (GSC), massal simples (GSMS), massal estratificada (GSME) e entre e dentro ( $GS_{ed}$ ) e eficiência da seleção combinada em	

relação a entre e dentro (SC/SED) e número de famílias selecionadas considerando uma intensidade de seleção de 50% entre as famílias e 25% dentro de cada família em variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019..... 39

Tabela 10 Número de famílias selecionadas nos diferentes métodos de seleção com duas intensidades de seleção para os caracteres avaliados em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco – Acre, 2019..... 41

## LISTA DE APÊNDICES

Apêndice A -	Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável peso de vagem.....	51
Apêndice B -	Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Massa de 100 grãos.....	52
Apêndice C -	Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Número de Grãos por Vagem.....	53
Apêndice D -	Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Comprimento de semente.....	54
Apêndice E -	Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Largura de semente.....	55
Apêndice F -	Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Espessura de semente.....	56
Apêndice G -	Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Número de locos.....	57
Apêndice H -	Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Comprimento Médio de Vagem.....	58

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	<b>12</b>
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>13</b>
2.1 BOTÂNICA E GENÉTICA DO FEIJAO-CAUPI.....	13
2.2 IMPORTÂNCIA DO CULTIVO.....	15
2.3 VARIEDADES TRADICIONAIS E VARIABILIDADE GENÉTICA .....	16
2.4 ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS.....	18
2.5 MÉTODOS DE SELEÇÃO E GANHOS POR SELEÇÃO.....	20
<b>3 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>24</b>
3.1 CARACTERIZAÇÃO DO EXPERIMENTO.....	24
3.2 ANÁLISE DE VARIÂNCIA.....	26
3.3 COMPONENTES DE VARIÂNCIA E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS.....	27
3.4.1 Coeficiente de herdabilidade.....	27
3.4.2 Ganhos por seleção.....	28
3.4.2.1 Seleção entre e dentro .....	28
3.4.2.1.1 Ganho por seleção entre famílias.....	28
3.4.2.1.2 Ganho por seleção dentro de famílias.....	29
3.4.2.1.3 Ganho por seleção entre e dentro de famílias.....	29
3.4.2.2 Seleção massal simples.....	29
3.4.2.3 Seleção massal estratificada.....	29
3.4.2.4 Seleção combinada.....	30
3.4.3 Coeficientes de variação .....	30
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	<b>31</b>
4.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIA.....	31
4.2 ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS.....	32
4.2.1 Estimativas das variâncias genética, fenotípica e ambiental.....	32
4.2.2 Estimativas de herdabilidade.....	33
4.2.3 Estimativas dos coeficientes de variação.....	34
4.3 GANHO POR SELEÇÃO.....	36
4.3.1 Seleção entre e dentro.....	36
4.3.2 Seleção massal simples e massal estratificada.....	37
4.3.3 Seleção combinada.....	38
<b>5 CONCLUSÕES</b> .....	<b>44</b>
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>45</b>
<b>APÊNDICES</b> .....	<b>50</b>

## 1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna Unguiculata* (L.) Walp.) é uma leguminosa, que possui uma grande variabilidade genética, o que lhe confere uma vasta versatilidade quanto a adaptação ao clima, solo e sistemas de plantios. Como excelente fonte de proteína, carboidratos, vitaminas e minerais essenciais cumpre papel social importante como componente base da dieta de comunidades rurais e populações de baixa renda principalmente das regiões norte e nordeste. A busca pela alimentação saudável tem aumentado o consumo dessa leguminosa, visto sua grande diversidade no uso culinário, maior praticidade quanto ao preparo, melhor digestibilidade e ainda maior riqueza nutricional quando comparado ao feijão comum de acordo com dados das composições destes por Pires et al. (2005); Frota et al. (2008). Nos últimos anos têm-se observada expressiva expansão no cultivo do caupi, principalmente para região centro-oeste, onde tem se adaptado bem aos sistemas de cultivo e apresentado ótimas perspectivas econômicas com seu rendimento e exportação. O caupi tem seu potencial genético ainda pouco explorado quando comparado com outras culturas. No Estado do Acre não há cultivares específicas recomendadas sendo ainda cultivado utilizando-se variedades tradicionais com uso de baixa tecnologia e em pequenas propriedades rurais. Como reflexo, se tem baixa produtividade e a carência do produto no mercado, sendo necessária importação do produto de outros estados. Estudos apontam que há uma grande diversidade de variedades tradicionais com alta variabilidade e características importantes, cenário promissor para melhoramento da cultura no Estado. Uma técnica de melhoramento simples e muito usual em autógamias é a seleção, ela se beneficia da variabilidade existente na população e busca o aumento da frequência dos alelos de interesse, visando assim, o aumento ou diminuição do valor do caráter. Como a seleção pode ser praticada de diferentes maneiras e intensidades, para o melhorista é muito importante poder prever o progresso esperado conforme o tipo e intensidades praticadas. De acordo com a estratégia de seleção e o ganho que ela proporcionará poderá orientar, de maneira mais efetiva, um programa de melhoramento, bem como prever o sucesso de esquema seletivo adotado, decidindo, com bases científicas, quais esquemas podem resultar em maior ganho genético. Objetivou-se com esse trabalho, comparar a utilização das seleções entre e dentro de famílias, seleção massal simples, estratificada e seleção combinada, por meio de dois métodos de cálculo de ganho e sob duas intensidades de seleção em variedades tradicionais do Acre.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) possui uma grande variabilidade genética que o torna versátil, sendo usado para várias finalidades e em diversos sistemas de produção, adaptando-se bem à diferentes condições ambientais. Possui capacidade de fixar nitrogênio por meio de simbiose com bactérias do tipo *Rhizobium*, excelente valor calórico e fonte de dez aminoácidos essenciais, se mostrando assim, uma espécie de grande valor atual e estratégico (FREIRE FILHO, 2005).

### 2.1. BOTÂNICA E GENÉTICA DO FEIJAO-CAUPI

O feijão-caupi é uma espécie dicotyledonea e pertencente à família botânica Fabaceae. O gênero *Vigna* possui 170 espécies, no qual, a *V. unguiculata* destaca-se pela grande importância econômica. Atualmente são descritas as subespécies: *V. unguiculata* (L.) subsp. *unguiculata*, *V. unguiculata* (L.) subsp. *sesquipedalis*, *V. unguiculata* (L.) subsp. *cylindrica*, *V. unguiculata* (L.) subsp. *dekindtlana* e *V. unguiculata* (L.) subsp. *mensensis*. Entretanto, apenas as três primeiras são domesticadas, com destaque para a *V. unguiculata* (L.) subsp. *unguiculata* amplamente cultivada no Brasil (VIJAYKUMAR et al., 2010; FREITAS FILHO et al., 1983).

O centro de origem da espécie está localizado no Continente Africano, sendo o possível ponto inicial para dispersão em outras regiões no mundo, principalmente por expedições europeias e asiáticas. No Brasil, os primeiros relatos de sua introdução ocorreram há aproximadamente 460 anos pelos portugueses, nesse intervalo, as seleções e mutações nos sucessivos cultivos, proporcionaram uma maior segregação e o aumento da sua variabilidade genética (LIMA, 2015; OLIVEIRA et al., 2015). No estado do Acre, os primeiros relatos da atividade agrícola do feijão-caupi datam de 1907, e de acordo com os relatórios da época, as condições hídricas e alta fertilidade da região favoreceram a implantação da cultura (MARTINS, 2009).

A espécie é caracterizada por apresentar folhas compostas com dois folíolos laterais e um central, além disso, são classificadas em cinco categorias de acordo com seu formato: sub-globosa, sub-hastata, globosa,

hastata/lanceolada e ovata/lanceolada (POTTORFF et al., 2012). O diâmetro do caule, número de ramos laterais e o comprimento do epicótilo podem variar de acordo com a densidade de plantio e o material genético cultivado (BEZERRA et al., 2012).

A planta possui dois tipos de ramificações: determinante e indeterminante. No primeiro caso, o desenvolvimento vegetal limita-se a um número pré-definido de nós, ou seja, o seu crescimento cessa ao emitir a primeira inflorescência. Nas plantas indeterminadas, o crescimento é contínuo, nesse caso, a planta emite novas ramificações e gemas florais simultaneamente (MACHADO et al., 2007).

As flores estão dispostas em inflorescência racemosa, com uma ou duas flores que são hermafroditas, zigomorfas, diclamídeas, além disso, sua coloração varia entre o branco-lilás, amarelo claro e branco. O número de pétalas varia com o genótipo em estudo, no entanto, em geral são observadas cinco pétalas, com a formação de uma quilha composta por duas flores que protegem o androceu e o gineceu. O androceu é composto por dez estames e o gineceu está envolvido pelo tubo estaminal e tricomas que auxiliam na aderência do grão de pólen. O ovário é supero, unilocular e possuem 16 óvulos em seu interior (MACHADO et al., 2007; BARBOSA et al., 2016).

A *V. unguiculata* é uma planta anual, diploide ( $2n = 22$  cromossomos) e autógama, ou seja, possui predominância da reprodução por autofecundação. A baixa taxa de alogamia na espécie torna-se necessário para a manutenção de Bancos de Germoplasmas e o desenvolvimento de cultivares oriundas de linhagens puras (TEÓFILO, 1999; MACHADO et al., 2007; FREIRE FILHO et al., 2014). Apesar da ocorrência de locos em homozigose, a planta pode apresentar híbridos naturais oriundos de fecundação cruzada. Teófilo (1999), comprovou que o feijão-caupi apresenta 0,8% de hibridização natural, quando avaliadas características qualitativas como a coloração das flores e sementes.

De acordo com experimento realizado por Barbosa et al. (2016), a antese ocorre entre às 4:30-5:00h, com posterior processo de senescência floral às 9:00-10:00h. O estigma torna-se receptivo antes da antese, entretanto, a viabilidade polínica (88,4%) foi considerada baixa para a produção de sementes. Os principais polinizadores naturais foram observados após a antese, no qual, abelhas (*Eulaemanigritae Xylocopagrisescens*) e lepidópteras coletaram néctar e pólen até as 08:00h.

## 2..2 IMPORTÂNCIA DO CULTIVO

O feijão-caupi é uma cultura tropical, muito cultivado em países em desenvolvimento como a África, Ásia e América do Sul. Seu cultivo é realizado em regiões cujas condições climáticas assemelham-se ao clima do seu centro de origem. O uso de cultivares de hábito de crescimento prostrado ou semiprostrado desempenha papel importante na cobertura do solo em regiões semiáridas, principalmente, na supressão de espécies invasoras e na redução da evapotranspiração da água no solo (OLIVEIRA et al., 2008; MATOSO, 2014).

A cultura tem sido incluída em programas de segurança alimentar, por apresentar rica composição química e valor nutricional. Segundo Frota et al. (2008), é possível encontrar na sua composição química carboidratos, lipídeos, proteínas e alto teor de fibras alimentares, que estão associados a prevenção de doenças crônicas como o câncer, doenças cardiovasculares e diabetes. Além disso, esse alimento é rico em aminoácidos essenciais como arginina, fenilalanina + tirosina, leucina, lisina e triptofano, com valores recomendados pela Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO, 2019).

Além da alimentação humana, o feijão-caupi pode ser utilizado como ingrediente na fabricação de ração para peixes. Ribeiro (2012) avaliou a inclusão da farinha de feijão-caupi no desenvolvimento de juvenis de tambaquis na região amazônica. Os resultados mostraram que a inclusão de 20% de farinha na dieta proporcionou ganho de peso corpóreo quando comparados ao tratamento controle. Os índices zootécnicos foram superiores quando adicionados 20% da farinha, ou seja, quando associados a alimentos com alto valor proteico, os rendimentos serão superiores na criação em cativeiro, principalmente na região norte do país.

A área plantada do feijão-caupi no ano de 2017 foi superior a 12,5 milhões de hectares no mundo. Sua produção no mesmo período foi de cerca de 7,4 milhões de toneladas quando considerados valores oficiais do banco de dados da Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura (FAO, 2019).

O continente africano destaca-se como maior produtor mundial da cultura, com produção de 7,1 milhões de toneladas, com destaque para a Burkina Faso (554 mil toneladas), Nigéria (305 mil), Niger (198 mil) e Camarões (190 mil). O continente asiático apresenta-se como segundo maior produtor com 203 mil toneladas, seguido da América (70 mil) e Europa (26 mil) (FAO, 2019).

O Brasil se sobressai entre os maiores produtores no mundo. Segundo o Censo Agropecuário 2017 do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), a produção brasileira de feijão-caupi na safra 2016/2017 foi de 593.744,484 toneladas em cerca de 901.635 mil estabelecimentos. Os principais estados produtores são: Mato Grosso (168 mil toneladas, 303 mil estabelecimentos), Minas Gerais (115 mil toneladas 156 mil estabelecimentos) e Ceará (70 mil toneladas, 128 mil estabelecimentos).

Na região norte, destaca-se os Estados de Tocantins (16 mil toneladas, 6332 estabelecimentos) e Pará (28,2 mil, 11373 estabelecimentos). O Estado do Acre possui produção estimada em 571,747 toneladas em cerca de 1622 estabelecimentos. Os principais municípios produtores são Brasiléia (211,115 toneladas, 255 estabelecimentos), Xapuri (153,927 toneladas, 558 estabelecimentos), Marechal Thaumaturgo (40,730 toneladas, 147 estabelecimentos) e Sena Madureira (33,573 toneladas, 137 estabelecimentos) (IBGE, 2017).

