

NIQUELI CUNHA DA COSTA SALES



**POTENCIAL GENÉTICO DE FAMÍLIAS F₂ DE VARIEDADES
TRADICIONAIS DE FEIJÃO-CAUPI**

RIO BRANCO - AC

2024

NIQUELI CUNHA DA COSTA SALES

**POTENCIAL GENÉTICO DE FAMÍLIAS F₂ DE VARIEDADES
TRADICIONAIS DE FEIJÃO-CAUPI**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal da Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Vanderley B. dos Santos

RIO BRANCO - AC

2024

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC

S163p Sales, Niqueli Cunha da Costa, 2000-
Potencial genético de famílias F₂ de variedades tradicionais de
feijão-caupi / Niqueli Cunha da Costa Sales; orientador: Prof. Dr.
Vanderley B. dos Santos. – 2024.
79 f. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Acre,
Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal. Rio Branco,
2024.

Inclui referências bibliográficas e apêndices.

1. Genética vegetal. 2. Feijão – Melhoramento genético. 3.
Feijão. I. Santos, Vanderley B. dos (orientador). II. Título.

CDD: 338.1

Bibliotecária: Alanna Santos Figueiredo – CRB 11º/1003.

NIQUELI CUNHA DA COSTA SALES

**POTENCIAL GENÉTICO DE FAMÍLIAS F₂ DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE
FEIJÃO-CAUPI**

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

APROVADA em 07 de Março de 2024

BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente
 **VANDERLEY BORGES DOS SANTOS**
Data: 11/03/2024 19:45:13-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Vanderley Borges dos Santos
Universidade Federal do Acre
Orientador

Documento assinado digitalmente
 **ANATERCIA FERREIRA ALVES**
Data: 11/03/2024 17:07:01-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. Anatercia Ferreira Alves
Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão
Membro

Documento assinado digitalmente
 **CLEMESON SILVA DE SOUZA**
Data: 11/03/2024 12:36:08-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Clemeson Silva de Souza
Instituto Federal do Acre
Membro

RIO BRANCO - AC

2024

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pela oportunidade de vida, bem como, pela força de vontade e discernimento.

Aos meus pais, José Elizeu Ferreira da Costa Sales e Antonia Castelo Branco da Cunha, por seus esforços e luta diária frente às dificuldades que enfrentamos.

Aos meus irmãos, Jaqueline da Costa Sales e Uillian Cunha da Costa Sales, pelo apoio durante a minha jornada.

Ao meu eterno namorado, Ronan Barros Pedrosa, por seu companheirismo, dedicação e zelo.

À Universidade Federal do Acre e ao Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal, pela minha formação profissional e acadêmica.

Ao meu orientador Dr. Vanderley Borges dos Santos, pela compreensão, apoio e paciência.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos, essencial para a conclusão deste projeto.

A todos os colegas e amigos que a vida me deu, pelo apoio e companheirismo, especialmente aos parceiros da pós: Gabriela Souza, Igor Dias, Jardeson Kennedy, Natália Torres, Rayane Santos e Valéria Costa.

RESUMO

O feijão-caupi é uma espécie alimentícia rica em minerais, proteínas, antioxidantes e fenóis, com potencial para atender as necessidades nutricionais e econômicas de populações de baixa renda. A espécie apresenta poucas informações no que concerne à relação entre os componentes morfológicos, fisiológicos e genéticos e a produtividade, necessárias para desenvolver genótipos mais produtivos e adaptados. Assim, o objetivo do presente trabalho foi estimar o potencial genético de famílias F_2 de variedades tradicionais de feijão-caupi. O experimento foi conduzido na horta da UFAC, em casa telada. O delineamento experimental utilizado foi o DIC, com três tratamentos e 17 repetições, totalizando 51 unidades. Cada tratamento representava um cruzamento, em que o primeiro correspondia ao Manteigão x Manteiguinha Vermelho, o segundo ao Manteiguinha Vermelho x Leite e o terceiro ao Manteigão x Leite. Os cruzamentos foram obtidos por meio da hibridação de variedades tradicionais provenientes de propriedades rurais dos municípios do Acre, em 2019. Todas as combinações híbridas foram autofecundadas para obter as sementes F_2 , em 2022. Foram avaliados os caracteres altura de plantas, porte de crescimento, hábito de crescimento, número de vagens, comprimento de vagens, massa de vagens, número de lóculos, número de grãos, massa de grãos, comprimento de grãos, largura de grãos e espessura de grãos. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do *software* GENES para 10 dos caracteres, exceto para porte de crescimento e hábito de crescimento, pois não atenderam aos pressupostos e, portanto, foi realizada apenas a análise descritiva. Os cruzamentos avaliados apresentaram variabilidade genética para todos os caracteres ($p \leq 0,05$). O efeito significativo para capacidade geral de combinação em todos os caracteres evidencia que o efeito genético aditivo está envolvido no controle deles, denotando alta concentração de alelos favoráveis e presença de, pelo menos um, parental superior. A variância genética apresentou valores próximos à fenotípica e superior à ambiental em todos os caracteres avaliados. A maioria dos caracteres apresentou CV_g maior que 5%. Todos os caracteres apresentaram valores de herdabilidade superiores a 70%, o que indica a possibilidade de ganho genético com a seleção desses caracteres. Observou-se duas correlações fenotípicas negativas significativas, cujos valores indicaram fortíssima correlação. Os componentes de produção, apesar de não apresentarem correlação significativa, apresentaram coeficientes positivos fortes e fortíssimos. Eles apresentaram correlação genética positiva entre si, com significância na maioria delas. Os coeficientes de r_g mostraram ser, em sua maioria, superiores aos coeficientes de r_r . Os coeficientes de A_s foram menores que 0. Esses valores evidenciam que as distribuições são assimétricas negativas. Para os coeficientes de C_t , eles foram superiores a 3. Em ambas as variáveis, a distribuição pode ser classificada como leptocúrtica. Logo, é possível concluir que há variabilidade genética entre os genótipos; os efeitos gênicos aditivos são importantes na expressão dos caracteres avaliados; há a possibilidade de seleção de genótipos superiores para os caracteres avaliados; e porte de crescimento e hábito de crescimento são governados por poucos genes.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata* (L.) Walp.; melhoramento genético de plantas; variabilidade genética

ABSTRACT

Cowpea is a food species rich in minerals, proteins, antioxidants, and phenols, with the potential to meet the nutritional and economic needs of low-income populations. The species presents little information regarding the relationship between morphological, physiological, and genetic components and productivity, necessary to develop more productive and adapted genotypes. Thus, the objective of the present work was to estimate the genetic potential of F₂ families of traditional cowpea varieties. The experiment was conducted in the UFAC garden, in a screened house. The experimental design used was CRD, with three treatments and 17 replications, totaling 51 units. Each treatment represented a crossover, where the first corresponded to Manteigão x Manteiguinha Vermelho, the second to Manteiguinha Vermelho x Leite and the third to Manteigão x Leite. The crosses were obtained through the hybridization of traditional varieties from rural properties in the municipalities of Acre, in 2019. All hybrid combinations were self-fertilized to obtain F₂ seeds in 2022. The characters plant height, growth size, growth habit, number of pods, pod length, pod mass, number of locules, number of grains, grain mass, grain length, grain width and grain thickness were evaluated. Statistical analyzes were carried out with the aid of the GENES software for 10 of the characters, except for growth size and growth habit, as they did not meet the assumptions and, therefore, only the descriptive analysis was carried out. The crosses evaluated showed genetic variability for all characters ($p \leq 0.05$). The significant effect for general combining ability on all traits shows that the additive genetic effect is involved in their control, denoting a high concentration of favorable alleles and the presence of at least one superior parent. The genetic variance presented values close to the phenotypic and higher than the environmental one in all the characters evaluated. Most characters presented CV_g greater than 5%. All characters presented heritability values greater than 70%, which indicates the possibility of genetic gain with the selection of these characters. Two significant negative phenotypic correlations were observed, whose values indicated a very strong correlation. The production components, despite not showing a significant correlation, showed strong and very strong positive coefficients. They showed a positive genetic correlation with each other, with significance in most of them. The r_g coefficients proved to be, for the most part, higher than the r_f coefficients. The Sk coefficients were less than 0. These values show that the distributions are negatively skewed. For the Ct coefficients, they were greater than 3. In both variables, the distribution can be classified as leptokurtic. Therefore, it is possible to conclude that there is genetic variability between the genotypes, additive gene effects are important in the expression of the evaluated characters, there is the possibility of selecting superior genotypes for the characters and growth size and growth habit are governed by few genes.

Keywords: *Vigna unguiculata* (L.) Walp.; plant breeding; genetic variability

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Resultados da análise química do composto (solo mais substrato comercial) utilizado no experimento. Rio Branco - AC, UFAC, 2023	24
Tabela 2 - Esquema da análise de variância para experimentos em DIC. Rio Branco - AC, UFAC, 2024	26
Tabela 3 - Esquema da análise complementar da variância dos dados para experimentos em DIC, em dialelo sem capacidade específica de combinação (CEC). Rio Branco - AC, UFAC, 2024	28
Tabela 4 - Capacidade geral de combinação (CGC) dos parentais Manteigão (MTG), Manteiguinha Vermelho (MTV) e Leite (LTE) para as variáveis altura de plantas (ALP), comprimento de vagens (CVP), número de vagens (NVP), massa de vagens (MVP), número de grãos (NGP), número de lóculos (NLV), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG) em três variedades de feijão-caupi. Rio Branco - AC, UFAC, 2024	37
Tabela 5 - Estimativas das variâncias fenotípicas (σ_f^2), variâncias ambientais (σ_e^2), variâncias genotípicas (σ_g^2), herdabilidades no sentido amplo (h_a^2), coeficientes de variação genético (CV_g) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e) para as variáveis altura de plantas (ALP), comprimento de vagens (CVP), número de vagens (NVP), massa de vagens (MVP), número de grãos (NGP), número de lóculos (NLV), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG) em três populações F ₂ . Rio Branco - AC, UFAC, 2024	39
Tabela 6 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f) na diagonal superior e genotípica (r_g) na diagonal inferior para as variáveis altura de plantas (ALP), número de vagens (NVP), número de lóculos (NLV), comprimento de vagens (CVP), massa de vagens (MVP), número de grãos (NGP), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG). Rio Branco - AC, UFAC, 2024	44
Tabela 7 - Análise descritiva correspondente aos valores mínimos (Mn), médios (Me), medianas (Md), máximos (Mx), amplitude (A), desvios padrões populacionais (σ), coeficientes de variação (CV), coeficientes de assimetria (As) e coeficientes de curtose (Ct) para as variáveis porte de crescimento de plantas (PCP) e hábito de crescimento de plantas (HCP). Rio Branco - AC, UFAC, 2024	49

LISTA DE APÊNDICES

APÊNDICE A - Representação esquemática do experimento, com três tratamentos representados pelas cores amarela, azul e verde e distribuídos aleatoriamente, em delineamento inteiramente casualizado (DIC). Rio Branco - AC, UFAC, 2023	71
APÊNDICE B - Representações fotográficas do início do experimento, realizado em vasos, com os três tratamentos representados por fitas adesivas amarelas (Manteigão x Manteiguinha Vermelho), azuis (Manteiguinha Vermelho x Leite) e verdes (Manteigão x Leite), em DIC. Rio Branco - AC, UFAC, 2024	71
APÊNDICE C - Representações fotográficas da condução do experimento, em vasos, nos estádios de emergência de plântula, emissão de folhas primárias e florescimento. Rio Branco - AC, UFAC, 2023	72
APÊNDICE D - Representações fotográficas da realização da primeira colheita e das vagens em estádio de maturação fisiológica. Rio Branco - AC, UFAC, 2023	72
APÊNDICE E - Verificação de dados discrepantes (Grubbs), normalidade dos erros (Shapiro-Wilk) e homogeneidade das variâncias (Bartlett) das variáveis altura de plantas (ALP), porte de crescimento (PCP), hábito de crescimento (HCP), número de vagens (NVP), comprimento de vagens (CVP), massa de vagens (MVP), número de lóculos (NLV), número de grãos (NGP), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG). Rio Branco - AC, UFAC, 2023	73
APÊNDICE F - Análise de variância da variável altura de plantas. Rio Branco - AC, UFAC, 2023	73
APÊNDICE G - Análise de variância das variáveis número de vagens (NVP) e número de lóculos (NLV). Rio Branco - AC, UFAC, 2023	74
APÊNDICE H - Análise de variância das variáveis comprimento de vagens (CVP) e massa de vagens (MVP). Rio Branco - AC, UFAC, 2023	74
APÊNDICE I - Análise de variância das variáveis número de grãos (NGP) e massa de grãos (MGP). Rio Branco - AC, UFAC, 2023	74
APÊNDICE J - Análise de variância das variáveis comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG). Rio Branco - AC, UFAC, 2023	74

APÊNDICE K - Meia-tabela dos cruzamentos em esquema dialélico para as variáveis altura de plantas (ALP, em cm), número de vagens (NVP), comprimento de vagens (CVP, em mm), massa de vagens (MVP, em g), número de lóculos (NLV), número de grãos (NGP), massa de grãos (MGP, em g), comprimento de grãos (CMG, em mm), largura de grãos (LMG, em mm) e espessura de grãos (EMG, em mm). Rio Branco - AC, UFAC, 2023	75
APÊNDICE L - Análises complementares parciais da variância, em dialelo, das variáveis altura de plantas (ALP), número de vagens (NVP), número de lóculos (NLV), comprimento de vagens (CVP), massa de vagens (MVP), número de grãos (NGP), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG). Rio Branco - AC, UFAC, 2023	77
APÊNDICE M - Histograma e curva de distribuição normal para a variável Porte de crescimento de plantas (PCP), avaliada durante o experimento. Rio Branco - AC, UFAC, 2024	78
APÊNDICE N - Histograma e curva de distribuição normal para a variável Hábito de crescimento de plantas (HCP), avaliada durante o experimento. Rio Branco - AC, UFAC, 2024	78
APÊNDICE O - Representações fotográficas das sementes F ₃ dos cruzamentos Manteigão x Manteiguinha Vermelho (A), Manteiguinha Vermelho x Leite (B) e Manteigão x Leite (C). Rio Branco - AC, UFAC, 2023	79

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	11
2 REVISÃO DE LITERATURA	13
2.1 ASPECTOS GERAIS DO FEIJÃO-CAUPI	13
2.2 ASPECTOS GERAIS DO CULTIVO	15
2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO-CAUPI	16
2.3.1 Análise dialélica	18
2.3.2 Parâmetros genéticos	21
3 MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1 CARACTERIZAÇÃO E MANEJO DO EXPERIMENTO	23
3.2 CARACTERES AVALIADOS	24
3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	25
3.4 ANÁLISES GENÉTICAS	27
3.4.1 Análise dialélica parcial	27
3.4.2 Parâmetros genéticos	29
3.4.2.1 Variâncias fenotípicas	29
3.4.2.2 Variâncias genotípicas	29
3.4.2.3 Variância ambiental	29
3.4.2.4 Herdabilidades	30
3.4.2.5 Coeficientes de variação genéticos	30
3.4.2.6 Razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental	30
3.4.3 Coeficientes de Correlações	31
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4.1 CAPACIDADE GERAL DE COMBINAÇÃO	35
4.2 PARÂMETROS GENÉTICOS	38
4.3 COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO FENOTÍPICA E GENOTÍPICA	43
4.4 ANÁLISE DESCRITIVA	48
5 CONCLUSÕES	52
REFERÊNCIAS	53
APÊNDICES	70

1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma espécie alimentícia nativa da África e cultivada em regiões tropicais e subtropicais do mundo. Nas regiões Norte e Nordeste do Brasil, é cultivada principalmente por agricultores familiares que ainda empregam métodos tradicionais e utilizam genótipos advindos das lavouras de seus parentais (Freire filho *et al.*, 2012; Lopes *et al.*, 2018).

O feijão-caupi é uma das fontes alimentares mais importantes e estratégicas para as regiões tropicais e subtropicais do planeta, constituindo-se como prato básico das classes de menor poder aquisitivo. Dessa maneira, exerce função social no suprimento de parte das necessidades nutricionais dessa camada da população (Santos *et al.*, 2014; Teófilo *et al.*, 2008). Além disso, a espécie apresenta genótipos com ampla rusticidade e adaptabilidade às condições de estiagem prolongada e capacidade de produzir em solos de baixa fertilidade, sendo considerada uma alternativa de baixo risco ao cultivo em regiões com elevado risco edafoclimático (Barros, 2010; Freire Filho *et al.*, 2005; Oliveira; Carvalho, 1988).

É uma espécie leguminosa rica em minerais, proteínas, antioxidantes e fenóis, por isso apresenta potencial para atender as necessidades nutricionais e econômicas de populações de baixa renda. Assim, o uso sustentável desse recurso genético pode contribuir para a segurança alimentar e nutricional, geração de renda e melhoria das condições edáficas nas regiões produtoras (Ashinie *et al.*, 2020; Ayalew *et al.*, 2021; Beye *et al.*, 2022; Brilhante *et al.*, 2021; Fernandes *et al.*, 2013; Kebede, 2020).

No Brasil, os resultados obtidos por meio do melhoramento genético têm sido excelentes para as espécies autógamas. Esses resultados são evidenciados, principalmente, pelo ganho de produtividade nos últimos 30 anos. Para algumas espécies de interesse econômico, o ganho médio correspondeu a 4,85% ao ano. Assim, ao assumir que pelo menos 50% desse progresso deve ser atribuído ao melhoramento genético, a obtenção de ganhos genéticos é facilmente demonstrada (Ramalho; Araújo, 2011).

O sucesso dos métodos de melhoramento que exploram a autofecundação consiste na quantidade de variabilidade genética e uniformidade dos caracteres (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2017). Grande variabilidade em populações F₂ a F₄ maximizam o potencial de seleção nessas gerações (Oliveira *et al.*, 2012).

Todavia, apesar dos avanços nas áreas de gerenciamento de dados, fenotipagem

e genotipagem, visando especialmente o desenvolvimento de variedades com alta produtividade (Belay *et al.*, 2017; Boukar *et al.*, 2019), são necessários estudos voltados a exploração da biodiversidade existente, haja vista que permitem a manutenção dos recursos genéticos. Ademais, a promoção de espécies adaptadas às áreas do país contribui para o aumento da produtividade agrícola e suporte aos impactos das mudanças climáticas (Alemu *et al.*, 2016; Kebede, 2020).

Os recursos genéticos de plantas configuram-se como a base para toda atividade agrícola e para a agrobiodiversidade, pois o conjunto de genes de uma planta é fundamental para a determinação de todas as suas características (Santilli, 2017). Além disso, o sucesso dos programas de melhoramento está relacionado ao potencial das populações segregantes, as quais são oriundas de cruzamentos (Kurek *et al.*, 2001). O potencial é determinado pela capacidade de combinação entre os genitores, por isso, a identificação de cruzamentos superiores torna-se etapa importante no processo de melhoramento (Kotzamanidis *et al.*, 2008).

Ademais, conforme Hall (2004), não há muitas informações no que concerne à relação entre os componentes morfológicos, fisiológicos e genéticos e a produtividade, apesar de necessárias para desenvolver um genótipo altamente produtivo e adaptado. Assim, os trabalhos de melhoramento de feijão-caupi no Brasil ainda são poucos (Torres *et al.*, 2008), especialmente com genótipos tradicionais, apesar dos avanços nas pesquisas relacionadas ao melhoramento genéticos realizadas pela Embrapa, referência nacional, em parceria com universidades e empresas de sementes (Rocha *et al.*, 2016).

Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi estimar o potencial genético de famílias F2 de variedades tradicionais de feijão-caupi utilizadas por agricultores no Acre.

2 REVISÃO DE LITERATURA

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma espécie nativa da África que pertence à família Fabaceae. O cultivo é realizado em vários países da África, Ásia, América, Europa e Oceania. No Brasil, o feijão-caupi foi introduzido na segunda metade do século XVI, com introduções até os dias atuais (Freire Filho, 1988; Freire Filho *et al.*, 2011).

A espécie se adapta a uma ampla faixa de ambientes nas regiões tropicais e subtropicais do mundo, e apresenta alto valor nutritivo. A cultura desempenha papel fundamental na nutrição de populações da Região Norte e Nordeste, de maneira que possui grande significância. Todavia, seu potencial genético ainda necessita ser explorado, possibilitando que a sua produção ultrapasse os valores pré-estabelecidos (Bezerra, 1997; Frota; Freire Filho; Côrrea, 2000).

2.1 ASPECTOS GERAIS DO FEIJÃO-CAUPI

O feijão-caupi é uma planta leguminosa, dicotiledônea, rasteira e anual. A espécie pertence ao reino Plantae, divisão Magnoliphyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboidae, tribo Phaseolae, subtribo Phaseolinea, gênero *Vigna*, espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp. e subespécie *unguiculata* (Freire Filho *et al.*, 2011). O subgênero *Vigna* é dividido em seis grandes grupos: *Catiang*, *Comosae*, *Liebrehtsia*, *Macrodontae*, *Reticulatae*, e *Vigna*; sendo esse último o feijão cultivado (Freire Filho *et al.* 2005).

Apesar dos desacordos quanto aos centros primários de domesticação, Padulosi e Ng (1997) sugeriram o Sul da África como local de origem do feijão-caupi. A cultura de origem africana foi introduzida no Brasil na segunda metade do século XVI pelos colonizadores portugueses, no Estado da Bahia. Sua introdução está entrelaçada ao tráfico de escravos, especialmente porque o Brasil negociava ativamente com o Oeste da África. A partir da Bahia, a cultura foi amplamente disseminada em território brasileiro, principalmente na região Nordeste (Freire Filho, 1988; Barraclough, 1995).

Acredita-se que, em virtude da grande variabilidade genética existente na própria espécie e nas espécies silvestres geneticamente próximas, houve dificuldade no processo de classificação da espécie domesticada, o que explica o feijão-caupi ter sido, primeiramente, classificado nos gêneros *Phaseolus* e *Dolichos*, e, só depois,

classificado no gênero *Vigna*, estabelecido por Savi em 1984 (Phillips, 1951 *apud* Sellschop, 1962).

A espécie recebeu, além de vários nomes científicos, muitos nomes populares (Braga, 1962; Corrêa, 1952; Krutman; Vital; Bastos; 1968; Prata, 1969). No Nordeste e Norte do Brasil, são utilizados, entre outros, os seguintes: feijão-macassar, feijão-de-corda, feijão-de-moita, feijão-vigna, feijão-de-praia, feijão-fradinho, feijão-de-metro e feijão-caupi, esse último encontra-se restrito ao meio técnico (Freire Filho; Cardoso; Araújo, 1983).

O caupi apresenta folhas compostas com dois folíolos laterais e um central. Elas podem ser classificadas como ovata/lanceolada, hastata/lanceolada, globosa, sub-hastata e sub-globosa (Pottorff *et al.*, 2012). O diâmetro do caule, número de ramos laterais e o comprimento do epicótilo variam conforme o sistema de plantio e o genótipo cultivado (Bezerra *et al.*, 2012).

A planta possui dois tipos de ramificações: determinante e indeterminante. As flores estão dispostas em inflorescência racemosa, com flores hermafroditas, zigomorfas, diclamídeas e cleistogâmicas. O número de pétalas varia conforme o genótipo. O androceu é composto por dez estames e o gineceu está envolvido pelo tubo estaminal e tricomas. O ovário é unilocular com vários óvulos no interior (Machado *et al.*, 2007; Barbosa; Sousa, 2016).

As variedades tradicionais são variedades locais cultivadas por pequenos agricultores. Esses genótipos ainda não sofreram o processo convencional de melhoramento, apresentando significativa diversidade genética em relação a outras populações. Elas constituem um reservatório de genes, os quais podem formar novas variedades melhoradas ou melhorar caracteres em variedades comerciais (Silva *et al.*, 2002 *apud* Siviero *et al.*, 2017). Para Brush (2004), uma variedade pode ser considerada local mediante o plantio numa região há pelo menos uma geração de agricultor, passado de pai para filho.

O Acre compreende um centro de agrossociobiodiversidade de feijões de valor imensurável para a humanidade. Milhares de produtores, ao longo do rio Juruá, são depositários de etnovariedades locais de feijões, constituindo-se de um patrimônio genético (Siviero *et al.*, 2017). Há várias características importantes que podem estar presentes nesses germoplasmas, podendo ser utilizadas em programas de melhoramento voltados a condições específicas. Assim, constituem um verdadeiro patrimônio que merece ser estudado e conservado. Todavia, esses genótipos tendem a sofrer erosão

genética e perder a variabilidade. Logo, é imprescindível que sejam preservados e utilizados em programas de melhoramento (Siviero *et al.*, 2017).

2.2 ASPECTOS GERAIS DO CULTIVO

A planta é granífera do tipo rústica com desenvolvimento satisfatório em solos de baixa fertilidade, sendo uma importante fonte de matéria orgânica (Oliveira *et al.*, 2002). O feijão-caupi pode ser considerado uma planta de baixa exigência nutricional, adaptável à climas secos e temperaturas altas, embora o ideal seja que seu cultivo ocorra em temperaturas entre 18°C e 32°C. Desse modo, apresenta relevante plasticidade fenotípica em diferentes sistemas produtivos (Andrade *et al.*, 2021; Gonçalves *et al.*, 2016; Lopes *et al.*, 2018; Passos *et al.*, 2007).

O Brasil é um dos principais produtores e consumidores do feijão-caupi. O consumo concentra-se, especialmente, nas regiões Norte e Nordeste, constituindo-se como alimento de valor social e econômico (Rocha *et al.*, 2009). O Brasil é o quarto maior produtor de feijão (comum e caupi), considerando 1^a, 2^a e 3^a safras, constatou-se que a área plantada no ano agrícola 2022/2023 foi de 1.319 mil hectares com produção de 1.271 mil toneladas. Para 2022/2023, espera-se aumento da área plantada e produção (1.375 mil hectares e 1.310 mil toneladas, respectivamente), entretanto, diminuição na produtividade (952 kg ha⁻¹) (CONAB, 2023).

A área cultivada na região Norte corresponde a 55,8 mil hectares, concentrando a segunda maior produção nacional (EMBRAPA, 2024). No Acre, a produção total de feijão foi cerca de 2,9 toneladas, rendimento médio de 561 kg ha⁻¹ e área colhida de 5,23 mil hectares. É a quarta cultura com maior impacto significativo em geração de renda para diferentes comunidades locais (Diniz *et al.*, 2019), sendo cultivada por cerca de 20 mil pequenos agricultores familiares (Oliveira *et al.*, 2013).

As regionais Alto e Baixo Acre, foram responsáveis por 81% da área colhida no Estado, enquanto Juruá, Purus, Tarauacá/Envira tiveram 19%, 13% e 12%, respectivamente. Dentre os municípios, aqueles com maior produção foram Sena Madureira, Brasiléia, Xapuri e Cruzeiro do Sul (IBGE, 2024). O cultivo do feijão tem sido praticado com baixa adoção de tecnologia e utilização de inúmeras variedades locais. Essas variedades apresentam grande variabilidade, sendo cultivadas por agricultores familiares no sistema de derruba e queima da floresta em pequenas áreas (Marinho *et al.*, 1997).

O aumento expressivo do valor econômico do cultivo da espécie nacional e

internacionalmente torna emergente as estratégias que visam atender às demandas da cadeia produtiva. Assim, a identificação e a seleção de genótipos que apresentem caracteres de interesse agrônomo superiores, ideais em Programas de Melhoramento, tem se tornado uma das principais ferramentas utilizadas por pesquisadores da área. Desse modo, permite a inserção desses caracteres em novas cultivares a serem disponibilizadas no mercado (Lima, 2015).

2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO-CAUPI NO BRASIL

O melhoramento de plantas é considerado uma das mais longas e duradouras atividades contínuas realizadas pelos seres humanos, em que se realizava a seleção de plantas mais produtivas e úteis às necessidades vigentes (Hallauer, 2011). Diversas estratégias têm sido empregadas nos programas de melhoramento, visando a obtenção de novos e melhores cultivares. Para as plantas autógamas, a hibridação, seguida de sucessivas gerações de autofecundação é o método mais comumente utilizado (Silva, 2009). Considerando o método da hibridação, uma decisão importante é a escolha dos parentais que integrarão os futuros cruzamentos.

Apesar de não ter havido grandes mudanças nos métodos de reprodução de plantas autógamas desde o seu desenvolvimento há séculos na Europa, o processo de seleção das melhores progênies foi otimizado com o desenvolvimento da experimentação agrícola. Ademais, as técnicas de biologia molecular abriram a perspectiva para a possibilidade de seleção direta de um genótipo. Todavia, mesmo com abundância em informações básicas compiladas, a análise fenotípica em campo, com a maior precisão experimental possível, ainda é indispensável (Ramalho; Araújo, 2011).

O sucesso de um programa de melhoramento de autógamas depende da escolha de genitores capazes de gerar descendentes com as características desejadas. A seleção de linhagens com desempenho superior se dá mediante populações segregantes promissoras (Alghamdi, 2007). O uso de procedimentos que permitam a seleção dos melhores parentais para os cruzamentos representa uma excelente ferramenta quanto à obtenção de populações elite, as quais serão alvo de seleção (Valério et al., 2009). Logo, torna-se essencial a realização de pesquisas visando o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas das diferentes regiões do Brasil. Todavia, deve-se evitar a substituição total das cultivares locais por essas, sob risco de degradação genética e perda de genótipos importantes (Benvindo, 2007).

Pesquisas voltadas ao estudo do feijão-caupi estão sendo realizadas em vários

países, especialmente os africanos. Esses estudos vêm sendo desenvolvidos há muitos anos. Na Nigéria, por exemplo, o Departamento Federal de Pesquisa Agrícola, o Instituto de Pesquisa e Treinamento Agrícola de Ibadan, a Universidade do Ife e o Instituto de Pesquisa Agrícola iniciaram pesquisas no início da década de 1960. O Centro Nacional de Pesquisas Agrônômicas no Senegal iniciou o melhoramento de feijão-caupi em 1961 (Sene; N'Diaye, 1973 *apud* Boukar *et al.*, 2019).

Diversos estudos têm focado no melhoramento da eficiência reprodutiva de plantas autógamas, especialmente no Brasil. Entretanto, deve-se compreender que a avaliação do sucesso do melhoramento não deve ser baseada apenas no incremento produtivo, uma vez que é necessário buscar a melhoria da sustentabilidade das espécies cultivadas no Brasil. Esse aumento pode ser verificado pela disponibilidade de cultivares adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas, com tolerância aos estresses bióticos e abióticos (Ramalho; Araújo, 2011).

O melhoramento genético do feijão-caupi começou na segunda metade do século XVI, com o advento da introdução dos primeiros cultivares e das primeiras seleções realizadas pelos agricultores, os quais escolhiam quais pareciam ser os mais apropriados para o cultivo e consumo regional. Todavia, no conceito mais moderno, o melhoramento genético do feijão-caupi começou em 1925, a partir da publicação do artigo de Henrique Löbbbe (Löbbbe, 1925).

De acordo com Freire Filho *et al.* (2012), a história do melhoramento do feijão-caupi no Brasil pode ser dividida em quatro fases, considerando as instituições envolvidas, o grau de interação entre essas instituições e o nível de organização e planejamento do trabalho:

Fase 1 - De 1925 até 1963: durante esse período, foram realizadas obras sem interconexões ou continuidade de pesquisa.

Fase 2 - A partir de 1963, com a criação do Comitê Brasileiro de Feijão (CBF) no Departamento Nacional de Pesquisa Agropecuária (DNPEA), até 1973: durante o período, mediante a definição do CBF, DNPEA, Instituto de Pesquisa e Experimentação Agrícola do Norte (IPEAN) e Instituto de Pesquisa e Experimentação Agropecuário do Leste (IPEAL, agora IAL), começaram a desempenhar um papel mais participativo, reunindo esforços em relação a pesquisas de melhoramento do feijão-caupi.

Fase 3 - De 1973, com a criação da Embrapa, até 1991: a Embrapa assumiu o comando das funções anteriormente designadas para o DNPEA. Com isso, as Unidades Descentralizadas da Embrapa assumiram o comando. Em 1974, o Centro Nacional

de Pesquisa em Arroz e Feijão (CNPAF) foi criado em Santo Antônio de Goiás, e uma parceria entre a Embrapa e o Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA), localizado em Ibadan, Nigéria, foi formalizado em 1977 e efetivado até 1986 (Watt; Araújo; Guazzelli, 1987). Foi criada uma equipe de pesquisa apenas para o feijão-caupi e uma rede de pesquisa nacional para lidar com o cultivo dele (Guazzelli, 1988). Depois, o Programa Nacional de Pesquisa de Feijão foi estruturado, integrando programas de melhoramento para o feijão comum e feijão-caupi. Esse programa foi coordenado pela CNPAF (EMBRAPA, 1981).