A baixa produtividade no Estado está associada ao plantio de sementes tradicionais, ausência de insumos e baixo nível tecnológico empregado pelos agricultores (SOUZA, 2016). As principais variedades plantadas no estado são: Feijão de corda, Manteguinha, Mundubi de rama, Manteigão, Quarentão, Carentinha, Corujinha, Fígado de galinha, Baiano, Roxinho de praia, Branco de praia, Feijão leite, Manteguinha vermelha, Arigozinho, Manteguinha liso e Caupi preto, sendo essas comercializadas e distribuídas pelos próprios produtores rurais da região (SOUZA, 2016).

### 2.3 VARIEDADES TRADICIONAIS E VARIABILIDADE GENÉTICA

De acordo com Muñoz et al. (1993), variedade é uma categoria taxonômica de planta sempre abaixo daquela de espécie. Em melhoramento genético, variedade é sinônimo de variedade cultivada e de cultivar que deve reunir características que garantam sua identidade, uniformidade e estabilidade

As variedades tradicionais são variedades locais ou raças locais cultivadas por pequenos agricultores, que não sofreram o processo convencional de melhoramento, apresentando diversidade genética em relação a outras populações, constituindo um reservatório de genes, o qual podem formar novas variedades melhoradas ou até mesmo transmitir características desejáveis às variedades comerciais (SILVA et al., 2002).

A cultura do caupi vem passando por processos de melhoramento genético ao longo dos anos, de forma a acompanhar o desenvolvimento econômico social e o crescimento da população do Brasil. Com a modernização da agricultura as cultivares tradicionais foram substituídas por cultivares melhoradas, o que implica na extinção de germoplasmas de interesse para o melhoramento vegetal (MARINHO et al., 2001).

O vale do rio Juruá, no Estado do Acre, é um centro de agrossociobiodiversidade de feijões de valor incalculável para a humanidade. Milhares de agricultores familiares, ao longo desse rio, são depositários de etnovarietades locais de feijões, construindo um verdadeiro patrimônio genético (SIVIERO et al., 2017). Esses materiais devido seu cultivo sucessivo, ao longo dos anos, apresentam-se altamente adaptados às condições locais que, juntamente com sua diversidade genética, constituem-se em fontes de genes de inestimável valor para o programa de melhoramento de caupi (MARINHO et al., 1997a).

Apesar do uso cada vez mais intenso de novas tecnologias e avançadas técnicas de melhoramento, ainda é de extrema relevância o uso da seleção para melhoramento do caupi. Nesse sentido, a utilização de variedades tradicionais, especialmente em regiões onde há ainda pouco acesso a tecnologias e se dispõe de ampla diversidade de materiais vegetais tradicionais com características importantes como adaptação, rusticidade e aceitabilidade do mercado local que podem ser exploradas em programas de melhoramento.

A quantificação das variabilidades fenotípica e genética presente em uma população é de fundamental importância para o desenvolvimento dos programas de melhoramento genético, isto permite conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para seleção de diferentes genótipos para uma ou mais características (RAMALHO et al., 2000).

O feijão-caupi apresenta ampla variabilidade genética para praticamente todos os caracteres de interesse agrônomo (SANTOS et al., 1997). Dada sua importância sócio-econômica e potencialidade comercial, torna-se fundamental conhecer e explorar a potencialidade genética das variedades tradicionais existentes na região.

Diversos estudos já realizados com variedades tradicionais de feijão-caupi no Estado do Acre reforçam a existência de variabilidade genética, presença de características desejáveis e alto potencial das mesmas para uso no melhoramento da cultura.

Caracterizando as sementes de variedades de feijão-de-corda utilizada localmente pelos agricultores familiares do Acre, Nascimento (2012), concluiu haver variação genética entre as cultivares para os caracteres de cor, forma, brilho, peso de 100 sementes, comprimento, largura e espessura das sementes, indicado possibilidade de seleção para esses caracteres.

Souza (2016), caracterizou morfoagronomicamente variedades tradicionais de feijão-caupi do Acre e concluiu que os genótipos utilizados possuem características quantitativas e qualitativas importantes para serem utilizados em futuros programas de melhoramento genético.

Oliveira (2015) ao descrever as cultivares locais de feijão-caupi da Resex Alto Juruá e da microrregião de Cruzeiro do Sul - AC, observou que estas apresentavam características importantes quanto ao ciclo, arquitetura da planta e adaptação.

Oliveira et al. (2013) e Nascimento (2016), revelaram a existência de variabilidade para caracteres de sementes nas variedades tradicionais de feijão-caupi cultivadas no Acre.

Mendonça (2016) estimou parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos em genótipos do feijão-caupi, concluindo que existe variabilidade genética e potencial agrônômico nos genótipos avaliados.

Gomes (2016) verificou a divergência genética entre 20 acessos de feijão-caupi por meio da análise multivariada, concluindo haver divergência genética, indicando presença de variabilidade para a seleção de genótipos superiores.

Lima (2016) e Marinho (2001) observaram, com base em caracteres morfoagronômicos e pela caracterização botânica, morfológica e agrônômica de cultivares de caupi, respectivamente, haver divergência entre variedades tradicionais de feijão-caupi coletadas no Estado do Acre.

#### 2.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM FEIJÃO-CAUPI

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental, por permitir, identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para a obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada. Caracteres quantitativos apresentam herança complexa, sendo em sua maioria

condicionados por muitos genes com efeitos individuais pequenos e muito influenciados pelo ambiente (CRUZ et al., 2014).

A determinação desse controle genético dos caracteres de interesse na seleção, constitui uma etapa inicial e irá orientar na escolha dos procedimentos mais adequados nos programas de melhoramento, e que segundo Bezerra et al. (2001) auxilia os melhoristas no momento de tomar decisões a respeito da adequação do método de melhoramento e do modo de condução e seleção.

A estimativa de parâmetros como as variâncias, herdabilidade, correlação entre caracteres, coeficiente de determinação genotípico, coeficiente de variação genética e coeficiente  $b$  ( $CV_g/CV_e$ ) de uma população que se pretende explorar para o melhoramento genético nos permite obter informações sobre a variabilidade genética que esta apresenta, o tipo de ação dos genes em caracteres quantitativos, orientação sobre o esquema mais adequado a ser adotado e estimação do ganho genético esperado com a seleção (CORREA, 2012; ROCHA et al., 2003).

A variabilidade existente nas populações e quanto desta variabilidade se deve a diferenças genéticas, é de fundamental importância em qualquer programa de melhoramento, pois permite conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para seleção (RAMALHO et al., 2004). É importante também identificar na fração genética, quais as proporções que podem ser atribuídas a fatores gênicos aditivos, dominantes e epistáticos. A avaliação da importância destes fatores está inteiramente relacionada com os objetivos do programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI, 1994).

As estimativas das variâncias genéticas são obtidas a partir da análise de variância dos dados, feita conforme determinado delineamento genético e experimental. Os quadrados médios dessa análise são desdobrados nas suas partes componentes, ou seja, em seus componentes de variância, na forma equações, obtidas pelas expectativas ou pela esperança matemática desses quadrados médios. Conhecidas essas esperanças ou equações, obtêm-se, pela combinação delas, os estimadores de cada um dos componentes de variância (CRUZ et al., 2014).

O sucesso do melhoramento genético de qualquer caráter requer, obrigatoriamente, que ele seja herdável e que haja variação na população em que se pratica a seleção. Para que a seleção possa ser conduzida de forma eficaz é imprescindível que o melhorista saiba quanto da variação fenotípica total de um caráter

se deve a causas genéticas e quanto se deve a fatores de ambiente. Isto torna possível antecipar o resultado da seleção e, ainda estabelecer o método de melhoramento mais eficaz (CRUZ et al., 2014; NUNES, 1998).

Para Cruz et al. (2014), a herdabilidade é definida como a proporção da variância fenotípica que é devida às variações de natureza genética. Prediz a confiabilidade do valor fenotípico em expressar o valor genotípico e quantifica a proporção do diferencial de seleção que se espera ganhar quando a seleção for praticada sobre uma unidade de seleção definida.

Estimativas de parâmetros genéticos do feijão-caupi têm sido obtidas por vários autores (SANTOS; SANTOS, 2004; MATOS FILHO et al., 2009; BENVINDO et al., 2010). Conhecer a variabilidade genética do germoplasma disponível permite estimar a herdabilidade, o avanço genético esperado e o coeficiente de variação genética da população em estudo é fundamental na orientação de programas de melhoramento, que visam à seleção de cultivares mais produtivas.

Segundo Singh (2007), o estudo do controle genético e da herança de caracteres agrônômicos por meio da obtenção de estimativas de parâmetros genéticos tem contribuído para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento de feijão-caupi.

A enorme variabilidade genética apresentada pela espécie e a grande variação nas condições de seu cultivo, torna os estudos destes parâmetros primordiais para o estabelecimento de programas de melhoramento da cultura (MEIRA, 2017; BEZERRA et al., 2001).

## 2.5 MÉTODOS DE SELEÇÃO E GANHOS POR SELEÇÃO

O sucesso de um programa de melhoramento depende da variabilidade existente na população de estudo para que a partir daí, o melhorista possa utilizar estratégias ou métodos de seleção para discriminar essa variabilidade e assim poder identificar os genótipos que podem ser desenvolvidos em cultivares. As estratégias dependem dos modos de reprodução das espécies a serem melhoradas. As espécies autopolinizadas são naturalmente endogâmicas e tendem a ser homozigóticas. Estratégias de melhoramento nestas espécies são voltadas para a produção de cultivares homozigotas, cultivares elites ou linhas puras, onde

o agricultor pode utilizar as sementes da safra atual para o plantio da próxima safra, sem perda de desempenho das cultivares quanto ao rendimento e qualidade. (ACQUAAH, 2012)

Um dos delineamentos mais usuais em programas de melhoramento é o teste de progênies, no qual são avaliadas famílias, normalmente constituídas por meio-irmãos, irmãos-completos ou por plantas obtidas pela autofecundação. Nesse tipo de seleção são feitas avaliações individuais, as quais permitem ao melhorista adotar várias estratégias de seleção como: seleção entre famílias, seguida ou não de seleção entre plantas dentro de parcela, seleção massal simples, seleção massal estratificada e seleção combinada (CRUZ, et al., 2014)

Na seleção entre e dentro de famílias identificam-se, em uma primeira etapa, as melhores famílias com base na média das parcelas. Na etapa seguinte, selecionam-se, nas famílias superiores as plantas de melhor desempenho. Esta prática proporciona ganhos adicionais por explorar a fração da variância não utilizada na seleção entre, mas apresenta o inconveniente de se basear em valores fenotípicos individuais, sujeitos a maior influência dos efeitos ambientais (LERNER, 1977; FALCONER, 1987). Segundo Martins et al. (2005), uma das críticas que se faz a seleção entre e dentro é o fato de que indivíduos superiores de famílias intermediárias e indivíduos intermediários de famílias superiores não serem considerados na seleção.

Em contraponto, a seleção combinada identifica genótipos superiores a partir da informação do indivíduo e de seus aparentados, pelo estabelecimento de um índice para cada indivíduo para determinado caráter, que considera seu desempenho individual associado ao desempenho da sua família em um único estágio. Assim a seleção combinada surge como uma alternativa aos outros tipos de seleção, esta é mais apurada e leva em consideração o desempenho individual associado ao desempenho da família em um único estágio (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

A seleção combinada tem sido cada vez mais utilizada e seus resultados têm sido favorável em comparação com a seleção entre e dentro, com a obtenção de ganhos mais elevados em diversas culturas, tais como: Pinhão-manso (BHERING, 2013); Eucalipto (MARTINS, 2001; MARTINS, 2005; ROSADO, 2009); Soja (REIS, 2004); Maracujá (RONDINELLI, 2006), Laranja (CARVALHO, 2019) e Arroz (LOPES, 2019). Há uma carência em trabalhos realizados em feijão utilizando essa metodologia.

Obtém-se ganhos expressivos com a aplicação do método de seleção combinada devido ao índice que considera medidas genéticas do comportamento do indivíduo e sua família e não medidas fenotípicas que estão sujeitas a maior influência do ambiente como na seleção entre e dentro (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Não há, entretanto, referências com uso da seleção combinada em caupi, apesar dessa metodologia se apresentar promissora quando se dispõe de recursos computacionais para sua utilização à seleção.

A seleção massal é um dos métodos mais antigos e simples utilizados no melhoramento genético de plantas autógamas e possui duas importantes funções no melhoramento de plantas: a primeira a respeito da segurança e rapidez com que a seleção é praticada, para promover o melhoramento em variedades locais e a segunda função refere-se a pureza varietal para produção de sementes, assim seleciona-se as melhores plantas para compor as próximas gerações (ALLARD, 1971). Considera-se seleção massal aquela tomando-se como critério os valores fenotípicos dos indivíduos em todo o experimento, sem qualquer restrição à família ou ao ambiente (bloco) a que pertence (CRUZ et al. 2014).

Já a seleção massal estratificada, segundo Cruz et al. (2014), é aquela praticada tomando como critério os valores fenotípicos dos indivíduos em cada um dos blocos do experimento, sem qualquer restrição a família a que pertença.