Fase 4 - A partir de 1991, quando a coordenação do Programa Nacional de Feijão-caupi foi designada para a Embrapa Meio-Norte, até o presente: Embrapa Meio-Norte herdou do CNPAF a responsabilidade para realizar o Programa Nacional de Melhoramento de Feijão-caupi. O primeiro passo foi reestruturado o trabalho. Tendo em vista os progressos alcançados na fase anterior, especialmente em relação à produção de grãos e resistência à doença viral, a meta foi redesenhada para incluir a melhoria de arquitetura vegetal, qualidade de grãos e adaptação às condições do Cerrado (Freire Filho *et al.*, 2001a, 2001b). Entre 1996 e 2001, foram realizados dois encontros nacionais: 4º RENAC e 5º RENAC, respectivamente (RENAC, 1996, 2001); e concomitantemente ao 6º RENAC, ocorreu o Primeiro Congresso Nacional de Caupi (I CONAC), em 2006 (CONAC, 2006). O Segundo Congresso Nacional de Caupi (II CONAC) foi realizado em 2009 (CONAC, 2009). Na atualidade, a rede de pesquisa de feijão-caupi está implantada na Região Norte, Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste.

No Brasil, os principais objetivos são: desenvolver cultivares de porte adequado aos tipos de produtores e adaptados às regiões brasileiras; aumentar a produtividade, a adaptabilidade e a estabilidade produtiva; aumentar a resistência a fatores bióticos e abióticos; melhorar a qualidade nutricional e organoléptica; e estruturar um programa internacional de pesquisas voltado à espécie (Freire Filho *et al.*, 2011).

O resultado do melhoramento genético tem sido observado por meio da obtenção e indicação de cultivares melhoradas para todos os tipos de produtores e regiões com potencial no Brasil. No Brasil, já foram lançadas mais de 70 cultivares por meio do melhoramento (Rocha *et al.*, 2016).

2.3.1 Análise dialéctica

Em relação aos programas de melhoramento que realizam hibridações, a seleção

de progenitores é de extrema importância. Para isso, é necessário que haja distância genética entre eles (Santos; Menezes; Araujo, 1997). A importância da diversidade genética para o melhoramento consiste no fato de que cruzamentos que envolvem progenitores geneticamente contrastantes são os mais convenientes para produzir alto efeito heterótico, além de maior variabilidade genética em gerações segregantes (Xavier, 1996). Assim, os cruzamentos que envolvam progenitores geneticamente divergentes são os mais convenientes para produzir maior variabilidade genética nas gerações futuras (Martins; Pires; Oliveira, 2002).

A insuficiência da diversidade genética entre os genitores utilizados em um cruzamento reduz a variabilidade genética dos caracteres quantitativos. Logo, o progresso genético do melhoramento com os caracteres selecionados pode vir a ser limitado. Isso decorre do fato de que a heterose geralmente é aumentada devido à distância genética entre os genitores (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2017). Desse modo, a avaliação da diversidade genética das populações permite o conhecimento das melhores combinações híbridas, viabilizando a obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes (Passos *et al.*, 2007) e, por conseguinte, auxiliando o melhorista na seleção de combinações mais promissoras e favoráveis aos cruzamentos (Falconer; Mackay, 1989).

O estudo da divergência genética no Brasil é realizado comumente para espécies de maior interesse econômico, como a soja (*Glycine max* (L.) Merr.) - (Medeiros *et al.*, 2024; Peluzio *et al.*, 2014; Rigon *et al.*, 2012; Santos, E. R. *et al.*, 2012; Torres *et al.*, 2015; Val *et al.*, 2014) - e o feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) - (Abreu *et al.*, 2004; Cargnelutti Filho *et al.*, 2008; Correa; Gonçalves, 2012; Maluf; Ferreira, 1983; Silva, 2022). Em *V. unguiculata*, há também trabalhos disponíveis (Alencar *et al.*, 2021; Lima, 2016; Medeiros, 2018; Oliveira *et al.*, 2003; Passos *et al.*, 2007; Pessoa *et al.*, 2022; Santos *et al.*, 2014; Santos *et al.*, 2023; Sousa *et al.*, 2017).

O Estado do Acre possui grande diversidade de feijão-caupi, entretanto, pouco explorada. Em trabalho visando a identificação da diversidade genética entre variedades locais do Acre, Lima (2016) observou que Manteiguinha Vermelho, Manteigão e Leite foram agrupados em diferentes grupos pelo método de otimização de Tocher, quanto às variáveis multicategóricas. Para as variáveis quantitativas, apenas Manteiguinha Vermelho e Manteigão foram agrupados juntos, pelo método hierárquico UPGMA.

Dentre as metodologias disponíveis para auxiliar os profissionais melhoristas

na tomada de decisão a respeito dos genitores a serem selecionados para formar a população base de um programa de melhoramento, a análise dialélica se destaca, tendo em vista que permite estimar parâmetros úteis na seleção de progenitores e conhecer sobre os efeitos genéticos que dominam as características (Cruz, Regazzi e Carneiro; 2004; Nascimento *et al.*, 2004; Ramalho *et al.*, 2012a).

A análise da capacidade combinatória é uma das ferramentas de grande potencial para estimar a variação e os efeitos da capacidade combinada, a fim de selecionar pais e cruzamentos para a exploração da heterose. Para estimar o controle genético de determinado caráter, a variância da capacidade é frequentemente combinada. Além disso, estimativas da ação genética aditiva e não aditiva obtidas por meio dessa técnica podem ser valiosas no estabelecimento da viabilidade comercial da heterose e do isolamento de linhagens. Desse modo, a ação genética avalia interações alélicas para caracteres que expressam determinado desempenho fenotípico, resultando em otimização da seleção deles (Begna, 2021).

As capacidades geral e específica de combinação (CGC e CEC, respectivamente) constituem exemplo muito importante de componentes genéticos de médias (Vencovsky; Barriga, 1992). O sistema de cruzamentos dialélicos consiste em cruzamentos entre si de genótipos parentais, dois a dois. A CGC refere-se à capacidade de um determinado genótipo produzir progênie com dado comportamento, quando cruzado com outros genitores; enquanto a CEC se refere ao desempenho de combinações específicas (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2017).

Os impactos da capacidade geral e específica de combinação são marcadores importantes do potencial de genótipos em combinações híbridas. Os melhoristas enfrentam o desafio de selecionar progenitores e cruzamentos para caracteres qualitativos e quantitativos durante os programas de melhoramento. Dessa forma, utilizam normalmente testes de capacidade combinatória para avaliar a natureza da ação genética envolvida na herança de caracteres específicos, como rendimento de grãos, bem como para avaliar genótipos parentais quanto à sua utilidade em cruzamentos (Acquaah, 2012; Gouda *et al.*, 2021).

Trabalhos em que se realiza análise dialélica têm sido explorados para diversas finalidades. Dentre elas, destaca-se pesquisas para as seguintes finalidades: tolerância à seca (Ezin *et al.*, 2023; Mwale *et al.*, 2017; Rodrigues *et al.*, 2016; Rodrigues *et al.*, 2018) e a pragas e doenças (Nantale *et al.*, 2023; Lima *et al.*, 2017), incremento da

produtividade (Badhe *et al.*, 2016; Kim; Ko; Chang, 1983; Owusu *et al.*, 2020; Romanus; Hussein; Mashela, 2008; Silva *et al.*, 2004) e precocidade (Ayo-vaughan *et al.* 2011; Oliveira *et al.*, 2016)

Quanto aos modelos mais utilizados para a análise dialélica, esses são os propostos por Haymam em 1954, Gardner e Eberhart em 1966 e Griffing em 1996 (Cruz, Regazzi e Carneiro, 2004). Sendo que, dentre os tipos de dialelos, destacam-se os dialelos parciais, tendo em vista que viabilizam o estudo de grandes quantidades de genitores e possibilitam a junção de características de interesse em genitores de grupos distintos (Cruz, Regazzi e Carneiro; 2004; Vale *et al.*, 2015).

2.3.2 Parâmetros genéticos

A identificação de parâmetros genéticos, bem como o estudo deles, apresentam relativa importância, uma vez que permitem conhecer a variabilidade genética, o grau de expressão de um caráter entre gerações e a possibilidade de ganhos mediante à seleção direta ou indireta (Rocha *et al.*, 2003). Dentre as diversas contribuições da genética quantitativa no melhoramento de plantas, uma das principais tem sido a possibilidade de obtenção de estimativas dos componentes da variância. Isto decorre da dependência de melhor conhecimento da variabilidade genética e do tipo de ação gênica predominante no controle do caráter a ser selecionado para o desenvolvimento de métodos mais eficientes de melhoramento (Ramalho; Vencovsky, 1978.)

A quantificação das variabilidades fenotípica e genotípica de uma população é de extrema importância quando se busca o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, pois possibilita o conhecimento do controle genético do caráter e o potencial da população para seleção (Ramalho *et al.*, 2012b). A escolha dos procedimentos mais adequados durante o programa de melhoramento é orientada por uma etapa inicial: a determinação do controle genético dos caracteres objetos da seleção (Santos; Vencovsky; Ramalho, 1985).

O conhecimento da variabilidade fenotípica dos caracteres de importância agrônômica é imprescindível para o melhorista, pois está relacionado à definição dos métodos de melhoramento, seleção de genitores, do tipo de cultivar a ser lançado, da escolha dos locais para a condução dos testes de rendimento, da definição do número de repetições e da predição dos ganhos por seleção. A variação entre os fenótipos em

uma população decorre das diferenças médias entre os genótipos e da variação ambiental. As variações de ambiente podem sobrepujar as de natureza genética. Dessa forma, quanto maior for a proporção da variabilidade decorrente do ambiente em relação à variabilidade total, mais difícil será selecionar genótipos de forma efetiva (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2017; Jung *et al.*, 2008).

Parâmetros genéticos como coeficientes de variação genotípico e fenotípico são úteis na detecção da quantidade de variabilidade presente no genótipo. Além deles, a herdabilidade, especialmente quando aliada ao alto avanço genético, é uma ferramenta importante para prever o efeito resultante na seleção dos melhores genótipos. Além disso, auxiliam na determinação da influência do ambiente na expressão do genótipo e na confiabilidade dos caracteres (Kumar *et al.*, 2019). Estimativas de parâmetros genéticos do feijão-caupi têm sido obtidas por alguns autores, como: Andrade *et al.* (2010), Benvindo *et al.* (2010), Correa *et al.* (2012), Matos Filho *et al.* (2009) e Santos e Santos (2004).

Durante o programa de melhoramento genético, estimar a correlação entre características é imprescindível, pois ela reside na possibilidade de se avaliar o quanto a alteração de um caráter pode afetar os demais. Dessa maneira, se a seleção de um caráter é dificultada pela baixa herdabilidade ou por problemas de mensuração e identificação, o conhecimento dessa relação torna-se importante nas diferentes etapas dos programas de melhoramento (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004).

Assim, ao considerar que a maioria dos programas de melhoramento leva em consideração várias características simultaneamente, o discernimento quanto à associação genética entre elas pode contribuir para a escolha dos procedimentos de seleção mais assertivos a fim de maximizar o ganho genético por geração (Santos; Vencovsky, 1986a). Todavia, em parte dos casos, a correlação fenotípica pode apresentar pouca aplicabilidade, podendo induzir o melhorista a erros (Chaudhary *et al.*, 1973).

Alguns trabalhos, como os de Andrade *et al.* (2008), Bezerra *et al.* (2001), Correa *et al.* (2012), Lopes *et al.* (2001), Machado *et al.* (2008), Matos Filho *et al.* (2009), Medeiros (2018), Santos e Santos (2004), e Teixeira *et al.* (2007) têm estudado as correlações em feijão-caupi, no Brasil. Esses estudos visam, direta ou indiretamente, interpretar melhor os resultados e apresentar dados que auxiliem em programas de melhoramento.

3 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado na área experimental da Universidade Federal do Acre (UFAC), localizada no município de Rio Branco, sob as coordenadas geográficas 9° 57' 36" S e 67° 52' 16" O. O clima da região é caracterizado como equatorial quente e úmido. A temperatura média anual do município é de 25,46 °C, com precipitações de 2.022 mm e umidade relativa do ar de 84,52% (Sousa, 2020).

3.1 CARACTERIZAÇÃO E MANEJO DO EXPERIMENTO

A instalação do experimento foi realizada em casa de vegetação com telado preto de 50% de sombra. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado (DIC), com três tratamentos e 24 repetições, totalizando 72 unidades experimentais (APÊNDICE A). Entretanto, foram perdidas algumas, resultando em 51 unidades ao final - 17 para tratamento. Cada tratamento representava um cruzamento, em que o primeiro correspondia ao Manteigão x Manteiginha Vermelho (C1), o segundo ao Manteiginha Vermelho x Leite (C2) e o terceiro ao Manteigão x Leite (C3).

Os cruzamentos foram obtidos por meio da hibridação de variedades tradicionais provenientes de propriedades rurais dos municípios do Acre. Elas fazem parte da coleção de germoplasma obtida e mantida pelo professor Doutor Vanderley Borges dos Santos, na UFAC (Sisbio nº 34945-1).

As hibridações foram realizadas mediante emasculação e proteção do botão floral no fim da tarde, com polinização na manhã seguinte, em 2019. A partir desse procedimento, obteve-se os indivíduos F₁. Todas as combinações híbridas foram autofecundadas para obter as sementes F₂ (populações segregantes), em 2022, as quais foram utilizados nesse trabalho.

Para o experimento, foram utilizados vasos com capacidade para 12 litros. Esses foram preenchidos com solo e substrato comercial (4:1) (Tabela 1) e identificados por meio de fitas de coloração amarela (C1), azul (C2) e verde (C3) (APÊNDICE B). A semeadura foi realizada em abril de 2023, utilizando-se uma semente por vaso, visto que a quantidade de sementes obtidas era insuficiente para se utilizar duas. As ressemeaduras foram realizadas aos cinco e dez dias após (DAS), entretanto, houve unidades perdidas pelo baixo potencial germinativo, resultado do período de armazenamento.

Tabela 1 - Resultados da análise química do composto (solo mais substrato comercial) utilizado no experimento. Rio Branco - AC, UFAC, 2023

pH	Ca	Mg	H+Al	SB	CTC	K	P	V	m
(H ₂ O)	cmol _c dm ⁻³					mg dm ⁻³		%	
5,7	4,5	2,9	2,36	7,8	10,2	168,2	28,6	76,8	0,0

Em que: pH = potencial hidrogeniônico; Ca = cálcio; Mg = magnésio; H = hidrogênio; Al = alumínio; SB = soma de bases; CTC = capacidade de troca catiônica; K = potássio; P = fósforo; V = saturação por bases; m = saturação por alumínio; H₂O = água; cmol_c dm⁻³ = centímol de carga por decímetro cúbico; mg dm⁻³ = miligrama por decímetro cúbico; e % = porcentagem.

Durante a execução do experimento, não foram realizadas adubações nem controle de pragas. A irrigação foi manual, em dias alternados, com 250 ml de água. Realizou-se a colheita manual entre junho de 2023 e julho de 2023 (APÊNDICE D). As vagens colhidas foram alocadas em sacos plásticos e, posteriormente às análises, as sementes foram acondicionadas em sacos zip. Após a coleta e verificação de dados, elas foram armazenadas em câmara fria.

3.2 CARACTERES AVALIADOS

Para a obtenção de dados, foram avaliados os seguintes caracteres:

Altura de plantas (ALP): avaliada na oitava semana após semeadura. É obtida por meio da distância entre o colo da planta e o meristema apical (cm).

Porte de crescimento de planta (PCP): avaliado na sexta semana após semeadura. É classificado como: 1. Ereto agudo; 2. Ereto; 3. Semiereto; 4. Intermediário; 5. Semiprostrado; 6. Prostrado; e 7. Trepador.

Hábito de crescimento (HCP): avaliado na sexta semana após semeadura. É classificado como: 1. Determinado; e 2. Indeterminado.