Quando uma característica quantitativa é posta sob seleção natural ou artificial, ela muda frequentemente com o passar do tempo, desde que haja variação genética para essa característica na população. A amplitude na qual uma característica sujeita a seleção muda em uma geração é chamada de resposta à seleção (PIERCE, 2013).

A possibilidade de predição de ganhos a serem obtidos por uma dada estratégia de melhoramento, constitui uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa às domesticações de culturas de uma forma geral. (MARTINS et al., 2005) A resposta à seleção ou ganho por seleção, se traduz em termos da diferença entre a média do caráter da seleção original e a média do caráter na população melhorada.

A seleção pode ser praticada de diferentes maneiras e intensidades, para o melhorista é muito importante poder prever o progresso esperado conforme o tipo e intensidades praticadas. De acordo com a estratégia de seleção e o ganho que ela proporcionará poderá orientar, de maneira mais efetiva, um programa de melhoramento, bem como predizer o sucesso de esquema seletivo adotado,

decidindo, com bases científicas, quais esquemas podem resultar em maior ganho genético (RAMALHO; VENCOVSKY, 1978; NUNES, 1998; CRUZ; RAGAZZI, 1997).

Frequentemente estudos utilizam-se dessa estratégia na seleção de diversas culturas visando melhoramento das espécies. Em caupi, Oliveira (2017) estimou ganhos visando à seleção de linhagens extraprecoces de feijão caupi. Oliveira (2018) também estimou ganhos visando o melhoramento genético da espécie. Estes autores concluíram haver possibilidade de ganhos com a seleção realizando a seleção entre as linhagens.

Segundo Pierce (2013), vários fatores podem afetar o ganho com a seleção, entre eles, a herdabilidade, o diferencial de seleção e a intensidade de seleção. Quando a herdabilidade é alta, a descendência tenderá a se assemelhar a seus genitores, do contrário, haverá pouca semelhança.

A principal diferença entre o ganho por diferencial de seleção, e ganho por intensidade de seleção, está que no primeiro caso, não se sabe ao certo o diferencial de seleção efetivo, uma vez que na prática os pais não contribuem igualmente para próxima geração, em razão de fertilidade, constituição genética e amostragem. No segundo caso, para intensidade de seleção, quanto maior for a intensidade aplicada, maiores serão os ganhos obtidos pela seleção (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

A intensidade de seleção é fixa para uma mesma proporção em % de seleção independente da população e da espécie sob seleção. Ao se aplicar uma alta intensidade de seleção (menor quantidade de indivíduos selecionados) haverá aumento do diferencial de seleção (diferença do fenótipo médio dos selecionados e fenótipo médio da população original) e, conseqüentemente do ganho (aumento esperado da característica dos selecionados acima do valor da média da população original). Porém, esse aumento na média vem acompanhado de diminuição da variabilidade genética da população de estudo, o que diminui também a chances de ganhos em novos ciclos de seleção.

Populações com pequeno tamanho efetivo estão mais sujeitas a perdas de alelos favoráveis devido à deriva genética. A seleção dentro das famílias não deve ser muito intensa, uma vez que há pouca quantidade de indivíduos e menor precisão, pois, valores individuais são mais sujeitos às variações ambientais do que as médias. A manutenção da variabilidade genética em outros ciclos de seleção deve ser considerada para a escolha do método mais adequado (CRUZ et al., 2014; PIERCE, 2013).

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em uma área experimental da Universidade Federal do Acre, localizada no município de Rio Branco, Acre. O clima é do tipo Am2 (quente e úmido) (COSTA et al., 2012), conforme a classificação Koppen, com temperatura média das máximas de 31,7°C e das mínimas de 21,4°C, umidade relativa de 84,3%.

#### 3.1 CARACTERIZAÇÃO DO EXPERIMENTO

Foram avaliadas progênes das variedades tradicionais: Manteiguinha (3), Caupi Preto (3), Caupi Branco (3) e Barrigudinho (2), totalizando 11 progênes (Quadro 1). As mesmas fazem parte da coleção de germoplasma mantida pelo Professor Doutor Vanderley Borges na Universidade Federal do Acre, advindos de pequenas propriedades rurais e mercados municipais no período de 2012 a 2013 nos municípios de Rio Branco, Cruzeiro do Sul, Sena Madureira, Brasileia, Feijó, Porto Walter e Mâncio Lima. (a solicitação para visitas e coletas a produtores foi registrada no Sisbio nº. 34945-1).

Quadro 1 – Número de progênes e procedência das variedades tradicionais de feijão-caupi avaliadas em Rio Branco-Acre, 2019

Tratamento	Variedade	Progênie
1	Manteiguinha	1
2	Manteiguinha	2
3	Manteiguinha	3
4	Caupi Branco	1
5	Caupi Branco	2
6	Caupi Branco	3
7	Caupi Preto	1
8	Caupi Preto	2
9	Caupi Preto	3
10	Barrigudinho	1
11	Barrigudinho	2

O delineamento estatístico experimental foi o de blocos ao acaso com duas repetições, sendo cada parcela experimental constituída de dez plantas individuais no espaçamento de 1,0 por 0,5 m, totalizando 220 unidades experimentais, avaliando-se 5 (cinco) plantas de cada parcela.

No Quadro 2, constam os resultados da análise das amostras de solos coletadas na área experimental da UFAC e analisada no Laboratório de Solos da Embrapa-Acre.

Quadro 2 - Características químicas do solo da área experimental, com amostras de solo coletadas na profundidade de 0 a 20 cm, Rio Branco, AC

pH (H <sub>2</sub> O)	Ca	Mg	K	H+Al	P	P. rem	SB	CTC (pH7)	V
	Cmolc dm <sup>-3</sup>				mg dm <sup>-3</sup>	mg L <sup>-1</sup>	Cmolc dm <sup>-3</sup>		%
5,80	1,60	1,10	0,08	2,18	9,86	38,21	2,78	4,96	56,11

A adubação de plantio foi realizada de acordo com a análise do solo e com o recomendado para a cultura, sendo a aplicação de 40 Kg de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> há<sup>-1</sup> na forma de SFT (45% P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>) e 30 Kg de K<sub>2</sub>O há<sup>-1</sup>, na forma de KCl (60% K<sub>2</sub>O<sub>5</sub>).

A semeadura foi realizada no dia 22 de março de 2018, colocando-se uma semente por cova (visto a quantidade reduzida de sementes de cada progênie), à uma profundidade de 2 cm. Durante a condução do experimento foram realizadas capinas manuais para controle de plantas invasoras e aplicação de Óleo de Nim para controle de pragas e doenças.

Para efeito de avaliações foram avaliadas 5 plantas competitivas dentro de cada parcela, sendo realizadas colheitas individuais, no total de 3 (três): (1<sup>a</sup> colheita: 06/06/2018; 2<sup>a</sup> colheita: 16/06/2018 e a 3<sup>a</sup> colheita: 26/06/2018), visto a desuniformidade na maturação das vagens. As plantas de cada progênie foram avaliadas com relação aos seguintes caracteres:

Peso de vagens (PV) – quantificação do peso total em gramas (g) de 10 vagens maduras de cada planta, obtida através de balança de precisão;

Massa de 100 grãos (MCG) - quantificação do peso total em gramas (g) de 100 (cem) grãos de cada planta, obtida através de balança de precisão;

Comprimento médio de vagem (CMV) - foi determinado em centímetros, pela média de 10 (dez) vagens por planta, obtida com uso de uma régua graduada. No caso de vagens curvas, mediu-se a maior linha reta da base até a sua extremidade;

Número de grãos por vagens (NGV) – determinado pela média da contagem do número de grãos em 10 vagens de cada planta;

Número de locos (NL) - determinado pela média da contagem do número de locos em 10 vagens de cada planta;

Comprimento de semente (CS) – obtido através da média do comprimento (maior eixo), em milímetros (mm), de 10 (dez) sementes por planta;

Largura de sementes (LS) – obtido através da média da largura (eixo médio), em milímetros (mm), de 10 sementes por plantas;

Espessura de semente (ES) - obtido através da média da espessura (menor eixo), em milímetros (mm), de 10 sementes por plantas, obtidos com auxílio de um paquímetro.

Foram realizadas análises individuais para todas as características avaliadas, selecionadas para acréscimo da média originais para os processos de seleção entre e dentro, combinada, massal simples e massal estratificada. Utilizadas duas intensidades de seleção, sendo elas: 80% entre e 50% dentro e 50% entre e 25% dentro das famílias e dois métodos para cálculo do ganho por seleção. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o uso do aplicativo computacional GENES, versão 2018.

### 3.2 ANÁLISE DE VARIÂNCIA

O modelo estatístico do delineamento em blocos ao acaso com informações dentro de parcelas, segundo (CRUZ et al., 2014) é:  $Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk}$

em que,  $Y_{ijk}$ : observação na k-ésimo planta, na i-ésima progênie, do j-ésimo bloco;  $\mu$  = média geral da população;  $G_i$  = efeito da i-ésima família ( $i = 1, 2 \dots g$ ,  $G_i \sim \text{NID}(0, \sigma^2_g)$ );  $B_j$  = efeito do j-ésimo bloco ( $j = 1, 2 \dots r$ ,  $B_j \sim \text{NID}(0, \sigma^2_b)$ );  $\varepsilon_{ij}$  = efeito aleatório ambiental existente entre as parcelas ( $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2_e)$ );  $\delta_{ijk}$  = efeito aleatório existente entre plantas dentro das parcelas ( $k = 1, 2 \dots n$  e  $\delta_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma^2_d)$ ).

Para esse modelo, o esquema da análise de variância, com seus quadrados médios e suas respectivas esperanças para experimentos é apresentado na Tabela 1.

Tabela 1 - Esquema da análise de variância para experimentos em blocos ao acaso com informação de plantas dentro das parcelas

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>E(QM)</b>
Blocos	$r - 1$	QMB	$\sigma_d^2 + n \sigma_e^2 + ng\sigma_b^2$
Famílias	$g - 1$	QMG	$\sigma_b^2 + n \sigma_e^2 + nr\sigma_g^2$
Entre Parcelas	$(g - 1) (r - 1)$	QME	$\sigma_d^2 + n \sigma_e^2$
Dentro da Parcela	$rg (n - 1)$	QMD	$\sigma_d^2$

Onde:  $\sigma_g^2$  = componente da variância genética entre as médias de famílias;  $\sigma_b^2$  = componente da variância de natureza ambiental, que mede as variações entre blocos;  $\sigma_d^2$  = componente da variância fenotípica (ambiental e genética), que mede as variações entre plantas dentro de parcela;  $\sigma_e^2$  = componente de variância ambiental que mede a variação entre parcelas.

### 3.3 COMPONENTES DE VARIÂNCIA

Os componentes de variância foram estimados a partir da análise de variância por meio das seguintes expressões, conforme (CRUZ, et al. 2014):

$$\text{Variância do bloco: } \sigma_b^2 = \frac{QMB - QME}{ng}$$

$$\text{Variância genética entre médias de parcelas: } \sigma_g^2 = \frac{QMG - QME}{nr}$$

$$\text{Variância ambiental entre parcelas: } \sigma_e^2 = \frac{QME - QMD}{n}$$

Variância genética dentro de família ou entre planta dentro da parcela:  $\sigma_d^2 =$   
QMD

### 3.4 ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

Foram necessárias as estimativas dos parâmetros abaixo, para uso nos esquemas de seleção utilizados.

#### 3.4.1 Coeficiente de herdabilidade

Foram estimados os coeficientes de herdabilidades em níveis de plantas individuais dentro de família e em nível de média de famílias, conforme Cruz et al. (2014):

Coeficiente de herdabilidade em nível de famílias (seleção entre médias de famílias):  $h_{\text{entre}}^2 = \frac{\sigma_g^2}{QMG/nb}$

Coeficiente de herdabilidade em nível de plantas individuais (seleção entre plantas dentro de famílias):  $h_{dentro}^2 = \frac{\sigma_g^2}{QMD}$

Coeficiente de herdabilidade em nível de plantas individuais (seleção de plantas dentro de cada bloco - seleção massal estratificada):  $h_b^2 = \frac{(1/\theta)\sigma_g^2}{\hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_g^2}$

Coeficiente de herdabilidade em nível de plantas individuais (seleção de plantas dentro do experimento - seleção massal simples):  $h_b^2 = \frac{(1/\theta)\sigma_g^2}{\hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2}$

### 3.4.2 Ganhos por seleção

Os ganhos por seleção foram estimados, considerando 11 progênies de família S<sub>1</sub> e duas intensidades de seleção, sendo a primeira de 80% entre e 50% dentro e a segunda de 50% entre e 25% dentro das progênies para todas as características avaliadas. Todas as características foram selecionadas no sentido positivo, ou seja, com intuito de obter acréscimo em suas médias originais. Os ganhos por seleção foram estimados por meio de dois métodos, de acordo com Cruz et al., 2014.

#### 3.4.2.1 Seleção entre e dentro

Foram estimados os ganhos por seleção entre e dentro conforme Cruz et al. (2014), por meio de dois métodos, o Método 1 leva em consideração o diferencial de seleção e o Método 2 onde se utiliza a intensidade de seleção.