Número de vagens por planta (NVP): contagem de vagens produzidas por planta.

Comprimento médio de vagens por planta (CVP): medida a partir da distância entre as extremidades das vagens (mm).

Massa média de vagens por planta (MVP): pesagem de vagens produzidas por planta (g).

Número médio de lóculos por vagem (NLV): contagem de lóculos por vagem.

Número de grãos por planta (NGP): contagem de grãos produzidos por planta.

Massa de grãos por planta (MGP): pesagem de grãos produzidos por planta (g).

Comprimento médio de grãos (CMG): medida a partir da distância entre as extremidades das sementes (mm).

Largura média de grãos (LMG): medida a partir da distância entre o hilo e a quilha (mm).

Espessura média de grãos (EMG): medida perpendicular ao comprimento e à largura (mm).

Para os caracteres com unidade de medida em centímetro (cm), utilizou-se fita métrica graduada; em milímetro (mm), paquímetro digital; em gramas (g), balança digital de precisão.

3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Para cada variável avaliada, procedeu-se a análise de variância (ANAVA) com o auxílio do *software* Genes (Cruz, 2013). Ulterior à ANAVA, avaliou-se a existência de dados discrepantes pelo teste de Grubbs (Grubbs, 1969) e de tendência central dos dados (normalidade dos erros) por meio do teste de Shapiro-Wilk (Shapiro; Wilk, 1965) e a homogeneidade de variâncias pelo teste de Bartlett (Bartlett, 1937). Além disso, foram realizadas algumas comparações entre valores obtidos no trabalho e valores disponibilizados em trabalhos publicados por meio do teste t de Student (Student, 1908).

A análise de variância foi realizada para os caracteres que atenderam aos pressupostos ($p > 0,05$). Para aqueles que não atenderam, procedeu-se a análise estatística descritiva. Utilizou-se o modelo em DIC, pois é o adequado para situações em que se dispõe apenas de casualização e repetições. A ANAVA foi executada seguindo o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} é a resposta da j -ésima repetição do tratamento i ; μ é a constante comum a todas as observações (média das médias dos tratamentos); t_i é o efeito do i -ésimo tratamento (ou nível do fator) na variável dependente; e ε_{ij} é o erro aleatório atribuído à observação Y_{ij} , independente, com distribuição normal e variância comum (σ^2). Com $i = 1, 2, \dots, a$ e $j = 1, 2, \dots, b$.

Por esse modelo, o esquema da análise de variância em DIC com seus fatores de

variação (tratamentos, resíduo e total), graus de liberdade, soma de quadrados, quadrados médios e valor de F calculado é apresentado na Tabela 2.

Tabela 2 - Esquema da análise de variância para experimentos em DIC. Rio Branco - AC, UFAC, 2024

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Tratamentos	a - 1	SQTr	$\frac{SQTr}{GLTr}$	$\frac{QMTr}{QMRe}$
Resíduo	a(b - 1)	SQRe	$\frac{SQRe}{GLRe}$	-
Total	ab - 1	SQT	-	-

Em que: F.V. = fatores de variação; G.L. = graus de liberdade; GLT = G.L. total; GLTr = G.L. dos tratamentos; GLRe = G.L. do resíduo; S.Q. = soma de quadrados; SQTr = S.Q. dos tratamentos; SQRe = S.Q. do resíduo; SQT = S.Q. total; Q.M. = quadrado médio; QMTr = Q.M. dos tratamentos; QMRe = Q.M. do resíduo; F = F calculado; a = número de tratamentos; e b = número de repetições.

Para as variáveis em que não foi possível executar a ANAVA, estimou-se os seguintes componentes de variância, com o auxílio do SISVAR (FERREIRA, 2014):

Mínimo: valor mínimo encontrado entre os indivíduos (Mn);

Média: Razão entre a soma dos valores e o número de indivíduos.

$$Me = \frac{\sum_{i=1}^k x_i f_i}{N}$$

Em que:

Me é a média; k é o número de classes; x_i é a marca de classe (ponto médio de cada intervalo); f_i é a frequência absoluta de cada classe; e N é o número de indivíduos.

Mediana: valor central de uma lista de dados organizados do menor para o maior ou do maior para o menor (Md).

Máximo: valor máximo encontrado entre os indivíduos (Mx);

Desvio padrão: raiz quadrada da variância;

$$\sigma = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^k f_i (x_i - \mu)^2}{N}}$$

Em que:

σ é o desvio padrão; Me é a média; k é o número de classes; x_i é a marca de classe (ponto médio de cada intervalo); f_i é a frequência absoluta de cada classe; μ é a média dos dados; e N é o número de indivíduos.

Coeficiente de variação (%): é a razão percentual entre o quadrado médio do resíduo e a média geral dos dados (CV);

$$CV (\%) = \frac{100\sqrt{QMR}}{Me}$$

Em que: CV é o coeficiente de variação em porcentagem; QMR é o quadrado médio do resíduo; Me é a média dados.

Assimetria: é o grau de desvio da simetria de uma distribuição, em que a inclinação direcional indica onde está a maioria dos valores em relação à média (As);

Curtose: medida que determina como as caudas de uma distribuição se comparam às caudas de uma curva de sino padrão (Ct).

3.4 ANÁLISES GENÉTICAS

Consequente à análise de variância, realizou-se as análises genéticas para os caracteres avaliados. As análises são referentes à capacidade de combinação e parâmetros genéticos.

3.4.1 Análise dialélica parcial

A análise dialélica foi executada para os caracteres com diferenças significativas ($p \leq 0,05$). Para o presente trabalho, utilizou-se o método 4, modelo I, proposto por Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988), para a realização da análise dialélica parcial. É o adequado para situações em que se dispõe de um conjunto de híbridos, sem os recíprocos, e o modelo é fixo com referência aos genótipos.

A média do híbrido ij é representada por:

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} é o valor médio dos híbridos ij ; μ é a média geral; d_1 e d_2 são contrastes que incluem as médias dos grupos 1 e 2 e a média geral; g_i e g_j são efeitos da capacidade geral de combinação do i -ésimo ou j -ésimo progenitor, respectivamente; s_{ij} é o efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os progenitores de ordem i e j ; e ε_{ij} é o erro experimental médio.

A soma de quadrados (SQ) para a capacidade geral de combinação (CGC) é representada por:

$$SQ (CGC) = \frac{1}{n-2} \sum_i Y_{i.}^2 - \frac{4}{n(n-2)} Y^2. .$$

Em que:

SQ (CGC) é a soma de quadrados para a CGC; n é o número de parentais; Y_i^2 é a soma das médias de todos os cruzamentos em que participa o genitor i ; e $Y^2. .$ é a soma de todas as médias ao quadrado.

O quadrado médio residual para a análise complementar da variância dos dados, em dialelo, é representado por:

$$QM'_{\text{residual}} = \frac{QM \text{ residual}}{r}$$

Em que:

QM'_{residual} é o quadrado médio residual para o dialelo; QM residual é o quadrado médio residual proveniente da ANAVA inicial; e r é o número de repetições.

Por esse modelo, o esquema da análise de variância, em dialelo, com seus quadrados médios e valor de F calculado é apresentado na Tabela 3, excluindo a capacidade específica de combinação. A capacidade específica de combinação foi excluída devido ao número de cruzamentos, uma vez que impossibilita a execução dela.

Tabela 3 - Esquema da análise complementar da variância dos dados para experimentos em DIC, em dialelo sem capacidade específica de combinação (CEC). Rio Branco - AC, UFAC, 2024

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
CGC	n - 1	SQ(CGCG)	$\frac{SQ(CGCG)}{GL(CGCG)}$	$\frac{QM(CGCG)}{QM'R}$
Tratamentos	$\frac{1}{2} n (n - 1) - 1$	SQTr	-	-
Resíduo	GLT - GLTr	-	QM'R	-

Em que: F.V. = fatores de variação; CGC = capacidade geral de combinação; G.L. = graus de liberdade; GLT = G.L. total; GLTr = G.L. dos tratamentos; GL(CGCG) = G.L. da CGC; S.Q. = soma de quadrados; SQ(CGCG) = S.Q. da CGC; Q.M. = quadrado médio; QM(CGCG) = Q.M. da CGC; QM'R = Q.M. do resíduo, em dialelo; F = F calculado; e n = número de parentais.

As capacidades gerais de combinação foram estimadas usando a seguinte expressão:

$$\hat{g}_i = \frac{1}{n(n-2)} (n Y_{i.}) - 2 Y_{..}$$

Em que:

\hat{g}_i é a capacidade geral de combinação; n é o número de parentais; $Y_{i.}$ é a soma das médias de todos os cruzamentos em que participa o genitor i ; e $Y_{..}$ é a soma de todas as médias da tabela.

3.4.2 Parâmetros genéticos

A herdabilidade foi estimada para todas as variáveis em que se realizou a análise de variância. Para isto, foi necessário estimar as variâncias fenotípicas, genotípicas e ambientais. Os parâmetros foram estimados utilizando o *software* genes (Cruz, 2013).

3.4.2.1 Variâncias fenotípicas

As variâncias fenotípicas foram estimadas usando a seguinte expressão:

$$\sigma_f^2 = \frac{QMTr}{r}$$

Em que:

σ_f^2 é a variância fenotípica estimada; $QMTr$ é o quadrado médio de tratamentos; e r é o número repetições.

3.4.2.2 Variâncias genotípicas

As variâncias genotípicas foram estimadas usando a seguinte expressão:

$$\sigma_g^2 = \frac{QMTr - QMR}{r}$$

Em que:

σ_g^2 é a variância genotípica estimada; $QMTr$ é o quadrado médio de tratamentos; QMR é o quadrado médio do resíduo; e r é o número repetições.

3.4.2.3 Variância ambiental

As variâncias ambientais foram estimadas usando a seguinte expressão:

$$\sigma_e^2 = \sigma_f^2 - \sigma_g^2$$

Em que:

σ_e^2 é a variância ambiental estimada; σ_f^2 é a variância fenotípica estimada; σ_g^2 é a variância genotípica estimada.

3.4.2.4 Herdabilidades

As herdabilidades no sentido amplo foram estimadas segundo a expressão abaixo:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} 100$$

Em que:

h_a^2 é a herdabilidade no sentido amplo estimada; σ_g^2 é a variância genotípica estimada; e σ_f^2 é a variância fenotípica estimada.

3.4.2.5 Coeficientes de variação genéticos

Os coeficientes de variação genéticos foram estimados segundo a expressão abaixo:

$$CV_g = \frac{100 \sqrt{\sigma_g^2}}{m}$$

Em que:

CV_g é o coeficiente de variação genético estimado; σ_g^2 é a variância genotípica estimada ; m é a média das médias dos tratamentos

3.4.2.6 Razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental

As razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental foram estimados segundo a expressão abaixo:

$$CV_g/CV_e = \frac{CV_g}{CV_e}$$

Em que:

CV_g/CV_e é a razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental; CV_g é o coeficiente de variação genético; e CV_e é o coeficiente de variação ambiental.

3.4.3 Coeficientes de Correlações

Os coeficientes de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) foram estimados utilizando o *software* Genes (Cruz, 2013), por meio das seguintes expressões:

$$r_f = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMT_X QMT_Y}}$$

Em que:

r_f é o coeficiente de correlação fenotípica; PMT_{xy} é o produto médio associado aos efeitos de tratamentos; QMT_X e QMT_Y são os quadrados médios associados aos efeitos de tratamentos das características x e y, respectivamente.

$$r_g = \frac{\sigma_{gxy}}{\sqrt{\sigma_{gx}^2 \sigma_{gy}^2}}$$

Em que:

r_g é o coeficiente de correlação genotípica; $\hat{\sigma}_{gxy}$ é a estimativa da covariância genotípica entre as características x e y; $\hat{\sigma}_{gx}^2$ $\hat{\sigma}_{gy}^2$ são as estimativas das variâncias genotípicas entre as características x e y, respectivamente.

As significâncias dos coeficientes foram conferidas pelos testes t (Student, 1908) e de Mantel (1967) com 5000 simulações.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância foi realizada para as variáveis altura de plantas, número de vagens, número de lóculos, comprimento de vagens, massa de vagens, número de grãos, massa de grãos, comprimento de grãos, largura de grãos e espessura de grãos, pois atenderam aos pressupostos da ANAVA (APÊNDICE E). Não obstante, as variáveis porte de crescimento e hábito de crescimento não atenderam a ambos os pressupostos, viabilizando a execução apenas de análise descritiva. Para todas as variáveis submetidas à ANAVA, observou-se significância (APÊNDICES, F, G, H, I e J). Logo, é possível inferir que havia ampla variabilidade genética entre os genótipos estudados. De acordo com Santos, Menezes e Araujo (1997), o feijão-caupi apresenta ampla variabilidade genética em grande parte dos caracteres de interesse agronômicos.

As análises de variância indicam que os genes que determinam as 10 variáveis não são igualmente frequentes nos cruzamentos, convergindo com a discussão de Viana et al. (2000) em trabalho com feijão-comum. Tendo em vista que a existência de variabilidade genética numa população é fator primordial para qualquer programa de melhoramento (Ramalho *et al.*, 2012b), os genótipos estudados mostram-se, a princípio, promissores para futuros trabalhos. Além disso, a variabilidade apresentada é condição importante para a evolução, uma vez que ao elevar a variabilidade, eleva-se sua chance de perpetuação (Siviero *et al.*, 2017).

Resultados similares foram obtidos em outros trabalhos com feijão-caupi no Brasil (Lima, 2016; Oliveira *et al.*, 2002; Pessoa *et al.*, 2023; Rocha *et al.*, 2003; Santos *et al.*, 2014; Silva e Neves, 2011), em Gana (Owusu *et al.*, 2021) e na Índia (Sakhamo *et al.*, 2023; Thorat; Gadewar, 2013), evidenciando a alta variabilidade genética da espécie em diferentes países. No Brasil, a alta variabilidade genética expressa nas populações (Bertini; Teófilo; Dias, 2009; Correa et al., 2012; Sousa *et al.*, 2023) pode ser compreendida pela faixa de tempo entre a introdução da espécie no Brasil, há cerca de 460 anos, e o cultivo até os dias atuais. Desse modo, houve tempo suficiente para que ocorressem cruzamentos, segregações e mutações, disseminadas em sucessivos plantios (Freire Filho *et al.*, 2011).

Oliveira *et al.* (2015), ao avaliarem nove variedades locais provenientes do Vale do Juruá, no Acre, observaram resultados similares. Foram avaliados 21 caracteres quantitativos em dois sistemas de cultivo, com interação significativa para 62% dos

caracteres. Dentre os caracteres significativos estavam comprimento de vagens, número de vagens, M100G (massa de 100 grãos) e comprimento de grãos. Souza (2016), ao avaliar 12 variedades do Acre, observou efeito significativo em 89% das variáveis.

Os valores do coeficiente de variação experimental (CV%) variaram de 4,12% (número de lóculos) a 30,42% (número de vagens) (APÊNDICES F, G, H, I e J). De acordo com a classificação de Pimentel-Gomes e Garcia (2002), os valores são classificados como: baixos (< 10%), médios ($\geq 10\%$ e < 20%), altos ($\geq 20\%$ e < 30%) e muito altos (> 30%). Por essa classificação, número de lóculos (4,12%), espessura de grãos (7,38%), largura de grãos (7,74%), comprimento de grãos (8,24) e comprimento de vagens (9,80%) são baixos, número de grãos (16,35%) e altura de plantas (19,05%) são médios, massa de vagens (25,44%) e massa de grãos (26,29) são altos e número de vagens (30,42%) é muito alto. Em geral, 50% apresentaram valores baixos e 20% valores médios (70% ao todo), indicando boa precisão experimental.

Para a variável altura de plantas (APÊNDICE K), os valores foram iguais a 173,29 cm para C1 (Manteigão x Manteiguinha Vermelho), 148,09 cm para C2 (Manteiguinha Vermelho x Leite) e 174,69 cm para C3 (Manteigão x Leite), inferiores à média obtida por Sakhamo *et al.* (2023) em 20 genótipos (184,76 cm). Quanto ao número de lóculos (APÊNDICE K), os valores oscilaram entre 16,71 (C1) e 17,61 (C2). Araújo (2017), ao avaliar sete variedades locais do Acre, obteve média igual a 15,61, valor inferior às médias dos cruzamentos. De acordo com o autor, Manteigão (MTG) foi, dentre os sete, aquele com menor média, o que justifica os valores terem sido menores para C1 e C3, pois em ambos, MTG foi utilizado como parental. Essa afirmação é corroborada quando se observa a CGC do parental para número de lóculos.

As médias de comprimento de vagens (APÊNDICE K) variaram de 133,48 mm (Manteigão x Manteiguinha Vermelho) a 152,36 mm (Manteigão x Leite), com média geral igual a 144,00 mm. Esses resultados divergem dos obtidos por Medeiros (2018), Oliveira *et al.* (2002), Silva e Neves (2011) e Torres *et al.* (2008), uma vez que as médias gerais dos genótipos avaliados por eles foram próximas de 200 mm. Os resultados obtidos neste trabalho evidenciam que os três genótipos apresentam comprimento de vagens abaixo dos padrões comerciais exigidos (Miranda *et al.*, 1996). Entretanto, é necessário compreender que esses valores estão associados a linhagens e cultivares.

Em trabalho com 20 genótipos do Banco de Germoplasma da Embrapa Meio Norte, Santos, A. *et al.* (2012) obtiveram comprimento de vagens para vagem verde igual a 181,30, valor superior aos obtidos nesse trabalho. Oliveira *et al.* (2013), ao

avaliarem cinco variedades locais do Acre, obtiveram valores entre 116,20 e 199,50 para comprimento de vagens. Os valores obtidos no presente trabalho estão dentro do intervalo desses valores.

Para a variável número de vagens (APÊNDICE K), os valores obtidos foram superiores no Manteigão x Manteiguinha Vermelho (12,18), Manteiguinha Vermelho x Leite (10,53) e Manteigão x Leite (7,94) quando comparados ao valor médio (6,20) dos 10 genótipos advindos da agricultura local, em Rio Grande do Norte (Torres *et al.*, 2008). Esses resultados também foram superiores aos obtidos por Lima (2016) para Manteiguinha Vermelho (5,93), Manteigão (5,80) e Leite (6,40). Manteigão x Manteiguinha Vermelho e Manteiguinha Vermelho x Leite foram superiores ao observado (9,70) por Sousa *et al.* (2017) em 24 genótipos da Embrapa Meio-Norte. Entretanto, foram inferiores aos obtidos por Santos *et al.* (2023) ao estudarem 10 cultivares (13,90) selecionadas pela Embrapa Meio Norte e por Alencar *et al.* (2021) ao avaliarem 76 genótipos (22,90) da Universidade Federal do Ceará. Quanto à massa de vagens (APÊNDICE K), os valores variaram entre 17,87 (Manteigão x Leite) e 22,58 (Manteiguinha Vermelho x Leite). Carvalho *et al.* (2012) observaram diferenças para PPP (produção por planta), equivalente à massa de vagens, ao avaliar populações F₂ de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte.

Em número de grãos (APÊNDICE K), os valores variaram entre 72,24 (Manteigão x Leite) e 131,71 (Manteigão x Manteiguinha Vermelho). Em trabalho com Manteiguinha Vermelho, Manteigão e Leite, Lima (2016) obteve valores iguais a 87,76, 79,63 e 87,49, respectivamente. Esses resultados demonstram que os parentais produziram mais grãos do que os cruzamentos. Santos, A. *et al.* (2012), ao avaliarem 20 genótipos, obtiveram valor médio igual a 79,45, similar apenas ao Manteigão x Leite. Entretanto, Santos *et al.* (2023), avaliando 10 cultivares, observaram valor médio superior (173,75). Para massa de grãos (APÊNDICE K), os valores corresponderam 17,16 g (Manteigão x Manteiguinha Vermelho), 18,21 g (Manteiguinha Vermelho x Leite) e 13,71 g (Manteigão x Leite). Esses valores foram inferiores aos obtidos por Santos *et al.* (2023) ao avaliarem 10 cultivares (37,36 g) e por Alencar (2021) ao estudarem 76 genótipos (54,52 g).

Observou-se que os genótipos apresentaram variação significativa com relação à biometria das sementes (comprimento de grãos, largura de grãos e espessura de grãos) (APÊNDICE K). Os valores de comprimento de grãos foram superiores aos de

largura de grãos e espessura de grãos em todos os cruzamentos, seguidos pelos valores de largura de grãos.

Lima (2016), ao avaliar 16 variedades de feijão-caupi do Acre, obteve os seguintes valores para Manteiguinha Vermelho, Manteigão e Leite, respectivamente: comprimento de vagens = 166,90 mm, 191,90 mm e 171,90 mm, superiores aos obtidos em todos os cruzamentos desse trabalho (133,48 mm, 146,15 mm e 152,36 mm); e número de vagens = 5,93, 5,67 e 6,40, inferiores aos obtidos nos cruzamentos (12,18, 10,53 e 7,94). Além disso, para comprimento de grãos (7,48 mm, 6,79 mm e 8,09 mm), obtiveram valores similares aos obtidos nos cruzamentos (6,95 mm, 7,17 mm e 8,82 mm) e para largura de grãos (5,18 mm, 5,04 mm e 5,57 mm) e espessura de grãos (3,72 mm, 3,40 mm e 4,00 mm), valores inferiores (5,65 mm, 5,85 mm e 6,14 mm para largura de grãos e 4,51 mm, 4,78 mm e 5,05 mm para espessura de grãos).

Em tratando-se dos grãos, os valores médios obtidos neste trabalho para comprimento de grãos (7,65), largura de grãos (5,88) e espessura de grãos (4,78), quando comparados com os de cultivares, são inferiores. Melo (2010) obteve valores iguais a 12,78 mm (comprimento de grãos), 8,82 mm (largura de grãos) e 7,41 mm (espessura de grãos) ao avaliar cultivares e linhagens de feijão-caupi. Para Freire Filho *et al.* (2011), o tamanho do grão é um caráter muito importante para o mercado interno e externo. Enquanto no mercado interno há mais de uma preferência, no mercado externo a preferência é por grãos maiores (25 g por 100 grãos).

4.1 CAPACIDADE GERAL DE COMBINAÇÃO

Para Benin *et al.* (2005), a eficiência da seleção é altamente dependente da combinação das constituições genéticas utilizados em hibridações, necessitando, portanto, avaliar o desempenho dos principais genitores nos cruzamentos. Tendo em vista que para todas as variáveis avaliadas houve efeito significativo, é possível inferir que os resultados sugerem que os cruzamentos dialélicos são uma alternativa viável para a expansão da base genética e obtenção de populações segregantes (Rodrigues *et al.*, 2018).

De acordo com Martins, Pires e Oliveira (2002), a escolha dos genitores não deve se basear apenas em suas divergências, por isso, deve-se levar em consideração seus desempenhos. Assim, o mais apropriado, segundo os autores, é recomendar

cruzamentos entre genitores divergentes que exibam, contudo, desempenho superior em relação às principais características agrônômicas da cultura.

A capacidade geral de combinação (CGC) representa o desempenho dos parentais quando cruzados com outros. A CGC está relacionada à ação aditiva de seus genes, tendo sido muito utilizada para escolher pais em programas de melhoramento (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004). Segundo Viana (2007), em dialelos parciais, a magnitude da CGC, além de mostrar a frequência de alelos favoráveis, indica a diversidade genética existente entre o genitor de um grupo e aqueles do grupo oposto.

Os efeitos significativos para CGC (APÊNDICE L) em todos os caracteres evidencia que o efeito genético aditivo está envolvido no controle deles, denotando alta concentração de alelos favoráveis. Além disso, esses resultados evidenciam que há pelo menos um pai superior aos demais em relação ao desempenho médio nas combinações híbridas. De acordo com Ramalho *et al.* (1993), diferenças na CGC indicam possibilidade de ganho efetivo por seleção em caracteres desejáveis, assim como a magnitude delas.

Apesar de não ser possível determinar que o efeito aditivo foi mais importante que o efeito não aditivo, uma vez que não foi calculada a capacidade específica de combinação, é notório que o aditivo exerce muita influência nos caracteres. Em trabalhos de cruzamentos dialélicos, Carvalho *et al.* (2012) e Rodrigues *et al.* (2018), observaram que os efeitos aditivos foram mais importantes do que os não aditivos para altura de plantas, massa de vagens, número de grãos, M100G (massa de 100 grãos) e PG (produção de grãos). Em trabalho com cruzamentos de feijão-comum em diferentes ambientes, Kimani e Derera (2009) obtiveram efeito significativo para a CGC em número de grãos em dois ambientes.

Em trabalho com feijão-comum, Rocha *et al.* (2014) observaram que a variância genética aditiva foi o componente de maior relevância para os caracteres avaliados por eles. Entretanto, não descartam a ocorrência de dominância encontrada por outros autores, especialmente no caráter produtividade (Chung; Stevenson, 1978; Foolad; Bassari, 1983).

Os coeficientes da capacidade geral de combinação variaram em todos os parentais (Tabela 4). O parental Manteigão (MTG) apresentou valores positivos apenas para altura de plantas, comprimento de grãos e largura de grãos, sendo altura de plantas a única variável superior para MTG quando comparado aos demais. Manteiguinha Vermelho (MTV), por outro lado, apresentou valores positivos para número de vagens,

massa de vagens, número de grãos, número de lóculos e massa de grãos, em que em número de vagens, massa de vagens, número de grãos e massa de grãos os valores foram superiores para MTV. Leite (LTE) apresentou valores positivos para comprimento de vagens, número de lóculos, comprimento de grãos, largura de grãos e espessura de grãos, em que todos foram superiores para LTE.

Tabela 4 - Capacidade geral de combinação (CGC) dos parentais Manteigão (MTG), Manteiguinha Vermelho (MTV) e Leite (LTE) para as variáveis altura de plantas (ALP), comprimento de vagens (CVP), número de vagens (NVP), massa de vagens (MVP), número de grãos (NGP), número de lóculos (NLV), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG) em três variedades de feijão-caupi. Rio Branco - AC, UFAC, 2024

VARIÁVEIS	PARENTAIS		
	MTG	MTV	LTE
ALP	17,26	-9,33	-7,93
CVP	-2,15	-8,36	10,51
NVP	-0,31	2,27	-1,90
MVP	-2,07	2,64	-0,57
NGP	-0,71	1,81	-1,10
NLV	-0,58	0,25	0,32
MGP	-1,85	2,65	-0,80
CMG	0,47	-1,17	0,69
LMG	0,03	-0,26	0,23
EMG	-0,00	-0,27	0,27

Em tratando-se dos parentais, é possível inferir que para o caráter altura de plantas, Manteiguinha Vermelho e Leite apresentam menores concentrações de alelos favoráveis para incremento dele. Logo, se o objetivo for obter plantas de menor porte, a utilização do parental Manteigão em cruzamentos não seria indicado. Além disso, a magnitude entre os parentais evidencia a divergência entre eles quanto ao caráter.

Para comprimento de vagens, o parental Leite foi superior aos demais, evidenciando seu papel no incremento do tamanho da vagem. Além disso, sua superioridade também foi expressa em número de lóculos, comprimento de grãos, largura de grãos e espessura de grãos. Esses resultados demonstram a concentração de alelos favoráveis para os cinco caracteres. Quanto ao Manteiguinha Vermelho, o parental foi

superior aos demais para as variáveis de produção número de vagens, massa de vagens, número de grãos e massa de grãos. Esses resultados indicam a superioridade do parental para a produção de grãos, em termos de frequência dos genes favoráveis.

Conforme Pimentel *et al.* (2013), é importante ressaltar que a escolha dos potenciais genitores na análise dialélica parcial, em gerações avançadas, deve-se basear apenas nas estimativas de capacidade geral de combinação (CGC). Isso porque, nesse caso, a magnitude da CGC indica a frequência de alelos favoráveis e a diversidade genética entre os genitores de um grupo e aqueles do outro grupo. Para os autores, ao passo que as gerações vão avançando, o desvio de dominância é reduzido. Assim, é possível que o efeito da capacidade específica de combinação (CEC) seja reduzido, tornando-se não-significativo. Além disso, a análise em geração avançada é corroborada pela possibilidade de ocorrer viés nas estimativas de CGC, em F₁. Isso ocorre pela existência de desvios de dominância expressivos que podem induzir a erros na seleção de genitores e cruzamentos em dialélico parcial.

4.2 PARÂMETROS GENÉTICOS

A estimação de parâmetros genéticos visa a obtenção de informações quanto ao tipo de ação gênica que controla cada caráter, assim como às condições para avaliação de programas de melhoramento vegetal. Dessa forma, possibilitam a tomada de decisões relacionada à escolha do método mais apropriado, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa e o peso que deve ser dado a cada caráter, separadamente ou em conjunto, com obtenção a partir da análise de variância dos dados (Barros, 2007; Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004; Rossmann, 2001).

Os valores estimados para variâncias fenotípicas (σ_f^2), variâncias ambientais (σ_e^2), variâncias genotípicas (σ_g^2), herdabilidades no sentido amplo (h_a^2), coeficientes de variação genético (CV_g) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e) estão apresentados na Tabela 5. A variância genética apresentou valores próximos à fenotípica e superior à ambiental em todos os caracteres avaliados, assim como em trabalho de Teixeira *et al.* (2007) e Owusu *et al.* (2021). Esses resultados indicam superioridade da influência dos componentes genéticos quando comparados aos componentes ambientais na expressão dos caracteres (Hamidou *et al.*, 2012).

Tabela 5 - Estimativas das variâncias fenotípicas (σ_f^2), variâncias ambientais (σ_e^2), variâncias genotípicas (σ_g^2), herdabilidades no sentido amplo (h_a^2), coeficientes de variação genético (CV_g) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e) para as variáveis altura de plantas (ALP), comprimento de vagens (CVP), número de vagens (NVP), massa de vagens (MVP), número de grãos (NGP), número de lóculos (NLV), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG) em três populações F₂. Rio Branco - AC, UFAC, 2024

VARIÁVEIS	PARÂMETROS GENÉTICOS					
	σ_f^2	σ_e^2	σ_g^2	h_a^2 (%)	CV_g (%)	CV_g/CV_e
ALP	223,99	58,38	165,61	73,94	7,78	0,41
CVP	92,53	11,71	80,82	87,35	6,24	0,64
NVP	4,56	0,57	3,99	87,53	19,55	0,64
MVP	5,78	1,60	4,17	72,28	9,96	0,39
NLV	0,25	0,03	0,22	88,54	2,78	0,67
NGP	2,49	0,17	2,32	93,37	14,89	0,91
MGP	5,53	1,09	4,44	80,32	12,88	0,49
CMG	1,04	0,02	1,02	97,75	13,17	1,60
LMG	0,06	0,01	0,05	80,16	3,77	0,49
EMG	0,07	0,01	0,06	89,92	5,34	0,72

Em tratando-se de superioridade dos componentes genotípicos sobre os ambientais, outros trabalhos evidenciam resultados similares para os componentes de produção (Aquino; Nunes, 1983; Bezerra, 1997). Não obstante, é necessário entender que a eficácia da variabilidade genotípica que pode ser explorada pela seleção depende da herdabilidade dos caracteres individuais (Bilgin *et al.*, 2010).

Sabale *et al.* (2018), ao avaliarem 23 genótipos F₂, observaram valores elevados, em se tratando de σ_f^2 , σ_e^2 e σ_g^2 , respectivamente, para altura de plantas (38,47, 3,99 e 34,48), número de vagens (42,27, 2,43 e 39,83) E PPP (74,02, 3,59 e 70,43). Para comprimento de vagens, os valores foram baixos (1,38, 0,48 e 0,89), inclusive inferiores aos do presente trabalho. Além disso, para algumas variáveis, a variância ambiental foi superior à genética. Ademais, os coeficientes de h_a^2 foram, com exceção do comprimento de vagens (65,03%), superiores a 70% (89,61% - 95,15%) para as três variáveis.

Rocha *et al.* (2003), ao avaliarem 23 genótipos de feijão-caupi, obtiveram valores para h_a^2 e CV_g iguais a 15,7% e 9,53%, respectivamente, para número de vagens e 82,95% e 16,87%, respectivamente, para comprimento de vagens. Esses valores foram diferentes dos obtidos neste trabalho para h_a^2 (80,82% e 87,53) em ambas as variáveis deste trabalho. Pessoa *et al.* (2023), obteve valores superiores para h_a^2 em comprimento de vagens (96,55%) e CV_g/CV_e em comprimento de vagens (5,29) e número de lóculos (1,37) e inferior para h_a^2 (65,44), ao avaliar 38 genótipos.