##### 3.4.2.1.1 Ganho por seleção entre famílias:

$$\text{Método 1: } GS_e = h_m^2 DS \text{ e } GS_e(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0};$$

em que  $GS_e$  é o ganho por seleção entre;  $h_m^2$  é a herdabilidade em nível de média de famílias;  $DS = X_s - X_o$ : diferencial de seleção e  $X_o$  e  $X_s$ : média original e média dos indivíduos selecionados.

$$\text{Método 2: } GS_e = ih_m^2 \hat{\sigma}_g \text{ e } GS_e(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0};$$

em que  $i$  = intensidade de seleção praticada entre famílias;  $\hat{\sigma}_g$  = desvio padrão genético obtido a partir da variação entre médias de famílias.

#### 3.4.2.1.2 Ganho por seleção dentro de famílias:

$$\text{Método 1: } GS_d = h_d^2 DS_m \text{ e } GS_d(\%) = \frac{100GS_d}{\bar{X}_0};$$

em que  $GS_d$ : ganho por seleção dentro;  $h_d^2$ : herdabilidade em nível de parcela (entre plantas dentro de famílias);  $DS_m$ : Diferencial de seleção médio dentro das várias parcelas das famílias selecionadas.

$$\text{Método 2: } GS_d = i_d h_d \hat{\sigma}_{gd} \text{ e } GS_d(\%) = \frac{100GS_d}{\bar{X}_0};$$

em que  $i_d$ : intensidade de seleção praticada entre indivíduos dentro de famílias; e  $\hat{\sigma}_{gd}$ : desvio-padrão genético obtido a partir da variação entre indivíduos dentro de famílias.

#### 3.4.2.1.3 Ganho por seleção entre e dentro de famílias

$$GS_{ed} = GS_e + GS_d$$

#### 3.4.2.2 Seleção massal simples

$$\text{Método 1: } GS_m = h_e^2 DS \text{ e } GS_m(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0};$$

em que:  $GS_m$ : ganho por seleção massal;  $h_e^2$ : herdabilidade em nível de indivíduos dentro do experimento;  $DS = X_s - X_o$ : diferencial de seleção; e  $X_o$  e  $X_s$ : média original e média dos indivíduos selecionados.

$$\text{Método 2: } GS_m = i h_e^2 \hat{\sigma}_g \text{ e } GS_m(\%) = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0};$$

em que  $i$ : intensidade de seleção praticada entre indivíduos no experimento; e  $\hat{\sigma}_g$ : desvio-padrão genético obtido a partir da variação entre indivíduos.

#### 3.4.2.3 Seleção massal estratificada

$$\text{Método 1: } GS_{me} = h_b^2 DS \text{ e } GS_{me}(\%) = \frac{100GS_{me}}{\bar{X}_0};$$

em que  $GS_{me}$ : ganho por seleção massal estratificada;  $h_b^2$ : herdabilidade em nível de indivíduos dentro do bloco;  $DS = DS = X_s - X_o$ : diferencial de seleção; e  $X_o$  e  $X_s$ : média original e média dos indivíduos selecionados.

$$\text{Método 2: } GS_{me} = i h_b^2 \hat{\sigma}_g \text{ e } GS_{me}(\%) = \frac{100GS_{me}}{\bar{X}_0};$$

em que  $i$ : intensidade de seleção praticada entre indivíduos dentro de cada bloco no experimento; e  $\hat{\sigma}_g$ : desvio padrão genético obtido a partir da variação entre indivíduos.

#### 3.4.2.1.4 Seleção combinada

Adotou-se o índice:

$$G_{ijk} = \beta_i (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + \beta_f (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}),$$

em que,  $G_{ijk}$  = preditor do valor genético do indivíduo;  $\beta_i$  = peso do valor fenotípico individual, no índice e  $\beta_f$  = peso do valor fenotípico da média da progênie no índice.

Os ganhos por seleção baseados no índice, são estimados por dois métodos, sendo:

Método 1:  $GS = DS_i$ ,

em que  $DS_i$  = Diferencial de seleção baseado no índice combinado; ou seja:  $DS_i = \bar{I}_s - \bar{I}$ ; em que  $\bar{I}_s$ : valor médio do índice, considerando apenas indivíduos selecionados; e  $\bar{I}$ : valor médio do índice (igual à zero, para os índices considerados na análise).

Método 2:  $GS = i r_{HI} \hat{\sigma}_a$ ,

em que  $i$ : intensidade de seleção praticada entre os indivíduos, tendo como critério o índice combinado;  $r_{HI}$ : correlação entre o agregado e o índice de seleção; e  $\hat{\sigma}_a$ : desvio-padrão genético aditivo.

#### 3.4.3 Coeficientes de variação

Os coeficientes de variação foram estimados de acordo com Vencovsky; Barriga (1992):

Coeficiente de variação experimental:  $CV_{exp} \% = CV_1 = \frac{100\sqrt{QME/n}}{\hat{m}}$

Coeficiente de variação genética entre famílias:  $CV_{ge} \% = CV_3 = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{gm}^2}}{\hat{m}}$

Coeficiente de variação genética dentro de famílias:  $CV_{gd} \% = CV_4 = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{gd}^2}}{\hat{m}}$

Coeficiente de variação ambiental:  $CV_e \% = CV_2 = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{ee}^2}}{\hat{m}}$

em que  $\hat{m}$  é a média geral do experimento.

Razão entre o coeficiente de variação genético e experimental (Valor b)

Entre:  $CV_{ge}/CV_e = CV_3/CV_2$

Dentro:  $CV_{gd}/CV_e = CV_4/CV_2$

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIA

Na Tabela 2 é apresentado o resumo da análise de variância, cujos resultados revelam a existência de diferenças significativas entre as progênes avaliadas para todas as características, pelo teste F ao nível de 1% de probabilidade. Situação desejada na seleção de caracteres visando melhoramento vegetal, pois indica a existência de variabilidade genética entre as progênes e possibilidade de ganhos genéticos com a seleção nesta população.

Variabilidade também já confirmadas por outros autores ao estudar populações de caupi tradicionais do Estado (SANTOS et al., 2013; OLIVEIRA et al., 2013; NASCIMENTO, 2016; SOUZA, 2016; MENDONÇA, 2016). Visto que a variabilidade é condição essencial para o estabelecimento de um programa de melhoramento. Essas informações reforçam a existência de ampla variabilidade em variedades tradicionais de caupi no Acre permitindo a seleção de genótipos superiores.

O coeficiente de variação experimental (CV%) apresentou valores baixos, variando de 1,823 para número de grãos por vagem (NGV) à 5,448 para massa de cem grãos (MCG), admitindo-se a qualidade e confiabilidade dos dados experimentais, conforme observado na Tabela 2. Silva (2011) e Silva (2014) ao avaliar genótipos de caupi, também encontraram baixos valores de CV% para comprimento de vagens (CMV) e MCG com valores de 5,37 e 3,18 respectivamente. As médias dos caracteres observados também estão de acordo com os encontrados por estes autores para a cultura, com médias de 19,98 e 17 para CMV e 17,7 e 21 para MCG respectivamente.

Tabela 2 - Resumo da análise de variância para os caracteres avaliados em progênie de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019

FV	QM							
	NGV	PV	CMV	MCG	NL	CS	LS	ES
Blocos	0,91	43,84	10,24	3,135	0,582	0,338	0,491	0,519
Famílias	1,96 <sup>ns</sup>	1156,407 <sup>**</sup>	130,083 <sup>**</sup>	224,136 <sup>**</sup>	1,247 <sup>ns</sup>	16,713 <sup>**</sup>	5,832 <sup>**</sup>	3,607 <sup>**</sup>
Entre	0,469	9,272	1,120	3,006	0,222	0,323	0,220	0,102
Dentro	0,709	6,894	0,921	2,345	0,596	0,184	0,735	0,074
Média	16,8	32,159	18,292	14,232	16,946	7,520	5,610	4,561
CV (%)	1,823	4,234	2,587	5,448	1,243	3,381	3,741	3,135

Número de Grãos por Vagem (NGV), Peso de Vagem (PV), Comprimento Médio de Vagem (CMV), Massa de 100 Grãos (MCG), Número de Locos (NL), Comprimento de Semente (CS), Largura de Semente (LS) e Espessura de Semente (ES); FV = Fonte de Variação; CV(%) = Coeficiente de Variação; QM = Quadrado Médio; ns: Não Significativo; \*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

## 4.2 ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental, por permitir identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos. Também para avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para a obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada. São obtidas a partir da análise de variância dos dados, feita conforme determinado delineamento genético e experimental (CRUZ et al., 2014).

### 4.2.1 Estimativas das variâncias genética, fenotípica e ambiental

A fim de realizar as análises entre as famílias foram utilizados os valores individuais de cada progênie avaliada. As estimativas dos parâmetros genéticos referentes aos caracteres avaliados apresentam-se na Tabela 3.

As variâncias genéticas entre as famílias ( $\sigma_{ge}^2$ ) se apresentaram maiores que dentro das famílias ( $\sigma_{gd}^2$ ), para a maioria dos caracteres avaliados. Este fato indica que a seleção deve ser mais eficiente entre as famílias que dentro delas. As maiores variabilidades foram encontradas para peso de vagem e massa de sem grãos com 114,713 e 22,113 respectivamente refletindo em maior probabilidade de sucesso com a seleção para esses caracteres (Tabela 3).

Tabela 3 - Estimativas das variâncias genética entre médias de famílias ( $\sigma_{ge}^2$ ), genotípica dentro de famílias ( $\sigma_{gd}^2$ ), fenotípica dentro de família ( $\sigma_{fd}^2$ ), fenotípica total ( $\sigma_f^2$ ), em virtude do efeito do bloco ( $\sigma_b^2$ ), e ambiental entre as parcelas ( $\sigma_{ee}^2$ ), estimados para os caracteres em estudo de progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019

Parâmetro	Variável							
	NGV	PV	CMV	MCG	NL	CS	LS	ES
$\sigma_b^2$	0,008	0,628	0,166	0,002	0,007	0,002	0,005	-0,001
$\sigma_{ge}^2$	0,149	114,713	12,896	22,113	0,103	1,639	0,561	0,351
$\sigma_{gd}^2$	0,746	57,357	6,448	11,057	0,513	0,819	0,281	0,175
$\sigma_{fd}^2$	0,709	6,894	0,921	2,345	0,595	0,184	0,735	0,736
$\sigma_{ee}^2$	-0,048	0,476	0,398	0,132	-0,747	0,028	0,294	0,006
$\sigma_f^2$	0,818	122,711	14,023	24,592	0,630	1,851	0,669	0,429

Número de Grãos por Vagem (NGV), Peso de Vagem (PV), Comprimento Médio de Vagem (CMV), Massa de 100 Grãos (MCG), Número de Locos (NL), Comprimento de Semente (CS), Largura de Semente (LS) e Espessura de Semente (ES).

Espera-se que a seleção combinada, que explora o desempenho individual e de família que esta variabilidade existente entre e dentro das famílias seja explorada de forma mais eficiente.

Segundo Borém et al. (2017), a variabilidade genética na população modifica-se com as gerações de autofecundação a variância entre linhas é maior que a variância genética dentro das linhas. A seleção entre fileiras é mais eficiente do que dentro, onde a variabilidade genética é menor. Com o avanço das gerações, a variabilidade genética aditiva é gradativamente exaurida dentro das linhas, e a seleção dentro destas se torna mais ineficiente. A seleção dentro de se justifica nas primeiras gerações de autofecundação, como é o caso, quando a variação genética é ainda razoável.

As variâncias de bloco ( $\sigma_b^2$ ) e ambiental ( $\sigma_{ee}^2$ ), apresentaram baixos valores, com baixa influência de efeito dos blocos e boa eficiência em termos de precisão experimental.

#### 4.2.2 Estimativas de herdabilidade

Em geral, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de média de progênies apresentaram altas magnitudes chegando a valores de 0,99 para PV, CMV e MCG, conforme a Tabela 4. Resultado que sugere alto controle genético para esses caracteres, e grande possibilidade de se obter progressos genéticos com a seleção das melhores progênies, com base na média de famílias.

Tabela 4 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de médias de famílias ( $h_m^2$ ), de indivíduos dentro de famílias ( $h_d^2$ ), de indivíduos no experimento ( $h_e^2$ ) e no bloco ( $h_b^2$ ), estimados para variáveis em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019

Coeficiente de Herdabilidade	Variável							
	NGV	PV	CMV	MCG	NL	CS	LS	ES
$h_m^2$	0,76	0,99	0,99	0,99	0,82	0,98	0,96	0,97
$h_d^2$	0,11	8,32	7,00	4,71	0,07	4,45	3,90	2,38
$h_b^2$	0,26	1,41	1,40	1,35	0,22	1,33	1,27	1,22
$h_e^2$	0,26	1,40	1,38	1,35	0,29	3,38	1,26	1,22

Número de grãos por Vagem (NGV), Peso de Vagem (PV), Comprimento Médio de Vagem (CMV), Massa de 100 Grãos (MCG), Número de Locos (NL), Comprimento de Semente (CS), Largura de Semente (LS) e Espessura de Semente (ES).

As herdabilidades dentro das famílias se apresentaram acima de 1 para todos os caracteres, que pode ser explicado pela grande variação genotípica entre as famílias e baixa variação fenotípica dentro das famílias exceto para NG e NL, que apresentaram comportamento inverso aos demais caracteres, apresentando maior variação dentro das famílias. Para indivíduos no experimento e no bloco apresentaram valores próximos, o que indica a pouca influência de efeito de bloco nos valores observados e possibilita maior eficiência dos procedimentos de seleção entre e dentro e/ou combinada (BHERING, 2013).

Conforme Ferreira (2006), os valores do coeficiente de herdabilidade influenciam diretamente na escolha dos processos de seleção a ser utilizados, quanto menor o coeficiente de herdabilidade do caráter maior deverá ser a porcentagem de plantas a serem selecionadas numa população segregante ou com alta variabilidade, em decorrência da dificuldade de se reconhecer as plantas superiores. Importante lembrar ainda que o coeficiente de herdabilidade não é uma propriedade do caráter, mas da população e das condições ambientais a que foram submetidos os indivíduos da população, não sendo imutável, podendo ser afetado pela introdução ou redução da variabilidade assim como mudanças no ambiente.

#### 4.2.3 Estimativas dos coeficientes de variação

Na tabela 5, são apresentados os coeficientes de variação genético e ambiental, bem como a relação  $CV_g/CV_e$ , dos caracteres estudados. O coeficiente de variação

genética  $CV_g\%$ , é utilizado para comparar a variabilidade genética expressa em cada caráter (RESENDE, 2000), sendo altos valores desejáveis para fins de seleção.

O  $CV_g$  entre as famílias foi sempre maior que o  $CV_g$  dentro, corroborando que a obtenção de ganhos genéticos a seleção deve depender preferencialmente de famílias e não dos indivíduos dentro de famílias. Para todos os caracteres os valores se apresentaram acima de 5% o que de acordo com Silva et al. (2013), indica existência de variabilidade. Os maiores valores de  $CV_g$  foram para PV (33,31), MCG (33,04) e CMV (19,63), com maior probabilidade de sucesso com a seleção para estes caracteres, com a inclusão dos genótipos avaliados em novos ciclos de seleção. Para os caracteres de NG e NL, as variâncias foram menores que 5%. Nesse caso, é necessário, para seleção desses caracteres, a introdução de variabilidade genética à população de estudo.

Com exceção das variáveis número de grãos por vagem e número de locos, as variáveis apresentaram valores superiores a 1 para a relação  $CV_g/CV_e$ , o que indica que a variância genética supera a variância ambiental, situação favorável à seleção e indicador da possibilidade de ganho genético com a seleção (VENCOVSKY, 1987; CRUZ et al., 2005).

Tabela 5 - Estimativas dos coeficientes de variação genético entre famílias ( $CV_{ge}$ ), genético dentro de família ( $CV_{gd}$ ), ambiental ( $CV_e$ ), e da relação entre os coeficientes de variação genéticos entre família e ambiental ( $CV_{ge}/CV_e$ ), e entre os coeficientes de variação dentro de família e ambiental ( $CV_{gd}/CV_e$ ), para caracteres de progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019

Coeficiente de Variação	Variável							
	NGV	PV	CMV	MCG	NL	CS	LS	ES
$CV_{ge}$	2,30	33,31	19,63	33,04	1,89	17,03	13,35	12,98
$CV_{gd}$	1,63	23,55	13,88	23,37	1,34	12,04	9,44	9,18
$CV_e$	0	2,15	1,09	2,55	0	2,22	3,05	1,66
$CV_{ge}/CV_e$	0	15,53	18,01	12,94	0	7,68	4,37	7,81
$CV_{gd}/CV_e$	0	10,98	12,73	9,15	0	5,43	3,09	5,53

Número de Grãos por Vagem (NGV), Peso de Vagem (PV), Comprimento Médio de Vagem (CMV), Massa de 100 Grãos (MCG), Número de Locos (NL), Comprimento de Semente (CS), Largura de Semente (LS) e Espessura de Semente (ES).

### 4.3 GANHO POR SELEÇÃO

#### 4.3.1 Seleção entre e dentro

As Tabelas 6 e 7 apresentam dados da seleção entre, dentro e entre e dentro das famílias pelos métodos 1 que leva em consideração o diferencial de seleção e o 2 (que leva em consideração a intensidade de seleção para duas intensidades de seleção, de 80% entre e 50% dentro e 50% entre e 25% dentro das famílias avaliadas.

Os  $GS_e$  se apresentam sempre superiores aos  $GS_d$ , em todos os caracteres para ambos as intensidades de seleção praticadas, quando calculado pelo método 1, que leva em conta o diferencial de seleção, conforme Tabela 6.

Tabela 6 - Ganhos por seleção entre ( $GS_e$ ), dentro ( $GS_d$ ) e entre e dentro ( $GS_{ed}$ ) estimados pelo método 1 (diferencial de seleção) para caracteres de progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019

Intensidade de Seleção	Ganhos por seleção	Variável							
		NGV	PV	CMV	MCG	NL	CS	LS	ES
80% entre 50% dentro	$GS_e$ (%)	0,62	19,00	10,73	19,02	0,57	9,53	7,61	7,44
	$GS_d$ (%)	0,31	7,28	4,65	8,51	0,24	4,21	3,46	3,65
	$GS_{ed}$ (%)	0,93	26,28	15,38	27,53	0,81	13,64	11,07	11,09
50% entre 25% dentro	$GS_e$ (%)	1,72	23,67	15,89	21,82	1,33	12,31	8,45	8,03
	$GS_d$ (%)	0,39	9,17	6,77	15,82	0,29	6,08	4,07	3,66
	$GS_{ed}$ (%)	2,11	32,84	22,66	37,64	1,62	18,39	12,52	11,69

Número de Grãos por Vagem (NGV), Peso de Vagem (PV), Comprimento Médio de Vagem (CMV), Massa de 100 Grãos (MCG), Número de Locos (NL), Comprimento de Semente (CS), Largura de Semente (LS) e Espessura de Semente (ES).

Para os ganhos estimados pelo método 2, que leva em consideração a intensidade da seleção, notamos uma inversão nos valores. Os  $GS_d$  passam a ser maiores para todos os caracteres exceto para NGV e NL, para as duas intensidades praticadas. De acordo com o encontrado por Martins (2005), comparando métodos de seleção em eucalipto, reflexo da herdabilidade dentro ter sido maior que as herdabilidade média das famílias, o que explica o ganho por seleção dentro para esses caracteres tenham sido maiores.

Tabela 7- Ganhos por seleção entre ( $GS_e$ ), dentro ( $GS_d$ ) e entre e dentro ( $GS_{ed}$ ) estimados pelo método 2 (intensidade de seleção) para caracteres de progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco-Acre, 2019

Intensidade de Seleção	Ganhos por seleção	Variável							
		NGV	PV	CMV	MCG	NL	CS	LS	ES
80% entre	$GS_e$ (%)	0,70	11,61	6,84	11,49	0,60	5,90	4,58	4,48
	$GS_d$ (%)	0,42	18,79	11,08	18,64	0,31	9,60	7,53	7,32
	$GS_{ed}$ (%)	1,12	30,40	17,92	30,13	0,91	15,50	12,11	11,80
50% entre	$GS_e$ (%)	1,60	26,47	15,60	26,19	1,36	13,45	10,45	10,21
	$GS_d$ (%)	0,67	29,93	17,65	29,70	0,50	15,30	12,00	11,67
	$GS_{ed}$ (%)	2,27	56,40	33,25	55,89	1,86	28,75	22,45	21,88

Número de Grãos por Vagem (NGV), Peso de Vagem (PV), Comprimento Médio de Vagem (CMV), Massa de 100 Grãos (MCG), Número de Locos (NL), Comprimento de Semente (CS), Largura de Semente (LS) e Espessura de Semente (ES).

Ao comparar os ganhos através dos métodos 1 (diferencial de seleção) e Método 2 (intensidade de seleção), não há diferenças em magnitudes elevadas, mas o ganho pelo Método 1 (diferencial de seleção) de modo geral, foi mais efetivo para proceder maiores ganhos por seleção. Em conformidade com o encontrado por Lopes, 2019, em estudo realizado com arroz.

Quanto à intensidade de seleção, observa-se maiores ganhos entre e dentro para os dois cálculos de ganho, quando se pratica uma maior intensidade. Assim como observado por Martins 2001, ao praticar a seleção *Eucaliptus grandis* sob duas intensidades de seleção.

#### 4.3.2 Seleção massal simples e massal estratificada

Quanto aos ganhos referentes à seleção massal simples e massal estratificada, para as duas intensidades praticadas (tabela 8 e tabela 9), notamos ganhos positivos para todos os caracteres, superando os ganhos com a seleção entre e dentro para a intensidade de 80% entre e 50% dentro em ambos métodos de cálculo de seleção. Quando se pratica uma intensidade menor de 50% entre e 25% dentro, a seleção entre e dentro supera as seleções massal simples e massal estratificada, fato que pode ser explicado pela menor quantidade de famílias selecionadas nessa intensidade.

Com a estratificação espera-se que a seleção se torne mais eficiente visto o melhor controle do ambiente (GARDINER, 1961). Os valores de ganho por seleção com a seleção massal simples e massal estratificada foram semelhantes para todos os caracteres e situações avaliadas, isto sugere que a estratificação não surtiu o efeito esperado visto à boa qualidade dos dados experimentais e baixa influência do ambiente.

#### 4.3.3 Seleção combinada

As tabelas 8 e 9 apresentam os valores das estimativas do ganho por seleção, para os métodos de seleção entre e dentro, massal simples, massal estratificada e seleção combinada, com duas intensidades de seleção.

Tabela 8 - Estimativas de Ganhos por seleção para seleção combinada (GSC), massal simples (GSMS), massal estratificada (GSME) e entre e dentro (GS<sub>ed</sub>) e eficiência da seleção combinada em relação a entre e dentro (SC/SED) e número de famílias selecionadas, considerando uma intensidade de seleção de 80% entre as famílias e 50% dentro de cada família em variedades tradicionais em Rio Branco-Acre, 2019

Ganhos por seleção		Variável							
		NGV	PV	CMV	MCG	NL	CS	LS	ES
Método 1	GSC	3,86	39,99	27,52	34,83	3,13	22,20	13,56	12,68
	GS <sub>ed</sub>	0,93	26,28	15,38	27,53	0,81	13,64	11,07	11,09
Método 2	GSC	3,38	55,91	32,95	55,32	2,89	28,41	22,08	21,57
	GS <sub>ed</sub>	1,12	30,40	17,92	30,13	0,91	15,50	12,11	11,80
	GSMS	1,41	29,98	21,02	29,52	0,96	16,88	12,63	12,24
	GSME	1,42	29,60	20,24	29,40	0,97	16,82	12,38	12,10
Eficiência SC/SED	-	4,13	1,52	1,79	1,26	3,88	1,62	1,22	1,14

Número de Grãos por vagem (NGV), Peso de Vagem (PV), Comprimento Médio de Vagem (CMV), Massa de 100 Grãos (MCG), Número de Locos (NL), Comprimento de Semente (CS), Largura de Semente (LS) e Espessura de Semente (ES).

Tabela 9 - Estimativas de Ganhos por seleção para seleção combinada (GSC), massal simples (GSMS), massal estratificada (GSME) e entre e dentro (GS<sub>ed</sub>) e eficiência da seleção combinada em relação à entre e dentro (SC/SED) e número de famílias selecionadas considerando uma intensidade de seleção de 50% entre as famílias e 25% dentro po de cada família em variedades tradicionais em Rio Branco-Acre, 2019

Ganhos por seleção		Variável							
		NGV	PV	CMV	MCG	NL	CS	LS	ES
Método 1	GSC	5,43	44,86	29,21	40,81	5,49	24,57	13,94	13,43
	GS <sub>ed</sub>	2,11	32,84	22,66	37,64	1,62	18,39	12,52	11,69
Método 2	GSC	5,16	85,38	50,32	84,48	4,41	43,40	33,72	32,94
	GS <sub>ed</sub>	2,27	56,40	33,25	55,89	1,86	28,75	22,45	21,88
	GSMS	2,00	35,22	24,60	40,39	1,49	20,84	16,11	14,72
	GSME	2,02	34,41	24,53	40,34	1,50	20,44	15,58	14,43
Eficiência SC/SED	-	2,58	1,37	1,29	1,08	3,38	1,34	1,11	1,15

Número de Grãos por Vagem (NGV), Peso Vagem (PV), Comprimento Médio de Vagem (CMV), Massa de 100 Grãos (MCG), Número de Locos (NL), Comprimento de Semente (CS), Largura de Semente (LS) e Espessura de Semente (ES).

O processo de seleção combinada apresentou ganhos por seleção sempre superiores aos demais métodos de seleção independentemente do método de cálculo do ganho e intensidade de seleção praticados. Isto está em conformidade com outros estudos realizados (REIS et al., 2004; MARTINS et al., 2005; NEGREIROS, 2006; BHERING et al., 2013; ROSADO et al, 2009; CARVALHO, 2019 e LOPES, 2019).

A eficiência do processo de seleção combinada em comparação com os processos de seleção entre e dentro (SC/SED) foram significativos e sempre superiores a 1 unidade. Isto evidencia a superioridade da seleção combinada aos demais métodos empregados.

De acordo com Cruz et al. (2014), adotando-se a estratégia de seleção combinada, há um acréscimo no ganho a ser obtido com a seleção. Isso ocorre porque a seleção em um único estágio em que se considera simultaneamente o valor do indivíduo e os seus aparentados, permite inferir com maior acurácia o valor genético das unidades seletivas. Pela seleção combinada um maior número de indivíduos estaria representado na recombinação. Pode-se prever que além de proporcionar maior ganho por seleção, haverá maior tamanho efetivo na da população melhorada.