A maioria dos caracteres apresentou CV_g maior que 5%, exceto número de lóculos e largura de grãos. Resultados semelhantes foram observados por Lopes *et al.* (2001). Além disso, é importante ressaltar que os CV_g para a maioria dos caracteres, exceto comprimento de vagens, número de lóculos, largura de grãos e espessura de grãos, são considerados médios ($7\% \leq CV < 15\%$) e altos ($CV \geq 15\%$), segundo Sebbenn *et al.* (2000), o que indica alto potencial de seleção para estes caracteres. O coeficiente de variação genético é importante para determinar a presença de variabilidade genética em uma população, expressando a magnitude da variação genética em relação aos valores médios dos caracteres (Sabale *et al.*, 2018).

A relação entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação experimental (CV_g/CV_a), que indica, segundo Vencovsky e Barriga (1992), o potencial do genótipo para a seleção, foi maior nas variáveis com as maiores herdabilidades. Esses valores ficaram dentro da faixa de 0,39 (massa de vagem) a 1,60 (comprimento de grãos), mostrando estas características como potenciais para a seleção. Para as variáveis em que CV_g/CV_a foi menor (altura de plantas, massa de vagens, massa de

grãos e largura de grãos), existia importante influência do componente ambiental. Essa influência é apresentada quando CV_g e/ou h_a^2 são menores, conforme observado por Sebbenn (2000). Correa *et al.* (2012), obtiveram CV_g/CV_e superiores ao desse trabalho (entre 0,79 e 2,05)

Para a variável número de vagens, os valores de coeficiente de variação ambiental (30,42%), coeficiente de variação genético (19,55%) e relação CV_g/CV_a (0,64) foram similares aos obtidos por Teixeira *et al.* (2007), enquanto para variâncias fenotípica, genotípica e ambiental (4,56, 3,99 e 0,57, respectivamente) e herdabilidade (87,53%) foram diferentes ($p \leq 0,05$). Entretanto, em estudo de Owusu *et al.* (2021), as h_a^2 de número de vagens e altura de plantas (82,44% e 78,51%, respectivamente) foram diferentes das desse trabalho. Em gerações F_2 de feijão-comum, Lana, Cardoso e Cruz (2003) obtiveram valores similares para h_a^2 em número de vagens (86,00%) apenas para os cruzamentos que foram semeados em época de seca e consorciado com o milho. Herdabilidades e CV_g elevados para altura de plantas (99,95%, 34,71) e número de vagens (97,70% e 10,17) são superiores aos observados no trabalho de Thorat e Gadewar (2013) massa de grãos(80,44) (10,08 CV_g)

A variável número de grãos apresentou valores de CV_g (14,89%) e h_a^2 (93,37%) similares aos obtidos por Andrade *et al.* (2010) (14,00% e 96,98%, respectivamente). número de grãos apresentou CV_g/CV_a igual a 0,91, similar ao encontrado para número de grãos por vagem (0,92) por Silva e Neves (2011). Para massa de grãos, os valores de CV_g (12,88%) e h_a^2 (80,32%) foram inferiores aos obtidos por Sharma, Mishra e Gour (2019). Os autores obtiveram valores iguais a 42,22% (CV_g) e 98,75% (h_a^2). Para altura de plantas, eles observaram valores iguais a 29,03% e 96,47% (CV_g e h_a^2 , respectivamente), e para comprimento de vagens valores iguais a 21,48% e 57,78% (CV_g e h_a^2 , respectivamente). Todos os valores, exceto h_a^2 para comprimento de vagens foram superiores aos observados nesse trabalho, enquanto Santos, A. *et al.* (2012) obtiveram valores iguais a 0,68 (σ_f^2), 0,27 (σ_e^2), 0,41 (σ_g^2), 3,54% (CV_g) e 0,62 (CV_g/CV_a) para comprimento de vagens em 20 genótipos.

Apenas para a variável comprimento de grãos, o valor de CV_g/CV_a foi superior a 1 (1,60). Para Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), quando a estimativa desta relação for ≥ 1 , é um indicativo de precisão experimental na coleta dos dados, bem como de situação bastante favorável para a seleção artificial. Isso decorre do favorecimento na seleção fenotípica dos caracteres, uma vez que a variação genética é a maior responsável pelas diferenças entre famílias (CRUZ *et al.*, 2004; YOKOMIZO; FARIAS NETO, 2003).

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos evidenciam a existência de variabilidade entre as populações. Para todas as variáveis, a estimativa dos parâmetros foi superior a zero. Ademais, apesar das variâncias genotípicas terem sido maiores, as ambientais também estavam presentes. A variância ambiental depende de vários fatores, como melhor distribuição das sementes, da água de irrigação e estande mais uniforme. Um manejo visando esses fatores poderá melhorar a precisão experimental e o sucesso com a seleção (Moreto *et al.*, 2007).

Os coeficientes de herdabilidade variaram de 73,94% (altura de plantas) a 97,75% (comprimento de grãos). Todos os caracteres apresentaram valores de herdabilidade superiores a 70%, o que indica a possibilidade de ganho genético com a seleção desses caracteres. Conforme Falconer (1987), é esperado que a estimativa da herdabilidade aumente à medida que se sucedem as gerações de autofecundação. Esses resultados são importantes para o melhoramento, pois, de acordo com Ramalho, Santos e Zimmermann (1993), as herdabilidades com elevada magnitude tornam a seleção viável para identificação de genótipos superiores

Por serem características com alta herdabilidade, a seleção para esses caracteres em gerações iniciais pode ser uma estratégia eficiente (Silva, 2009). Para Bernardo (1991), a eficiência da seleção precoce está em função quase que exclusivamente da herdabilidade do caráter em apreço. Não obstante, há poucas informações quanto ao efeito da seleção precoce sobre os caracteres de interesse no melhoramento do feijão-caupi.

Tendo em vista que a herdabilidade pode ser descrita como a relação fenótipo e genótipo, os fenótipos observados são bons preditores dos genótipos avaliados. Isto é, as diferenças entre as classes fenotípicas são maiores e com baixo efeito ambiental (Bernardo, 2020). É importante observar que os valores de herdabilidade elevados são observados, provavelmente por causa da heterogeneidade genética das gerações F₂ e da baixa sensibilidade dos caracteres à influência dos fatores ambientais (Santos; Vencovsky, 1986b). Populações obtidas mediante ao cruzamento de genitores divergentes apresentam maior variabilidade e, por conseguinte, maior variância genotípica. Logo, tendem a mostrar maiores valores de herdabilidade do que aqueles com menor variabilidade (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2017).

De acordo com Singh (2001), a seleção pode ser facilitada quando a herdabilidade apresenta valor superior a 70%. No presente trabalho, todas as variáveis apresentaram valores superiores, indicando a presença considerável de componentes genéticos na expressão dos caracteres estudados (Coelho *et al.*, 2021).

Não obstante, é necessário compreender que as variâncias genéticas e os coeficientes de herdabilidade só serão de utilidade prática quando suas estimativas forem obtidas com erros de baixa magnitude relativa. Tendo em vista que, para a obtenção da herdabilidade, é necessário estimar as variâncias obtidas dos dados experimentais, pode-se afirmar que ela está diretamente associada e passível de erros de estimativas (VELLO; VENCOSKY, 1978).

4.3 COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO FENOTÍPICA E GENOTÍPICA

Observou-se duas correlações fenotípicas significativas (teste t e de Mantel), com valores iguais a -0,999 (comprimento de grãos - número de grãos e largura de grãos - número de vagens), indicando alto grau de associação negativa (Tabela 6). Conforme a classificação de Carvalho et al. (2004): $r = 0$ (nula); $0 < |r| < 0,30$ (fraca); $0,30 < |r| < 0,60$ (média); $0,60 < |r| < 0,9$ (forte); $0,9 < |r| < 1$ (fortíssima) e $|r| = 1$ (perfeita), em ambos os coeficientes, os valores indicaram fortíssima correlação. Dessa forma, à medida que um caráter aumenta, o outro diminui.

Os componentes de produção (número de vagens, massa de vagens, número de grãos e massa de grãos), apesar de não apresentarem correlação significativa, apresentaram coeficientes positivos fortes (massa de vagens - número de vagens, massa de grãos - número de vagens) ou fortíssimos (número de grãos - número de vagens, número de vagens - massa de vagens, massa de grãos - número de grãos), em geral. Esses resultados são similares aos obtidos por Santos e Santos (2004), em que a maioria dos componentes apresentaram correlação positiva, sendo que, em algumas correlações, os valores foram significativos. Além disso, as correlações com a variável altura de plantas foram negativas para as quatro, apesar de não significativa, possibilitando possível seleção de genótipos mais produtivos e de menor altura.

Em trabalho com 76 genótipos do Banco de germoplasma da Universidade Federal do Ceará, Alencar *et al.* (2021) obteve correlação fenotípica positiva igual a 0,886 entre número de vagens e PPP (correspondente ao massa de grãos). Esse resultado foi superior ao obtido no presente trabalho (0,813), porém ambas as correlações são fortes. Esses resultados corroboram com os obtidos por Santos, A. *et al.* (2012), evidenciando que os acessos com maior número de vagens tendem a apresentar maior produção. Entretanto, Carvalho *et al.* (2012), obtiveram correlação média (0,311) e não significativa para populações F₂.

Tabela 6 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f) na diagonal superior e genotípica (r_g) na diagonal inferior para as variáveis altura de plantas (ALP), número de vagens (NVP), número de lóculos (NLV), comprimento de vagens (CVP), massa de vagens (MVP), número de grãos (NGP), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG). Rio Branco - AC, UFAC, 2024

VARIÁVEIS	ALP	NVP	CVP	MVP	NLV	NGP	MGP	CMG	LMG	EMG
ALP	1	-0,173 ^{ns}	-0,148 ^{ns}	-0,776 ^{ns}	-0,994 ^{ns}	-0,432 ^{ns}	-0,714 ^{ns}	0,446 ^{ns}	0,158 ^{ns}	0,040 ^{ns}
NVP	-0,168 ^{ns}	1	-0,948 ^{ns}	0,756 ^{ns}	0,064 ^{ns}	0,963 ^{ns}	0,813 ^{ns}	-0,959 ^{ns}	-0,999 ⁺	-0,991 ^{ns}
CVP	-0,175 ^{ns}	-0,971 ⁺	1	-0,509 ^{ns}	0,256 ^{ns}	-0,828 ^{ns}	-0,587 ^{ns}	0,819 ^{ns}	0,953 ^{ns}	0,982 ^{ns}
MVP	-0,963 ^{ns}	0,798 ^{ns}	-0,649 ^{ns}	1	0,702 ^{ns}	0,904 ^{ns}	-0,996 ^{ns}	-0,910 ^{ns}	-0,745 ^{ns}	-0,661 ^{ns}
NLV	-0,976 ⁺	0,101 ^{ns}	0,226 ^{ns}	0,892 ^{ns}	1	0,330 ^{ns}	0,632 ^{ns}	-0,344 ^{ns}	-0,048 ^{ns}	0,070 ^{ns}
NGP	-0,493 ^{ns}	0,976 ⁺	-0,900 ^{ns}	0,975 ⁺	0,370 ^{ns}	1	0,940 ^{ns}	-0,999 ⁺	-0,959 ^{ns}	-0,918 ^{ns}
MGP	-0,850 ^{ns}	0,853 ^{ns}	-0,704 ^{ns}	0,976 ⁺	0,763 ^{ns}	0,987 ⁺	1	-0,945 ^{ns}	-0,804 ^{ns}	-0,728 ^{ns}
CMG	0,543 ^{ns}	0,970 ⁺	0,876 ^{ns}	-0,978 ⁺	-0,367 ^{ns}	-0,981 ⁺	-0,977 ⁺	1	0,954 ^{ns}	0,912 ^{ns}
LMG	0,198 ^{ns}	0,977 ⁺	0,976 ⁺	-0,974 ⁺	-0,058 ^{ns}	-0,976 ⁺	-0,975 ⁺	0,982 ⁺	1	0,993 ^{ns}
EMG	0,073 ^{ns}	0,986 ⁺	0,977 ⁺	-0,847 ^{ns}	0,083 ^{ns}	-0,965 ^{ns}	-0,884 ^{ns}	0,933 ^{ns}	0,979 ⁺	1

Notas: 1 - * significativo a 5% ($p \leq 0,05$) pelo teste t; ^{ns} - não significativo;

⁺ - significativo a 5% ($p \leq 0,05$) pelo teste de Mantel baseado em 5000 simulações.

As correlações fenotípicas medem o grau de associação entre dois caracteres devido aos efeitos genéticos e ambientais, em que este último é o principal responsável pela correlação de caracteres de baixa herdabilidade (Falconer, 1987). No entanto, apesar de possuir causas genética e ambientais, somente as associações de natureza genética são herdáveis. Logo, a correlação genotípica tem maior valor prático (Vencovsky; Barriga, 1992).

Quanto às correlações genotípicas, observou-se que 42,22% dessas foram significativas (teste de Mantel), evidenciando alto grau de associação positiva (0,976, 0,970, 0,977, 0,986, 0,976, 0,977, 0,975, 0,976, 0,987, 0,982 e 0,979 para as correlações número de vagens - número de grãos, número de vagens - comprimento de grãos, número de vagens - largura de grãos, número de vagens - espessura de grãos, comprimento de vagens - largura de grãos, comprimento de vagens - espessura de grãos, massa de vagens - número de grãos, massa de vagens - massa de grãos, número de grãos - massa de grãos, comprimento de grãos - largura de grãos e largura de grãos - espessura de grãos, respectivamente) e negativa (-0,976, -0,971, -0,978, -0,974, -0,981, -0,976, -0,977 e -0,975 para as correlações altura de plantas - número de lóculos, número de vagens - comprimento de vagens, massa de vagens - comprimento de grãos, massa de vagens - largura de grãos, número de grãos - comprimento de grãos, número de grãos - largura de grãos, massa de grãos - comprimento de grãos e massa de grãos - largura de grãos, respectivamente). Para todas os coeficientes significativos, os valores indicaram fortíssima correlação.

Em relação aos coeficientes não significativos (57,78%), os valores indicaram fraca correlação (altura de plantas - número de vagens, altura de plantas - comprimento de vagens, altura de plantas - largura de grãos, altura de plantas - espessura de grãos, número de vagens - número de lóculos, comprimento de vagens - número de lóculos, número de lóculos - largura de grãos e número de lóculos - espessura de grãos), média (altura de plantas - número de grãos, altura de plantas - comprimento de grãos, número de lóculos - número de grãos e número de lóculos - comprimento de grãos), forte (altura de plantas - massa de grãos, número de vagens - massa de vagens, número de vagens - massa de grãos, comprimento de vagens - massa de vagens, comprimento de vagens - massa de grãos, comprimento de vagens - comprimento de grãos, massa de vagens - número de lóculos, número de lóculos - massa de grãos, massa de vagens - espessura de grãos e massa de grãos - espessura de grãos) e

fortíssima (altura de plantas - massa de vagens, comprimento de vagens - número de grãos, número de grãos - espessura de grãos e comprimento de grãos - espessura de grãos). Em geral, observa-se que dos coeficientes não significativos, 30,77% apresentaram fraca correlação, 15,38% média correlação, 38,46% forte correlação e 15,38% fortíssima correlação. A não significância no teste t em coeficientes altos divergem com o exposto por Vasconcellos *et al.* (1998) e Kurek *et al.* (2002), em que afirmam que há significância até mesmo para valores baixos quando associados aos elevados graus de liberdade.

A variável altura de plantas apresentou correlação genotípica positiva apenas com as variáveis comprimento de grãos, largura de grãos e espessura de grãos. Número de vagens apresentou negativa apenas com altura de plantas e comprimento de vagens. Comprimento de vagens apresentou positiva com número de lóculos, comprimento de grãos, largura de grãos e espessura de grãos. Massa de vagens apresentou positiva com número de vagens, número de lóculos, número de grãos e massa de grãos. Número de lóculos apresentou positiva com número de vagens, massa de vagens, número de grãos e massa de grãos. Número de grãos apresentou positiva com número de vagens, massa de vagens, número de lóculos e massa de grãos. Massa de grãos apresentou positiva com número de vagens, massa de vagens, número de lóculos e número de grãos. Comprimento de grãos apresentou negativa com massa de vagens, número de lóculos, número de grãos e massa de grãos. Largura de grãos apresentou negativa com massa de vagens, número de lóculos, número de grãos e massa de grãos. E espessura de grãos apresentou negativa com massa de vagens, número de grãos e massa de grãos.

Os componentes de produção (número de vagens, massa de vagens, número de grãos e massa de grãos) apresentaram correlação genética positiva entre si, com significância na maioria delas, assim como em trabalho de Owusu *et al.* (2021). Esses resultados evidenciam que há a possibilidade de seleção de genótipos com altos valores para todas essas variáveis. Além disso, a correlação com a variável altura de plantas foi negativa para as quatro, possibilitando a seleção de genótipos de menor altura, divergindo com os resultados dos autores.

Os coeficientes de correlação fenotípico e genotípico foram negativos entre comprimento de vagens e número de vagens, assim como em trabalho de Teixeira *et al.* (2007) e de Garcia-Oliveira *et al.* (2020), esse último trabalho apenas para o genotípico.

Ademais, como já citado acima, número de vagens apresentou correlação positiva com os componentes de produção, assim como em trabalho de Thorat; Gadewar (2013). Esses resultados divergem dos obtidos por Andrade *et al.* (2010) e Teixeira *et al.* (2007), em que houve muitas correlações negativas entre os componentes.

Lana, Cardoso e Cruz (2003), em trabalho com gerações F₂ de feijão-comum, obtiveram valores positivos para as correlações fenotípicas e genotípicas entre número de vagens e número de grãos em dois dos três cruzamentos. As correlações negativas, quando presentes, se apresentam nos cruzamentos semeados em época de seca.

Para Fernandez e Miller Junior (1985), quando se objetiva aumentar a produtividade do feijão-caupi, deve ser considerado pelo menos um componente de produtividade. Entretanto, os autores reforçam que o número de vagens, apesar de importante, é instável. Dessa maneira, número de vagens pode ser altamente influenciado por fatores morfológicos e fisiológicos da planta.

Comprimento de vagem apresentou correlação negativa com todos os componentes de produção, o que contrasta com a afirmação de Lopes *et al.* (2001). De acordo com os autores, comprimento de vagens é um caráter extremamente ligado à produtividade de grãos, pois o aumento no comprimento da vagem implica em aumento no número de grão por vagem e massa de 100 grãos.

Quanto ao comprimento de grãos, Garcia-Oliveira *et al.* (2020) observaram correlação genotípica com comprimento de vagens (0,800) próxima à desse trabalho (0,876) em geração F₂ de feijão-caupi. Esse valor correspondeu ao maior coeficiente de correlação obtido pelos autores, seguido pelo valor 0,56, que corresponde à correlação entre o número de vagens por planta e número de pedúnculo por planta. Essa correlação não foi avaliada no presente trabalho.

Os coeficientes de correlações genotípicas (r_g) mostraram ser, em sua maioria, superiores aos coeficientes de correlações fenotípicas (r_f). Resultados semelhantes foram relatados por Lopes *et al.* (2002), Moro *et al.* (1992) e Taware *et al.* (1997) em soja, Coelho *et al.* (2002) em feijão-comum e Andrade *et al.* (2010), Correa *et al.* (2012), Lopes *et al.* (2001), Machado *et al.* (2008), Matos Filho *et al.* (2009), Silva e Neves (2011), Teixeira *et al.* (2007) e Thorat; Gadewar (2013) em feijão-caupi. Conforme Gonçalves *et al.* (1996), esses valores superiores podem ser justificados pelo resultado dos efeitos modificadores do ambiente na associação entre os caracteres.

Esses resultados indicam que a expressão fenotípica desses caracteres é reduzida

diante das influências do ambiente, devido, principalmente, as causas de variação genética e ambiental apresentarem influência nos caracteres via diferentes mecanismos fisiológicos (Falconer; Mackay, 1989), bem como das diferenças na capacidade de combinação apresentadas pelos genitores (Lorencetti, 2004). Por isso, torna-se importante investigar quais proporções podem estar associadas a fatores gênicos, tornando maiores as possibilidades de resposta à seleção nas gerações seguintes. Assim, é possível inferir se os caracteres de uma população são geneticamente dependentes ou independentes (Benin *et al.*, 2005).

Apesar de ser uma medida de associação entre caracteres, as estimativas das correlações entre variáveis não possibilitam a quantificação das influências que agem direta e indiretamente nos fatores correlacionados. Por isso, não permitem conclusões sobre as relações de causa e efeito (Vencovsky; Barriga, 1992). Logo, a seleção praticada exclusivamente em razão da correlação pode mascarar os resultados, conduzindo-os de maneira insatisfatória nos trabalhos de melhoramento, uma vez que não consideram os efeitos das demais variáveis e suas inter-relações (Bezerra *et al.*, 2001).

Para Benin *et al.* (2005), a estimativa de correlação genotípica, em gerações com elevada frequência de heterozigotos, é um dos parâmetros eficientes para a identificação da melhor estratégia de seleção indireta para o rendimento de grãos. Além disso, é necessário distinguir as causas da correlação genética. Em suma, a principal causa genética é a pleiotropia, apesar da ligação ser encontrada em populações derivadas de cruzamentos entre populações divergentes. Na pleiotropia, se o gene estiver segregando, pode ocorrer variação simultânea nos caracteres afetados por ele (Falconer; Mackay, 1989).

4.4 ANÁLISE DESCRITIVA

A variabilidade genética é resultado da quantidade de loci e alelos envolvidos na expressão de determinado caráter, em uma população da mesma espécie (Sousa, 2002). Verifica-se que as amplitudes entre os valores máximos e mínimos observados (Tabela 7) indicam a existência de baixa variabilidade entre as plantas em estudo para as variáveis porte de crescimento e hábito de crescimento, havendo distribuições assimétricas negativas (enviesadas à esquerda), isto é, não apresentaram normalidade (APÊNDICE E).

Tabela 7 - Análise descritiva correspondente aos valores mínimos (Mn), médios (Me), medianas (Md), máximos (Mx), amplitude (A), desvios padrões populacionais (σ), coeficientes de variação (CV), coeficientes de assimetria (As) e coeficientes de curtose (Ct) para as variáveis porte de crescimento de plantas (PCP) e hábito de crescimento de plantas (HCP). Rio Branco - AC, UFAC, 2024

Porte de crescimento de plantas								
Mn	Me	Md	Mx	A	σ	CV (%)	As	Ct
4,00	5,78	6,00	6,00	2,00	0,54	9,35	-2,42	7,72
Hábito de crescimento de plantas								
Mn	Me	Md	Mx	A	σ	CV (%)	As	Ct
1,00	1,94	2,00	2,00	1,00	0,24	12,24	-3,75	15,06

Ao comparar os valores de média e mediana para as variáveis, observa-se que a primeira é sempre menor (diferenças de -0,22 e -0,06, respectivamente). Isso ocorre porque a média é mais sensível a valores extremos, os quais estão à esquerda da curva de distribuição de Gauss, conforme indica o sinal negativo do coeficiente de assimetria (As) (PEREIRA, 2021). As medidas estatísticas anteriores associadas aos coeficientes de curtose (Ct) também sugerem que os dados não seguem distribuição normal.

A natureza da ação genética e o número de genes que controlam cada característica são geralmente medidos pela análise crítica das propriedades de distribuição por estatísticas de terceira ordem, como assimetria e curtose. Ambas são muito importantes, podendo até ser mais importantes do que as estatísticas de primeira classe e segunda ordem (Rani *et al.*, 2016).

Para Ibarra (2017), os coeficientes de assimetria e curtose estão relacionados com o tipo de distribuição dos dados. Conforme o autor, quando $As = 0$, a distribuição é perfeitamente simétrica, entretanto, quando positivo ou negativo, demonstra que a cauda de distribuição é mais longa na direção dos maiores valores quando comparados a sua média. O coeficiente de curtose compara uma dada distribuição de probabilidades à distribuição normal, cujo valor teórico é 3. Quando $Ct \geq 3$, a distribuição apresenta tendência de possuir valores extremos maiores que uma distribuição normal com a mesma média e desvio padrão.

A assimetria é uma medida de simetria da população que é frequentemente usada para indicar a natureza da ação genética para qualquer característica. Quando a dominância favorece os valores maiores, as gerações segregadas tenderão a apresentar assimetria negativa, com extensão a depender da dominância completa ou

incompleta (Fisher; Immer; Tedin 1932). Ademais, a assimetria positiva corresponde à ação genética complementar, em contrapartida, a negativa corresponde à epistasia duplicada (Pooni; Jinks; Cornish, 1977).

De acordo com os valores obtidos nesse trabalho, os *As* variaram entre -3,75 e -2,42, ou seja, menores que 0. Esses valores evidenciam que as distribuições são assimétricas negativas (enviesadas à esquerda), uma vez que se concentram na extremidade superior da escala e se distribuem gradativamente em direção à extremidade inferior. Além disso, é possível observada que as médias são menores do que as medianas, o que implica em distribuições assimétricas negativas (Vieira, 2024).

A curtose designa o número de genes responsável pelos caracteres de interesse (Robson, 1956). Quando a curtose se manifesta em nível positivo (leptocúrtica), significa que as variáveis são controladas por menos genes, enquanto em nível negativo (platicúrtica), infere que o controle é realizado por um número maior de genes (Kapur, 1981). Para os coeficientes de *Ct*, eles variaram entre 7,72 e 15,06, valores superiores a 3. Em ambas as variáveis, a distribuição pode ser classificada como leptocúrtica. A distribuição leptocúrtica apresenta curtose maior do que a distribuição mesocúrtica (normal). Elas são identificadas, em geral, pelos picos afunilados (Vieira, 2024).

Hussainbi *et al.* (2023), ao avaliar simetria e curtose em populações segregantes de feijão-caupi, observaram que, para a maioria dos caracteres, o coeficiente de simetria foi negativo. De acordo com os autores, para as variáveis em que houve assimetria negativa, a sugestão é que uma seleção moderada seja suficiente para obter o máximo ganho genético. Para curtose, a maioria dos caracteres foram positivos. Esses resultados corroboram com os observados nesse trabalho.

Dinesh *et al.* (2018), ao avaliar gerações F_2 e F_3 , obtiveram, para a maioria das variáveis, assimetria positiva e curtose negativa em F_2 , divergindo do presente trabalho. Quanto às F_3 , a maioria dos caracteres apresentaram assimetria positiva e curtose positiva, esta última em acordo com os resultados observados neste trabalho.

Para porte de crescimento, Lachyan, Desai e Dalvi (2016), observaram que o caráter apresenta herança monogênica, bem como outros caracteres qualitativos (cor da flor e cor do tegumento). Desse modo, porte de crescimento foi controlado por um único gene (3:1). Esse resultado está de acordo com o obtido por Premsekar e Raman (1972), em que os autores concluíram que o caráter é controlado por um único gene na proporção de 3:1 em geração F_2 . Entretanto, Kolhe (1970) afirmou que porte de crescimento é digenicamente controlado, com ação genética duplicada (epistasia).

Além disso, em trabalho com 487 genótipos, Ravelombola *et al.* (2017) observaram variabilidade em porte de crescimento entre 53 países. Para Souza *et al.* (2018), as pesquisas visam genótipos de porte de crescimento mais ereto, uma vez que facilitam a mecanização.

Quanto ao hábito de crescimento, Matos Filho *et al.* (2014) concluíram que o caráter apresenta herança monogênica, com dominância para o hábito de crescimento indeterminado. Resultado similar foi constatado por Brittingham (1950) ao avaliar a espécie. Em contraste, Singh e Jindla (1971) constataram a existência de três pares de genes para hábito de crescimento em feijão-caupi. Os autores sugeriram que dois desses genes podiam ser complementares. De acordo com Matos Filho *et al.* (2014), a herança simples para o hábito de crescimento possibilita que haja sucesso na seleção e desenvolvimento de genótipos de hábito de crescimento determinado e/ou indeterminado por meio de técnicas simples de melhoramento.

Os valores do coeficiente de variação variaram entre baixo e médio, evidenciando a boa precisão experimental. Em trabalho realizado por Souza *et al.* (2018), foi obtido valor igual a 15,09 para porte de crescimento, superior ao presente trabalho (9,35).

5 CONCLUSÕES

Pode-se concluir que: I. há variabilidade genética entre os genótipos, o que evidencia o potencial genético; II. Manteiguinha Vermelho é superior quanto aos componentes de produção; III. o uso da análise dialélica parcial em geração avançada é promissor para programas de melhoramento de feijão-caupi; IV. os efeitos gênicos aditivos são importantes na expressão dos caracteres avaliados; V. há correlações positivas fortes/fortíssimas entre os componentes de produção; VI. a seleção para os caracteres em gerações iniciais pode ser uma estratégia eficiente; e VII. os caracteres porte de crescimento e hábito de crescimento são governados por um número pequeno de genes e exibem epistasia de base duplicada.

REFERÊNCIAS

- ABREU, F. B.; LEAL, N. R.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; SILVA, D. J. H. da. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 3, p. 547-552, jul./set. 2004.
- ACQUAAH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. Oxford: Wiley, 2012.
- ALEMU, M.; ASFAW, Z.; WOLDU, Z.; FENTA, B. A.; MEDVECKY, B. Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) (Fabaceae) landrace diversity in Northern Ethiopia. **International Journal of Biodiversity and Conservation**, Sapele, v. 8, n. 11, p. 297-309, Nov. 2016.
- ALENCAR, F. R. G. de; PINHEIRO, C. L.; TOMAZ, F. L. de S.; BERTINI, C. H. C. de M.; SILVA, A. K. F. da. Parental selection and descriptor evaluation in the identification of superior cowpea genotypes. **Agronomía Colombiana**, Bogotá, v. 39, n. 3, p. 313-321, Sep. 2021.
- ALGHAMDI, S. S. Genetic behavior of some selected faba bean genotypes. **African Crop Science Conference Proceedings**, El-Minia, v. 8, n. 1, p. 709-714, Jan. 2007.
- ANDRADE, F. N.; ROCHA, M. de M.; GOMES, R. L. F.; FREIRE FILHO, F. R.; RAMOS, S. R. R. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi avaliados para feijão-fresco. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 2, p. 253-258, abr./jun. 2010.
- ANDRADE, W. L. de.; MELO, A. S. de; MELO, Y. L.; SÁ, F. V. da S.; ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, A. P. da S.; FERNANDES JÚNIOR, P. I. Bradyrhizobium inoculation plus foliar application of salicylic acid mitigates water deficit effects on cowpea. **Journal of Plant Growth Regulation**, Germany, v. 40, n. 2, p. 656-667, Apr. 2021.
- AQUINO, S. F. de; NUNES, R. de P. Estrutura genética de populações de caupi e suas implicações no melhoramento genético através da seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 18, n. 4, p. 399-412, abr. 1983.
- ARAÚJO, A. M. de. **Seleção em variedades de feijão-caupi tradicionais do Acre**. 2017. Monografia (Bacharelado em Engenharia Agrônoma) - Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2017.
- ASHINIE, S. K.; TESFAYE, B.; WAKAYO, G. K.; FENTA, B. A. Genetic diversity for immature pod traits in Ethiopian cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] landrace collections. **African Journal of Biotechnology**, Sapele, v. 19, n. 4, p. 171-182, Apr. 2020.
- AYALEW, T.; YOSEPH, T.; PETRA, H.; CADISCH, G. Yield response of field-grown cowpea varieties to *Bradyrhizobium* inoculation. **Agronomy Journal**, Madison, v. 113, n. 4, p. 3258-3268, June 2021.

AYO-VAUGHAN, M. A.; ARIYO, O. J.; DANIEL, I. O.; ALAKE, C. O. Diallel analysis of earliness in cowpea. **African Crop Science Conference Proceedings**, El-Minia, v. 10, n. 1, p. 1- 4, Jan. 2011.

BADHE, P. L.; RAUT, D. M.; MAGAR, N. M.; BOROLE, D. N.; PAWAR, V. Y. Diallel analysis in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, Tamil Nadu, v. 7, n. 2, p. 291-302, June 2016.

BARBOSA, M. V.; SOUSA, E. M. L. Biologia floral, ecologia da polinização e eficiência na produção de sementes de feijão macassar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) em sistemas agrícolas. **Gaia Scientia**, João Pessoa, v. 10, n. 4, p. 272-283, set. 2016.