A seleção entre e dentro apresentou resultados semelhantes aqueles apresentados na seleção massal simples e massal estratificada, visto que a maior parte da variabilidade se encontra entre as famílias e não dentro delas.

Ganho maior se verifica com a porcentagem de seleção de 50% entre e 25% dentro para os dois métodos, atingindo maiores valores estimados para Método 2 para peso de vagem (85,38%) e massa de cem grãos de (84,48 %) (Tabela 9)

É possível notar que a eficiência da seleção pode ser incrementada pelo diferencial de seleção. Quando selecionamos uma menor quantidade de indivíduos (menor porcentagem), aumentamos a intensidade, selecionando indivíduos mais extremos, aumentando assim também o ganho com a seleção.

Utilizar a máxima intensidade poderia ser assim a melhor estratégia, aumentando assim o ganho com a seleção em seu nível mais elevado, há de se saber, porém que como a herdabilidade não atinge 100%, indivíduos extremos selecionados podem ter expressado seu valor por influência de fatores externos, o que não irá contribuir para constituição genética da geração seguinte e uma maior alteração da média é acompanhada de redução na variabilidade genética, diminuindo as chances de ganhos em novos ciclos de seleção de acordo com Cruz et al. (2014).

Temos que o número de famílias selecionadas segue uma ordem inversa aos ganhos com seleção para os métodos avaliados. Quando se aumenta a intensidade de seleção diminuimos a quantidade de indivíduos, selecionando-se os mais extremos, isso faz com que o diferencial de seleção aumente, aumentando assim também o ganho com a seleção.

Observa-se na Tabela 10, a quantidade de famílias selecionadas de acordo com os métodos de seleção e intensidades aplicadas. Utilizou-se a intensidade de seleção de 80% entre e 25% dentro de famílias, temos que para a SM e ME, observamos um maior número de família selecionadas variando de 5 à 10.

Tabela 10 - Número de famílias selecionadas para os métodos de seleção massal simples (SMS), Seleção Massal Estratificada (SME), Seleção Entre e Dentro (SED) e Seleção Combinada (SC) com duas intensidades de seleção para os caracteres avaliados em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco – Acre, 2019

Intensidade de Seleção	Métodos de seleção	Número de famílias selecionadas							
		NGV	PV	CMV	MCG	NL	CS	LS	ES
80% entre 50% dentro	SM	9	8	5	8	9	7	8	8
	SME	10	7	5	8	9	6	9	8
	SED				8				
	SC				4				
50% entre 25% dentro	SM	4	4	5	6	4	5	4	5
	SME	4	4	5	6	4	5	4	7
	SED				5				
	SC				1				

Número de Grãos por Vagem (NGV), Peso de Vagem (PV), Comprimento Médio de Vagem (CMV), Massa de 100 Grãos (MCG), Número de Locos (NL), Comprimento de Semente (CS), Largura de Semente (LS) e Espessura de Semente (ES).

O ganho obtido com a intensidade de 80% entre e 50% dentro, se mostra mais promissora, visto que apresenta valores de ganhos expressivos e mantendo ainda a variabilidade da população. Para essa porcentagem os ganhos variaram de médio para CMV, CS, LS, ES (32,95; 28,41; 22,08 e 21,57) e alto para PV e MCG (55,9 e 55,32), com boa possibilidade de ganho com a seleção desses caracteres. Para NGV e NL (3,38 e 2,89), o ganho apresenta baixo valor, refletindo em dificuldade na seleção, sendo necessário aumento da variabilidade na população sucesso com essas características.

A quantidade de genótipos participantes da seleção é pequeno e a seleção de uma quantidade reduzida de indivíduos nessa população poderia nos levar a uma diminuição significativa na variabilidade da população para os próximos ciclos, podendo colocar em risco o sucesso pretendido com a seleção.

Considerando a SED, esse número é constante e cai para 8 e com a seleção combinada 4 famílias. Com uma intensidade de 50% entre e 25% dentro, notamos uma queda brusca quanto a quantidade de famílias selecionadas, apresentando para as seleções massal simples e massal estratificada um total de 4 à 6, 5 famílias selecionadas para seleção entre e dentro e apenas 1 para seleção combinada.

O menor número de família na seleção entre e dentro e combinada está relacionada ao fato de que esses procedimentos tendem a favorecer famílias específicas com maior valor genotípico ou melhor desempenho, enquanto para as seleções massal simples e massal estratificada considera-se apenas o valor do indivíduo, elegendo assim um maior número de família e menor número de indivíduos por família. A seleção combinada mais uma vez a seleção combinada se mostra eficiente, com maiores ganhos por seleção e mantendo a mesma quantidade de indivíduos selecionados.

A escolha do método mais adequado, assim como da intensidade praticada na seleção vai depender do objetivo do melhorista com o programa de melhoramento. Uma alta intensidade proporciona ganhos rápidos com a seleção, mas deve ser visto com cautela, pois que a seleção de um pequeno número de famílias pode levar mais rapidamente a uma diminuição na variabilidade existente após os ciclos seletivos seguintes, colocando em risco o sucesso do programa com a seleção.

As famílias 5, 6, 7, 9 e 11 foram as que se destacaram e juntas apresentam ganhos para todos os caracteres avaliados, conforme observamos Quadro 3.

Quadro 3 - Indivíduos selecionados por família para seleção combinada com a intensidade de 80% entre e 50% dentro por caracteres avaliados em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco – Acre, 2019

Famílias	Bloco 1					Bloco 2				
	Planta 1	Planta 2	Planta 3	Planta 4	Planta 5	Planta 1	Planta 2	Planta 3	Planta 4	Planta 5
1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3	NGV NL	NGV NL	NL							
4	PV CMV	CS CMV								
5	PV CMV CS MCG ES	PV CMV CS MCG ES	PV CMV CS							
6	NGV PV CMV CS MCG ES									
7	LS	LS	-	-	-	-	-	-	-	-
8	NGV LS ES									
9	MCG LS ES									
10	NGV NL									
11	MCG PV LS CMV CS	MCG PV LS CMV CS	MCG PV LS							

MCG: massa de 100 grãos; CMV: Comprimento Médio de Vagem; NGV: Número de Grãos por Vagem; NL: número de locos; CS: comprimento de semente; LS: largura de semente; ES: espessura de semente.

## 5 CONCLUSÕES

As progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi avaliadas apresentam variabilidade genética para os caracteres: peso de vagem, comprimento médio de vagem, massa de cem grãos, comprimento, largura e espessura de sementes, o que permite a seleção de genótipos superiores;

As herdabilidades com base na média de famílias evidenciam alto controle genético e condições favoráveis para a seleção;

Os caracteres peso de vagem, massa de cem grãos e comprimento médio de vagem, apresentam altos valores de ganho, se mostrando promissores a seleção;

Os caracteres número de locos e número de grãos por vagem não apresentam variabilidade entre as variedades avaliadas, sendo necessária a introdução de variabilidade na população para ganhos por seleção com estes caracteres;

A seleção combinada proporciona estimativas de ganhos significativamente maiores que os demais métodos para todas as variáveis, independente da porcentagem de seleção e método de cálculo do ganho por seleção utilizados;

A porcentagem de seleção de 80% entre e 50% dentro das famílias mostrou-se a mais adequada por apresentar ganhos expressivos com maior número de indivíduos selecionados, o que diminui o risco de perda de variabilidade para os próximos ciclos de seleção;

As famílias 5, 6, 9 e 11 são as mais promissoras para seleção dos caracteres avaliados.

A seleção combinada é mais adequada do que outros métodos para melhoria rápida da espécie;

## REFERÊNCIAS

- ACQUAAH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. 2. ed. Maryland: Wiley-Blackwell, 2012. 740 p.
- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edfard Blucher, 1971. 381p.
- BARBOSA, M. V.; SOUZA, E. M. L. Biologia floral, ecologia da polinização e eficiência na produção de sementes de feijão massacar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) em sistemas agrícolas. **Gaia Scientia**, João Pessoa, v. 10, n. 4, p. 272-283, 2016.
- BENVINDO, R.N. et al. Avaliação de genótipos de feijão-caupi semi prostrado em cultivo de sequeiro e irrigado. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v.1, n.1, p. 23-28, 2010.
- BEZERRA, A. A. C. et al. Comportamento morfoagronômico de feijão-caupi cv. BRS Guariba, sob diferentes densidades de plantas. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 55, n. 3, p. 184-189, 2012.
- BHERING, L. L. et al. Differential response of *Jatropha* genotypes to different selection methods indicates that combined selection is more suited than other methods for rapid improvement of the species. **Industrial Crops and Products**, v. 41, p. 260-265, 2013.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSHE NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2017. 543 p.
- CARVALHO, L. M. de. et al. New scion-rootstock combinations for diversification of sweet orange orchards in tropical hard setting soils. **Scientia Horticulturae**, n. 243, p.169-176, 2019.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da Safra Brasileiro de Grãos**. Sétimo levantamento, Safra 2017/2018, Brasília, v.5, n.7, abril, 2018. Disponível em:<<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/>>. Acesso em: 03 fev. 2019.
- CORREA, A. M. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n.1, p. 88-94, jan/fev 2012.
- COSTA, F. de S.; AMARAL, E. F. do; BUTZKE, A. G.; **Inventário de emissões antrópicas e sumidouros de gases de efeito estufa do estado do Acre** ano base 2010. Rio Branco. Emrapa Acre, 2012. 114 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.
- CRUZ, C. D; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol. 2. Viçosa: UFV, 2003.
- CRUZ, C. D; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol. 2. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006.

FILHO, F. R. F. et al. **Feijão-caupi no Brasil: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2016.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO). Base de dados FAO Stat. Disponível em: < <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: 03 fev. 2019.

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

FROTA, K. de M. G.; SOARES, R. A. M.; ARÊAS, J. A. G. Composição química do feijão-caupi (*Vigna unguiculata L. Walp*), cultivar BRS-Milênio. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v. 28, n. 2, p. 211-217, abr/jun. 2008.

GARDINER, C. O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**, p. 124-245. 1961.

GOMES, L. P. et al. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi por meio de análise Multivariada. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI (CONAC), 5, 2016, Sorriso. **Resumos...** Brasília: Embrapa, 2016.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Censo Agropecuário 2017. Resultados preliminares agricultura. Disponível em: <[https://censoagro2017.ibge.gov.br/templates/censo\\_agro/resultadosagro/agricultura.html?localidade=0&tema=76464](https://censoagro2017.ibge.gov.br/templates/censo_agro/resultadosagro/agricultura.html?localidade=0&tema=76464)>. Acesso em: 18 de março de 2019.

LERNER, I.M. **The Genetics Basis of Selection**. S.l.: Greenwwod Press, p.298, 1977.

LIMA, L. R. L. **Cruzamentos dialélicos para resistência a *Macrophomina phaseolina* e a *Thanatephorus cucumeris* em feijão-caupi**. Teresina, 2015. Originalmente apresentado como dissertação de mestrado, Universidade Federal do Piauí, 2015.

LIMA, S. R. **Diversidade entre variedades crioulas de feijão-caupi do Acre**. Rio Branco, 2016. Originalmente apresentado como dissertação de mestrado, Universidade Federal do Acre, Rio Branco, 2016.

LOPES, Jennifer L. **Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes do cruzamento entre BRS Querência x BRS Bojuru em arroz irrigado**. 2019. 103f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2019.

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

MARINHO, J. T. de S.; PEREIRA, R. C. de A.; COSTA, J. G.da. **Caracterização de cultivares de caupi (*Vigna unguiculata (L.) Walp*), em plantios no Acre**. Rio Branco: Embrapa Acre, 2001.13 p.

MARINHO, J. T. S. de; COSTA, J. G. da; PEREIRA, R. de C. A.; CUNHA, E. T. **Seleção massal na população de feijoeiro comum (*phaseolusvulgaris l*) "carioca pitôco" em Rio Branco-Acre**. Rio Branco: Embrapa-CPAFAC, 1997.

- MARTINS, I. S. et al. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênes de *eucalyptus grandis*. **Cerne**, Lavras, v. 11, n. 1, p. 16-24, jan./mar. 2005.
- MARTINS, I. S.; MARTINS, R. D. C. C.; CORREIA, H. D. S. Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. **Floresta e Ambiente**, Rio de Janeiro, v. 8, n.1, p.36 - 43, jan./dez. 2001.
- MARTINS, M. M. M. Nutrientes (K, P, Ca, Na, Mg, e Fe) em sedimentos (Solos aluviais) e cultivares (Feijão e Milho) de praias e barrancos de rios de água branca: A bacia do Purus no estado do Acre, Brasil. **Química Nova**, São Paulo, v. 32, n. 6, p. 1411-1415, 2009.
- MATOSO, A. O. **Época de semeadura e população de plantas para cultivares de feijão-caupi no outono-inverno em Botucatu-SP**. Botucatu, 2014. Originalmente apresentado como tese de doutorado, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2014.
- MENDONÇA, M. S. de. et al. Parâmetros genéticos em genótipos do feijão-caupi de porte semi-prostado em Rio Branco, AC. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI (CONAC), 5, 2016, Sorriso. **Resumos...** Brasília: Embrapa, 2016.
- NASCIMENTO, F. S. do. et al. Contribuição relativa de caracteres para diversidade de Feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) tradicionais do Acre. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI (CONAC), 5, 2016, Sorriso. **Resumos...** Brasília: Embrapa, 2016.
- NEGREIROS, J. R. da S. **Seleção combinada, massal e entre e dentro, análise de trilha e repetibilidade em progênes de meios-irmãos de maracujazeiros (*Passiflora edulis f. flavicarpa*)**. Viçosa, 2006. Originalmente apresentado como tese de doutorado, Universidade Federal de Viçosa, 2016.
- NUNES, R. DE P.; **Métodos para a pesquisa agrônômica**. Fortaleza: UFC, 1998. 564 p.
- OLIVEIRA, D. R. de. et al. Variabilidade de variedades tradicionais de feijão-caupi do Acre. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI (CONAC), 3, 2013, Recife. **Anais...** Recife: Instituto Agrônômico de Pernambuco, 2013.
- OLIVEIRA, E. et al. Descrição de cultivares locais de feijão-caupi coletados na microrregião Cruzeiro do Sul, Acre, Brasil. **Acta Amazônica**, Manaus, v. 45, n. 5, p. 243-254, 2015.
- OLIVEIRA, J. T. S. **Seleção de genótipos tradicionais e melhorados de feijão caupi adaptados à região semi-árida piauiense**. Teresina, 2008. Originalmente apresentado como dissertação de mestrado, Universidade Federal do Piauí, 2008.
- OLIVEIRA, R. M. de M. et al. Seleção em feijão-caupi visando obtenção de linhagens extraprecoces. **Revista Nativa**, Sinop, v.5, n.4, p.250-256, jul./ago. 2017.
- PIERCE, B. A.; **Genética: um enfoque conceitual**. Tradução Paulo A. Motta. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013. 774 p.
- PIRES C. V. et al. Composição físico-química de diferentes cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Alimentos Nutritivos**, v. 16, n. 2, p 157- 162, abr./ jun, 2005.

- POTTORF, M. et al. Leaf morphology in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp]: QTL analysis, physical mapping and indentifying a candidate gene using synteny with model legume species. **BMC Genomics**, v. 13, n. 234, p. 1-13, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos.; PINTO, C. A. B. P. Genética na agropecuária. Lavras: UFLA, 2004. p.3267.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. 7 ed. São Paulo: Editora Globo. Lavras: Fundação de Apoio ao Ensino, Pesquisa e Extensão, 2000. 359 p.
- RAMALHO, M.A.P.; VENCOVSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. **Ciência e Prática**, Lavras, v.2, n.2, p.117-140, 1978.
- REIS, E. F. dos; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.34, n.3, p.685-692, maio/jun, 2004.
- RIBEIRO, E. A. C. **Farinha de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) na nutrição de juvenis de tambaqui (*Colosso mamacropomum*)**. Manaus, 2012. Originalmente apresentado como dissertação de mestrado, Universidade Nilton Lins, Manaus, 2012.
- ROCHA, M de M. et al. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi do tegumento branco. **Revista Científica Rural**, Bagé, v. 8, n. 2, p. 135-141. 2003.
- ROSADO, A. M. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.12, p.1653-1659, dez. 2009.
- SANTOS, C. A. F.; SANTOS, G. M. Correlações fenotípicas em dois cruzamentos de feijão-caupi nas gerações F2, F3, F4 e F5. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 22, n. 2, jul. 2004.
- SANTOS, V. B. dos; COSTA, K. B. A. da; MARINHO, J. T.; SIVIERO A.; PEREIRA, A. A. A.; Nascimento, F. S. S. Dissimilaridade de variedades tradicionais de feijão-caupi do acre por variáveis multicategóricas. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI (CONAC), 5, 2016, Sorriso. **Resumos...** Brasília: Embrapa, 2016.
- SANTOS, C.A.F.; MENEZES, E.A.; ARAÚJO, F.P. Divergência genética de feijão-de-corda avaliados em dois ambientes. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 44, n. 251, p. 35 - 42, 1997.
- SHING, B.B. Recent progress in cowpea genetics and breeding. **Acta Horticulture**, n. 752 p. 69-75, 2007.
- SILVA, A. C. et al. Estimativa de parâmetros genéticos em *Vigna unguiculata*. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 37, n.4, p. 399-407, 2014.
- SILVA, J. A. L. D.; NEVES, J. A. Componentes de produção e suas correlações em genótipos de feijão-caupi em cultivos de sequeiro e irrigado. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 42, n. 3, p. 702-713, 2011.

SIVIERO, A.; SANTOS, V. B. dos S.; SANTOS, R. C. dos S.; MARINHO, J. T. de S. Caracterização dos principais locais de feijão comum e caupi do Acre. In: MATTAR, L. P. OLIVEIRA, E. de; SANTOS, R. C. dos; SIVIERO, A. (Ed). **Feijões do Vale Juruá**. Rio Branco: IFAC, 2017. cap 5., p. 129-165.

SOUZA, M. S. S. **Variabilidade morfoagronômica de variedades tradicionais de feijão-caupi do Acre**. Rio Branco, 2016. Originalmente apresentado como dissertação de mestrado, Universidade Federal do Acre, Rio Branco, 2016.

VENCOSVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de genética, 1992. 406 p.

VIJAYKUMAR, A.; SAINI, A.; JAWALI, N. Phylogenetic analysis of subgenus *Vigna species* using nuclear ribosomal RNA ITS: Evidence of Hybridization among *Vigna unguiculata* subspecies. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 101, n. 2, p. 177-188, 2010.

**APÊNDICES**

**APÊNDICE A** - Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável peso de vagem.

N°	REP	FAM	PLT	Valor fenotípico	Valor genotípico	V.Gen Acumulado	Ganho	Ganho(%)
1	1	6	1	40,49	14,42725	14,42725	14,42725	44,86213
2	1	6	2	39,08	14,42725	28,85451	14,42725	44,86213
3	1	6	3	37,98	14,42725	43,28176	14,42725	44,86213
4	1	6	4	41,21	14,42725	57,70901	14,42725	44,86213
5	1	6	5	42,3	14,42725	72,13627	14,42725	44,86213
6	2	6	1	42,83	14,42725	86,56352	14,42725	44,86213
7	2	6	2	44,77	14,42725	100,99077	14,42725	44,86213
8	2	6	3	42,86	14,42725	115,41803	14,42725	44,86213
9	2	6	4	43,43	14,42725	129,84528	14,42725	44,86213
10	2	6	5	43,6	14,42725	144,27253	14,42725	44,86213
11	1	11	1	41,79	12,55836	156,83089	14,25735	44,33382
12	1	11	2	39,8	12,55836	169,38925	14,11577	43,89356
13	1	11	3	40,53	12,55836	181,94761	13,99597	43,52104
14	1	11	4	40,27	12,55836	194,50597	13,89328	43,20173
15	1	11	5	38,23	12,55836	207,06433	13,80429	42,925
16	2	11	1	41,0	12,55836	219,62269	13,72642	42,68285
17	2	11	2	39,81	12,55836	232,18105	13,65771	42,4692
18	2	11	3	42,99	12,55836	244,73941	13,59663	42,27928
19	2	11	4	40,92	12,55836	257,29776	13,54199	42,10936
20	2	11	5	40,65	12,55836	269,85612	13,49281	41,95643
21	1	5	1	44,71	12,31582	282,17194	13,43676	41,78215
22	1	5	2	42,3	12,31582	294,48776	13,38581	41,62371
23	1	5	3	40,2	12,31582	306,80358	13,33929	41,47905
24	1	5	4	41,78	12,31582	319,1194	13,29664	41,34645
25	1	5	5	40,95	12,31582	331,43522	13,25741	41,22445
26	2	5	1	37,95	12,31582	343,75104	13,22119	41,11184
27	2	5	2	38,8	12,31582	356,06686	13,18766	41,00757
28	2	5	3	43,08	12,31582	368,38268	13,15652	40,91075
29	2	5	4	32,44	12,31582	380,6985	13,12753	40,8206
30	2	5	5	42,15	12,31582	393,01432	13,10048	40,73647
31	1	4	1	40,79	9,27887	402,29318	12,9772	40,35313
32	1	4	2	38,33	9,27887	411,57205	12,86163	39,99375

**APÊNDICE B** - Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Massa de 100 grãos

N°	REP	FAM	PLT	Valor fenotípico	Valor genotípico	V.Gen Acumulado	Ganho	Ganho(%)
1	1	11	1	18,93	5,80774	5,80774	5,80774	40,80895
2	1	11	2	16,61	5,80774	11,61549	5,80774	40,80895
3	1	11	3	15,55	5,80774	17,42323	5,80774	40,80895
4	1	11	4	17,52	5,80774	23,23098	5,80774	40,80895
5	1	11	5	19,52	5,80774	29,03872	5,80774	40,80895
6	2	11	1	21,3	5,80774	34,84647	5,80774	40,80895
7	2	11	2	16,72	5,80774	40,65421	5,80774	40,80895
8	2	11	3	17,8	5,80774	46,46195	5,80774	40,80895
9	2	11	4	18,97	5,80774	52,2697	5,80774	40,80895
10	2	11	5	18,64	5,80774	58,07744	5,80774	40,80895
11	1	9	1	17,78	4,58684	62,66428	5,69675	40,02905
12	1	9	2	16,9	4,58684	67,25112	5,60426	39,37914
13	1	9	3	16,38	4,58684	71,83796	5,526	38,82921
14	1	9	4	15,04	4,58684	76,4248	5,45891	38,35784
15	1	9	5	14,76	4,58684	81,01164	5,40078	37,94933
16	2	9	1	17,28	4,58684	85,59847	5,3499	37,59187
17	2	9	2	27,6	4,58684	90,18531	5,30502	37,27647
18	2	9	3	12,7	4,58684	94,77215	5,26512	36,99612
19	2	9	4	17,1	4,58684	99,35899	5,22942	36,74528
20	2	9	5	17,77	4,58684	103,94583	5,19729	36,51952
21	1	6	1	17,29	4,58388	108,52971	5,16808	36,31427
22	1	6	2	16,37	4,58388	113,11359	5,14153	36,12768
23	1	6	3	18,02	4,58388	117,69746	5,11728	35,95731
24	1	6	4	16,88	4,58388	122,28134	5,09506	35,80114
25	1	6	5	15,78	4,58388	126,86522	5,07461	35,65747
26	2	6	1	17,63	4,58388	131,4491	5,05573	35,52485
27	2	6	2	18,78	4,58388	136,03298	5,03826	35,40205
28	2	6	3	17,1	4,58388	140,61686	5,02203	35,28802
29	2	6	4	17,89	4,58388	145,20074	5,00692	35,18186
30	2	6	5	17,55	4,58388	149,78462	4,99282	35,08277
31	1	5	1	18,51	4,41073	154,19535	4,97404	34,95083
32	1	5	2	18,68	4,41073	158,60608	4,95644	34,82714

**APÊNDICE C** - Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Número de Grãos por Vagem

N	REP	FAM	PLT	Valor fenotípico	Valor genotípico	V.Gen Acumulado	Ganho	Ganho(%)
1	1	8	1	17,0	,9128	,9128	,9128	5,43334
2	1	8	2	18,0	,9128	1,8256	,9128	5,43334
3	1	8	3	18,0	,9128	2,7384	,9128	5,43334
4	1	8	4	18,0	,9128	3,65121	,9128	5,43334
5	1	8	5	17,0	,9128	4,56401	,9128	5,43334
6	2	8	1	18,0	,9128	5,47681	,9128	5,43334
7	2	8	2	18,0	,9128	6,38961	,9128	5,43334
8	2	8	3	17,0	,9128	7,30241	,9128	5,43334
9	2	8	4	17,0	,9128	8,21521	,9128	5,43334
10	2	8	5	18,0	,9128	9,12801	,9128	5,43334
11	1	10	1	17,0	,9128	10,04082	,9128	5,43334
12	1	10	2	17,0	,9128	10,95362	,9128	5,43334
13	1	10	3	18,0	,9128	11,86642	,9128	5,43334
14	1	10	4	17,0	,9128	12,77922	,9128	5,43334
15	1	10	5	17,0	,9128	13,69202	,9128	5,43334
16	2	10	1	18,0	,9128	14,60482	,9128	5,43334
17	2	10	2	18,0	,9128	15,51763	,9128	5,43334
18	2	10	3	18,0	,9128	16,43043	,9128	5,43334
19	2	10	4	18,0	,9128	17,34323	,9128	5,43334
20	2	10	5	18,0	,9128	18,25603	,9128	5,43334
21	1	6	1	17,0	,2282	18,48423	,8802	5,23929
22	1	6	2	16,0	,2282	18,71243	,85057	5,06289
23	1	6	3	17,0	,2282	18,94063	,82351	4,90182
24	1	6	4	17,0	,2282	19,16883	,7987	4,75417
25	1	6	5	18,0	,2282	19,39703	,77588	4,61834
26	2	6	1	18,0	,2282	19,62523	,75482	4,49296
27	2	6	2	17,0	,2282	19,85343	,73531	4,37686
28	2	6	3	16,0	,2282	20,08163	,7172	4,26905
29	2	6	4	17,0	,2282	20,30983	,70034	4,16868
30	2	6	5	17,0	,2282	20,53803	,6846	4,07501
31	1	3	1	17,0	,1141	20,65213	,6662	3,96546
32	1	3	2	17,0	,1141	20,76623	,64894	3,86277

**APÊNDICE D** - Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Comprimento de semente

N	REP	FAM	PLT	Valor fenotípico	Valor genotípico	V.Gen Acumulado	Ganho	Ganho(%)
1	1	4	1	9,1	1,84783	1,84783	1,84783	24,57276
2	1	4	2	9,0	1,84783	3,69565	1,84783	24,57276
3	1	4	3	9,12	1,84783	5,54348	1,84783	24,57276
4	1	4	4	8,5	1,84783	7,39131	1,84783	24,57276
5	1	4	5	8,49	1,84783	9,23913	1,84783	24,57276
6	2	4	1	8,52	1,84783	11,08696	1,84783	24,57276
7	2	4	2	8,85	1,84783	12,93479	1,84783	24,57276
8	2	4	3	8,79	1,84783	14,78262	1,84783	24,57276
9	2	4	4	8,73	1,84783	16,63044	1,84783	24,57276
10	2	4	5	8,66	1,84783	18,47827	1,84783	24,57276
11	1	5	1	8,69	1,74339	20,22166	1,83833	24,4465
12	1	5	2	9,22	1,74339	21,96504	1,83042	24,34128
13	1	5	3	8,63	1,74339	23,70843	1,82373	24,25225
14	1	5	4	8,54	1,74339	25,45182	1,81799	24,17594
15	1	5	5	9,11	1,74339	27,1952	1,81301	24,10981
16	2	5	1	8,41	1,74339	28,93859	1,80866	24,05194
17	2	5	2	8,32	1,74339	30,68198	1,80482	24,00088
18	2	5	3	8,86	1,74339	32,42537	1,80141	23,95549
19	2	5	4	8,37	1,74339	34,16875	1,79836	23,91488
20	2	5	5	8,9	1,74339	35,91214	1,79561	23,87833
21	1	6	1	9,06	1,51244	37,42458	1,78212	23,69902
22	1	6	2	8,14	1,51244	38,93702	1,76986	23,536
23	1	6	3	7,98	1,51244	40,44947	1,75867	23,38717
24	1	6	4	8,38	1,51244	41,96191	1,74841	23,25073
25	1	6	5	8,28	1,51244	43,47435	1,73897	23,12521
26	2	6	1	8,92	1,51244	44,98679	1,73026	23,00935
27	2	6	2	8,92	1,51244	46,49923	1,72219	22,90207
28	2	6	3	8,67	1,51244	48,01168	1,7147	22,80245
29	2	6	4	8,34	1,51244	49,52412	1,70773	22,7097
30	2	6	5	8,79	1,51244	51,03656	1,70122	22,62314
31	1	11	1	8,46	1,19765	52,23421	1,68497	22,40712
32	1	11	2	9,42	1,19765	53,43186	1,66975	22,2046

**APÊNDICE E** - Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Largura de semente

N	REP	FAM	PLT	Valor fenotípico	Valor genotípico	.Gen Acumulado	Ganho	Ganho(%)
1	1	8	1	6,25	,78217	,78217	,78217	13,9422
2	1	8	2	6,16	,78217	1,56434	,78217	13,9422
3	1	8	3	6,26	,78217	2,34651	,78217	13,9422
4	1	8	4	6,18	,78217	3,12868	,78217	13,9422
5	1	8	5	6,18	,78217	3,91085	,78217	13,9422
6	2	8	1	6,18	,78217	4,69302	,78217	13,9422
7	2	8	2	6,21	,78217	5,47519	,78217	13,9422
8	2	8	3	6,09	,78217	6,25736	,78217	13,9422
9	2	8	4	5,97	,78217	7,03953	,78217	13,9422
10	2	8	5	6,04	,78217	7,8217	,78217	13,9422
11	1	9	1	6,16	,7764	8,5981	,78165	13,93285
12	1	9	2	6,17	,7764	9,3745	,78121	13,92505
13	1	9	3	5,99	,7764	10,15089	,78084	13,91846
14	1	9	4	5,76	,7764	10,92729	,78052	13,9128
15	1	9	5	5,83	,7764	11,70369	,78025	13,9079
16	2	9	1	6,3	,7764	12,48008	,78001	13,90361
17	2	9	2	6,13	,7764	13,25648	,77979	13,89983
18	2	9	3	6,29	,7764	14,03288	,7796	13,89647
19	2	9	4	6,38	,7764	14,80928	,77944	13,89346
20	2	9	5	6,47	,7764	15,58567	,77928	13,89075
21	1	11	1	6,46	,74176	16,32743	,7775	13,85889
22	1	11	2	6,74	,74176	17,06918	,77587	13,82994
23	1	11	3	5,78	,74176	17,81094	,77439	13,8035
24	1	11	4	6,14	,74176	18,5527	,77303	13,77926
25	1	11	5	6,62	,74176	19,29445	,77178	13,75696
26	2	11	1	5,74	,74176	20,03621	,77062	13,73638
27	2	11	2	5,78	,74176	20,77797	,76955	13,71732
28	2	11	3	6,12	,74176	21,51972	,76856	13,69963
29	2	11	4	5,61	,74176	22,26148	,76764	13,68315
30	2	11	5	6,25	,74176	23,00323	,76677	13,66777
31	1	7	1	6,34	,67247	23,67571	,76373	13,61355
32	1	7	2	6,45	,67247	24,34818	,76088	13,56272

**APÊNDICE F** - Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Espessura de semente

N	REP	FAM	PLT	Valor fenotípico	Valor genotípico	V.Gen Acumulado	Ganho	Ganho(%)
1	1	8	1	4,98	,61241	,61241	,61241	13,42761
2	1	8	2	4,88	,61241	1,22482	,61241	13,42761
3	1	8	3	5,13	,61241	1,83723	,61241	13,42761
4	1	8	4	5,05	,61241	2,44964	,61241	13,42761
5	1	8	5	4,96	,61241	3,06204	,61241	13,42761
6	2	8	1	5,05	,61241	3,67445	,61241	13,42761
7	2	8	2	5,1	,61241	4,28686	,61241	13,42761
8	2	8	3	4,94	,61241	4,89927	,61241	13,42761
9	2	8	4	4,86	,61241	5,51168	,61241	13,42761
10	2	8	5	4,86	,61241	6,12409	,61241	13,42761
11	1	6	1	5,14	,59638	6,72047	,61095	13,39566
12	1	6	2	5,1	,59638	7,31684	,60974	13,36902
13	1	6	3	5,21	,59638	7,91322	,60871	13,34649
14	1	6	4	5,22	,59638	8,5096	,60783	13,32718
15	1	6	5	4,66	,59638	9,10597	,60706	13,31044
16	2	6	1	4,87	,59638	9,70235	,6064	13,29579
17	2	6	2	4,96	,59638	10,29873	,60581	13,28287
18	2	6	3	4,86	,59638	10,8951	,60528	13,27138
19	2	6	4	4,99	,59638	11,49148	,60481	13,2611
20	2	6	5	4,69	,59638	12,08786	,60439	13,25185
21	1	9	1	5,14	,53516	12,62302	,6011	13,17957
22	1	9	2	5,16	,53516	13,15818	,5981	13,11386
23	1	9	3	4,84	,53516	13,69334	,59536	13,05386
24	1	9	4	4,57	,53516	14,2285	,59285	12,99886
25	1	9	5	4,67	,53516	14,76367	,59055	12,94826
26	2	9	1	4,93	,53516	15,29883	,58842	12,90156
27	2	9	2	4,89	,53516	15,83399	,58644	12,85831
28	2	9	3	4,85	,53516	16,36915	,58461	12,81815
29	2	9	4	5,2	,53516	16,90432	,58291	12,78076
30	2	9	5	5,03	,53516	17,43948	,58132	12,74587
31	1	5	1	4,89	,5337	17,97318	,57978	12,71219
32	1	5	2	5,03	,5337	18,50689	,57834	12,68062

**APÊNDICE G** - Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Número de locos

N	REP	FAM	PLT	Valor fenotípico	Valor genotípico	V.Gen Acumulado	Ganho	Ganho(%)
1	1	8	1	17,0	,93053	,93053	,93053	5,49134
2	1	8	2	18,0	,93053	1,86107	,93053	5,49134
3	1	8	3	18,0	,93053	2,7916	,93053	5,49134
4	1	8	4	18,0	,93053	3,72213	,93053	5,49134
5	1	8	5	17,0	,93053	4,65266	,93053	5,49134
6	2	8	1	18,0	,93053	5,5832	,93053	5,49134
7	2	8	2	18,0	,93053	6,51373	,93053	5,49134
8	2	8	3	17,0	,93053	7,44426	,93053	5,49134
9	2	8	4	18,0	,93053	8,37479	,93053	5,49134
10	2	8	5	18,0	,93053	9,30533	,93053	5,49134
11	1	10	1	18,0	,68389	9,98921	,90811	5,35902
12	1	10	2	17,0	,68389	10,6731	,88942	5,24875
13	1	10	3	18,0	,68389	11,35698	,87361	5,15545
14	1	10	4	17,0	,68389	12,04087	,86006	5,07547
15	1	10	5	17,0	,68389	12,72475	,84832	5,00616
16	2	10	1	18,0	,68389	13,40864	,83804	4,94552
17	2	10	2	17,0	,68389	14,09253	,82897	4,892
18	2	10	3	18,0	,68389	14,77641	,82091	4,84444
19	2	10	4	17,0	,68389	15,4603	,8137	4,80188
20	2	10	5	18,0	,68389	16,14418	,80721	4,76357
21	1	3	1	17,0	,06727	16,21145	,77197	4,55564
22	1	3	2	17,0	,06727	16,27872	,73994	4,36661
23	1	3	3	17,0	,06727	16,34598	,71069	4,19402
24	1	3	4	17,0	,06727	16,41325	,68389	4,03581
25	1	3	5	17,0	,06727	16,48052	,65922	3,89025
26	2	3	1	17,0	,06727	16,54779	,63645	3,75589
27	2	3	2	17,0	,06727	16,61505	,61537	3,63149
28	2	3	3	17,0	,06727	16,68232	,5958	3,51597
29	2	3	4	17,0	,06727	16,74959	,57757	3,40842
30	2	3	5	17,0	,06727	16,81686	,56056	3,30804
31	1	6	1	17,0	,06727	16,88412	,54465	3,21413
32	1	6	2	16,0	,06727	16,95139	,52973	3,12609

**APÊNDICE H** - Valor fenotípico, genotípico, genotípico acumulado, ganho e ganho (%) dos indivíduos selecionados para variável Comprimento Médio de Vagem

N	REP	FAM	PLT	Valor fenotípico	Valor genotípico	V.Gen Acumulado	Ganho	Ganho(%)
1	1	4	1	22,37	5,34216	5,34216	5,34216	29,20546
2	1	4	2	22,31	5,34216	10,68431	5,34216	29,20546
3	1	4	3	19,99	5,34216	16,02647	5,34216	29,20546
4	1	4	4	22,33	5,34216	21,36862	5,34216	29,20546
5	1	4	5	22,77	5,34216	26,71078	5,34216	29,20546
6	2	4	1	21,87	5,34216	32,05294	5,34216	29,20546
7	2	4	2	22,49	5,34216	37,39509	5,34216	29,20546
8	2	4	3	21,87	5,34216	42,73725	5,34216	29,20546
9	2	4	4	22,03	5,34216	48,0794	5,34216	29,20546
10	2	4	5	20,81	5,34216	53,42156	5,34216	29,20546
11	1	5	1	22,47	5,28862	58,71018	5,33729	29,17885
12	1	5	2	22,46	5,28862	63,9988	5,33323	29,15668
13	1	5	3	22,17	5,28862	69,28742	5,3298	29,13792
14	1	5	4	20,39	5,28862	74,57604	5,32686	29,12184
15	1	5	5	22,18	5,28862	79,86466	5,32431	29,1079
16	2	5	1	21,73	5,28862	85,15329	5,32208	29,0957
17	2	5	2	21,42	5,28862	90,44191	5,32011	29,08494
18	2	5	3	22,45	5,28862	95,73053	5,31836	29,07538
19	2	5	4	21,02	5,28862	101,01915	5,3168	29,06682
20	2	5	5	22,19	5,28862	106,30777	5,31539	29,05912
21	1	6	1	19,99	4,6804	110,98817	5,28515	28,89381
22	1	6	2	19,67	4,6804	115,66857	5,25766	28,74353
23	1	6	3	19,72	4,6804	120,34898	5,23256	28,60632
24	1	6	4	21,6	4,6804	125,02938	5,20956	28,48054
25	1	6	5	21,99	4,6804	129,70978	5,18839	28,36483
26	2	6	1	22,45	4,6804	134,39018	5,16885	28,25801
27	2	6	2	22,76	4,6804	139,07059	5,15076	28,15911
28	2	6	3	22,15	4,6804	143,75099	5,13396	28,06727
29	2	6	4	21,31	4,6804	148,43139	5,11832	27,98177
30	2	6	5	22,75	4,6804	153,11179	5,10373	27,90197
31	1	11	1	23,06	3,97552	157,08732	5,06733	27,703
32	1	11	2	20,57	3,97552	161,06284	5,03321	27,51648