BARRACLOUGH, G. **Atlas da história do mundo da Folha de São Paulo/Times**. 4 ed. rev. São Paulo: Folha da Manhã, 1995.

BARROS, G. B. **Identificação e caracterização de plantas de feijão-caupi obtidas por meio de retrocruzamento resistentes aos vírus *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV) e *Cowpea aphid borne mosaic virus* (CABMV)**. 2010. Dissertação (Mestrado em Fitossanidade e Biotecnologia Aplicada) - Instituto de Biologia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, 2010.

BARROS, L. B. **Parâmetros genéticos em variedades de milho crioulo e sua utilização na seleção**. 2007. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2007.

BARTLETT, M. S. Properties of sufficiency and statistical tests. **Proceedings of the Royal Society of London**, London, v. 160, n. 901, p. 268-282, May 1937.

BEGNA, T. Combining ability and heterosis in plant improvement. **Open Journal of Plant Science**, Washington, v. 6, n. 1, p. 108-117, Dec. 2021.

BENVINDO, R. N. **Avaliação de genótipos de feijão-caupi de porte semi-prostrado em cultivo de sequeiro e irrigado**. 2007. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2007.

BENVINDO, R. N.; SILVA, J. A. L. da; FREIRE FILHO, F. R.; ALMEIDA, A. L. G. de; OLIVEIRA, J. T. S.; BEZERRA, A. A. de C. Avaliação de genótipos de feijão-caupi de porte semi-prostrado em cultivo de sequeiro e irrigado. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 1, n. 1, p. 23-28, mar. 2010.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 3. ed. Minnesota: Stemma Press, 2020.

BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 82, n. 1, p. 17-21, July 1991.

BELAY, F.; GEBRESLASIE, A.; MERESA, H. Agronomic performance evaluation of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] varieties in Abergelle District, Northern Ethiopia. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, Sapele, v. 9, n. 8, p. 139-143, Aug. 2017.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D.; VIEIRA, E. A.; VALÉRIO, I. P.; SILVA, J. G. da. Estimativas de correlações genotípicas e de ambiente em gerações com elevada frequência de heterozigotos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 3, p. 523-529, maio/jun. 2005.

BERTINI, C. H. C. de M.; TEÓFILO, E. M.; DIAS, F. T. C. . Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 40, N. 1, p. 99-105, jan./mar. 2009.

BEYE, A.; DIAKHATE, P. B.; DIOUF, O.; FAYE, A.; OBOUR, A. K.; STEWART, Z. P.; ASSEFA, Y.; MIN, D.; PRASAD, P. V. V. Socio-economic constraints of adopting new cowpea varieties in three agro-ecological zones in the senegalese peanut basin. **Sustainability**, Basel, v. 14, n. 21, Nov. 2022.

BEZERRA, A. A. de C.; ALCÂNTARA NETO, F. de; NEVES, A. S. das; MAGGIONI, K. 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, jul./set. 2012.

BEZERRA, A. A. de C.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. da; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q. Inter-relação entre caracteres de caupi de porte ereto e crescimento determinado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 1, p. 137-142, jan. 2001.

BEZERRA, A. A. de C. **Variabilidade e diversidade genética em caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] precoce, de crescimento determinado e porte ereto e semi-ereto**. 1997. Dissertação (Mestrado em Botânica - Melhoramento Genético de Plantas) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 1997.

BILGIN, O.; KORKUT, K. Z.; BASER, I.; DAGLIOGLU, O.; OZTURK, I.; KAHRAMAN, T.; BALKAN, A. Variation and heritability for some semolina characteristics and grain yield and their relations in durum wheat (*Triticum durum* Desf.). **World Journal of Agricultural Sciences**, Faisalabad, v. 6, n. 3, p. 301-308, May 2010.

BOUKAR, O.; BELKO, N.; CHAMARTHI, S.; TOGOLA, A.; BATIENO, J.; OWUSU, E.; HARUNA, M.; DIALLO, S.; UMAR, M. L.; OLUFAJO, O.; FATOKUN, C. Cowpea (*Vigna unguiculata*): genetics, genomics and breeding. **Plant Breeding**, Manhattan, v. 138, n. 4, p. 415-424, Aug. 2019.

BRAGA, R. **Plantas do Nordeste, especialmente Ceará**. 2. ed. Fortaleza: Imprensa Oficial, 1960.

BRILHANTE, M.; VARELA, E.; ESSOH, A. P.; FORTES, A.; DUARTE, M. C.; MONTEIRO, F.; FERREIRA, V.; CORREIA, A. M.; DUARTE, M. P.; ROMEIRAS, M. M. Tackling food insecurity in Cabo Verde Islands: the nutritional, agricultural and environmental values of the legume species. **Foods**, Basel, v. 10, n. 2, p. 1-18, Feb. 2021.

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

BRUSH, S. B. **Farmers' Bounty: Locating Crop Diversity in the Contemporary World**. New Haven: Yale University Press, 2004.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Editora UFV, 2017.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P. dos; SOUZA, J. R. de; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 8, p. 2138-2145, nov. 2008.

CARVALHO, F. I. F. de; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Editora e Gráfica Universitária, 2004.

CARVALHO, L. C. B.; SILVA, K. J. D. e; ROCHA, M. de M.; SOUSA, M. B. de; PIRES, C. de J.; NUNES, J. A. R. Phenotypic correlations between combining abilities of F₂ cowpea populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 3, p. 211-214, jul./set. 2012.

CHAUDHARY, D.; SRIVASTA, D. P.; GHOSH, A. K.; SEETHARA, R. Genetic variability and correlation for yield components in rice. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, New Delhi, v. 43, n. 1, p. 181-184, Jan. 1973.

CHUNG, J. H.; STEVENSON, E. Diallel analyses of the genetic variation in some quantitative characters in dry beans. **New Zealand Journal of Agricultural Research**, Wellington, v. 16, n. 2, p. 223-231, May 1973.

COELHO, A. D. F.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; ARAÚJO, A. de A.; FURTADO, M. R.; AMARAL, C. L. F. Herdabilidades e correlações da produção do feijão e dos seus componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 211-216, mar./abr. 2002.

COELHO, C. G.; DALVI, L. P.; MARÇAL, T. de S.; OLIVEIRA, L. dos S. G.; OLIVEIRA, F. L.; FIALHO, G. S. Genetic parameters estimation in common bean under weed plant competition. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 68, n. 4, p. 333-342, jul./ago. 2021.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira**. Brasília: Conab, 2023.

CONAC. Congresso Nacional de Feijão-caupi, 1.; REUNIÃO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 6., 2006, Teresina. **Tecnologias para o agronegócio: anais**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2006.

CONAC. Congresso Nacional de Feijão-caupi, 2., 2009, Teresina. **Tecnologias para o agronegócio: anais**. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2009.

CORREA, A. M.; CECCON, G.; CORREA, C. M. de A.; DELBEN, D. S. 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.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 206-212, mar./abr. 2012.

CORRÊA, M. P. **Dicionário das plantas úteis do Brasil e das exóticas cultivadas**. Rio de Janeiro: Imprensa Nacional, 1952.

CRUZ, C. D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, July/Sep. 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2004.

DINESH, H. B.; VISWANATHA, K. P.; LOHITHASWA, H. C.; PAVAN, R.; SINGH, P. Genetic Association estimates using third and fourth degree statistics in early segregating generations of cowpea. **Internacional Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, Tamilnadu, v. 7, n. 1, p. 867-873, Jan. 2018.

DINIZ, G. A. S.; SIVIERO A.; BASSINELLO, P. Z.; COSTA, J. G. C. da; MATTAR, E. P. L.; SANTOS, R. C. dos; SANTOS, V. B. dos. Diversidade de feijões do Acre, Amazônia. In: SIVIERO A.; SANTOS, R. C. dos; MATTAR, E. P. L. (org.). **Conservação e tecnologia para o desenvolvimento agrícola e florestal no Acre**. Rio Branco - AC: Editora IFAC, 2019. p. 481-518.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Objetivos de desenvolvimento sustentável - ODS**. Disponível em: <https://www.embrapa.br/objetivos-de-desenvolvimento-sustentavel-ods>. Acesso em: 11 fev. 2024.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Departamento Técnico-Científico. **Programa Nacional de Pesquisa de Feijão**. Brasília, DF: EMBRAPA-DID, 1981. 117 p.

EZIN, V.; TOSSOU, T. A. W.; CHABI, I. B.; AHANCHEDE, A. Diallel analysis of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes under water deficit stress. **BMC Plant Biology**, Haidian, v. 23, n. 539, p. 1-13, Nov. 2023.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1987.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. Londres: Longman Group, 1989.

FERNANDES, R. F.; FONSECA, M. R.; BRAZ, A. M. de S. Produtividade de feijão caupi em função da calagem e fósforo. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 26, n. 4, p. 54-62, out./dez. 2013.

FERNANDEZ, G. C. J.; MILLER JUNIOR, J. C. Yield component analysis in five cowpea cultivars. **American Society for Horticultural Science Journal**, Alexandria, v. 110, n. 4, p. 553-559, July 1985.

FERREIRA, D. F. Sisvar: a guide for its bootstrap procedures in multiple comparisons. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 38, n. 2, p. 109-112, mar./abr. 2014.

FISHER, R. A.; IMMER, F. R.; TEDIN, O. The genetical interpretation of statistics of the third degree in the study of quantitative inheritance. **Genetics**, Rockville, v. 17, n. 2, p. 107-124, Mar. 1932.

FOOLAD, M. R.; BASSIRI, A. Estimates of combining ability, reciprocal effects and heterosis for yield and yield components in a common bean diallel cross. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 100, n. 1, p. 103-108, Feb. 1983.

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

FREIRE FILHO, F. R.; CRAVO, M. S.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. M.; CASTELO, E. O.; BRANDÃO, E. S.; BELMINO, C. S. **BRS Urubuquara: Cultivar de Feijão-caupi para a Região Bragantina, PA**. Belém: Embrapa Amazônia Oriental. 2005.

FREIRE FILHO, F. R., LIMA, J. A. de L.; RIBEIRO, V. Q. **Feijão-caupi: Avanços tecnológicos**. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica, 2005.

FREIRE FILHO, F. R. Origem, evolução e domesticação do caupi. *In*: ARAÚJO, J. P. P. de; WATT, E. E. (org.). **O caupi no Brasil**. Brasília: IITA: EMBRAPA, 1988. p. 26-46.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. de M.; SILVA, K. J. D. e; NOGUEIRA, M. do S. da R.; RODRIGUES, E. V. **Feijão-caupi: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2011.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. de M.; SILVA, K. J. D. e; NOGUEIRA, M. do S. da R.; RODRIGUES, E. V. **Production, breeding and potencial of cowpea crop in Brazil**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2012.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; SITTOLIN, I. M.; SILVA, S. M. S. e. Produtividade de linhagens de caupi de porte ereto e semi-ereto em ambiente de cerrado. *In*: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2001, Goiânia. **Anais...** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2011a. 4 p.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; SITTOLIN, I. M.; SILVA, S. M. S. e. Produtividade de linhagens de caupi de porte enramador em ambiente de cerrado. *In*: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2001, Goiânia. **Anais...** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2011b. 4 p.

FROTA, A. B.; FREIRE FILHO, F. R.; CORRÊA, M. P. F. Impactos socioeconômicos de cultivares de feijão-caupi na região Meio-Norte do Brasil. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2000.

KRUTMAN, S.; VITAL, A.P.; BASTOS, E.C. **Variedades de feijão macassar - *Vigna sinensis* L.), manual**. Recife: IPEANE, 1968.

GARCIA-OLIVEIRA, A. L.; ZATE, Z. Z.; OLASANMI, B.; BOUKAR, O.; GEDIL, M.; FATOKUN, C. Genetic dissection of yield associated traits in a cross between cowpea and yard-long bean (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) based on DArT markers. **Journal of Genetics**, New Delhi, v. 99, n. 57, p. 2-13, Dec. 2020.

GERALDI, I.O.; MIRANDA-FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, n. 2, p.419-430, jan. 1988.

GONÇALVES, A.; GOUFO, P.; BARROS, A.; DOMINGUEZ-PERLES, R.; TRINDADE, H.; ROSA, E. A. S.; FERREIRA, L.; RODRIGUES, M. Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp), a renewed multipurpose crop for a more sustainable agri-food system: nutritional advantages and constraints. **Journal of Science of Food and Agriculture**, Bethesda, v. 96, n. 9, p. 2941–2951, July 2016.

GONÇALVES, P. de S.; MARTINS, A. L. M.; BORTOLETTO, N.; TANZINI, M. R. Estimates of genetic parameters and correlations of juvenile characters based on open pollinated progenies of Hevea. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 1, p. 105-111, jan./mar. 1996.

GOUDA, G.; SABARINATHAN, S.; GUPTA, M. K.; DONDE, R.; DASH, G. K.; PONNANA, M.; RAJESH, N.; RATHORE, S. K.; PATI, P.; VADDE, R.; BEHERA, L.; MOHAPATRA, T. Quantitative trait locus mapping in rice. *In*: GUPTA, M. K.; BEHERA, L.(ed.). **Applications of Bioinformatics in Rice Research**. Singapore: Springer, 2021. p. 55-82.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Melbourne, v. 9, n. 4, p. 463-493, Nov. 1956.

GRUBBS, F. E. Procedures for detecting outlying observations in samples. **Technometrics**, Princeton, v. 11, n. 1, p. 1-21, Feb. 1969.

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

HALL, A. E. Breeding for adaptation to drought and heat in cowpea. **European Journal Of Agronomy**, Amsterdam, v. 21, n. 4, p. 447-454, Dec. 2004.

HALLAUER, A. R. Evolution of plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, n. 3, p. 197-206, jul./set. 2011.

HAMIDOU, F.; RATNAKUMAR, P.; HALILOU, O.; MPONDA, O.; KAPEWA, T.; MONYO, E.; FAYE, I.; NTARE, B. R.; NIGAM, S. N.; UPADHYAYA, H. D.; VADEZ, V. Selection of intermittent drought tolerant lines across years and locations in the reference collection of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Field Crops Research**, Cambridge, v. 126, n. 1, p. 189-199, Feb. 2012.

HUSSAINBI; KHAN, H.; ARUNKUMAR, B.; TEMBHURNE, B. V.; ANAND, P. P. Studies of skewness, kurtosis and transgressive segregants in F_{2:3} populations of cowpea (*Vigna unguiculata* L.). **International Journal of Environmental and Climate Change**, London, v. 13, n. 11, p. 4218-4228, Dec. 2023.

IBARRA, M. A. C. **Análise comparativa de métodos para estimativa de valores extremos de processos aleatórios não-gaussianos**. 2017. Dissertação (Mestrado em Engenharia Civil - COPPE) - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2017.

IBGE. - Instituto de Pesquisa Geográfico e Estatística. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9201-levantamento-sistematico-da-producao-agricola.html>. Acesso em: 11 fev. 2024.

JUNG, M. S.; VIEIRA, E. A.; BRANCKER, A.; NODARI, R. O. Herdabilidade e ganho genético em caracteres do fruto do maracujaeiro-doce. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 1, p. 209-214, mar. 2008.

KEBEDE, E. Grain legumes production and productivity in Ethiopian smallholder agricultural system, contribution to livelihoods and the way forward. **Cogent food & agriculture**, London, v. 6, n. 1, p. 1-20, Feb. 2020.

KIM, J. H.; KO, M. S.; CHANG, K. Y. Studies on genetic analysis by the diallel crosses in F₂ generation of cowpea (*Vigna sinensis* savi.). **Korean Journal of Crop Science**, Jinju, v. 28, n. 2, p. 216-226, Apr./June 1983.

KIMANI, J. M.; DERERA, J. Combining ability analysis across environments for some traits in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under low and high soil phosphorus conditions. **Euphytica**, Amsterdam, v. 166, n. 1, p. 1-13, Jan. 2009.

KOLHE, A. K. Genetics studies in *Vigna* sp. **Poona Agricultural College Magazine**, Pune, v. 59, n. 1, p. 126-137, Jan. 1970.

KOTZAMANIDIS, S. T.; LITHOURGIDIS, A. S.; MAVROMATIS, A. G.; CHASIOTI, D. I.; ROUPAKIAS, D. G. Prediction criteria of promising F₃ populations in durum wheat: a comparative study. **Field Crops Research**, Cambridge, v. 107, n. 3, p. 257-264, June 2008.

KUMAR, S.; RAM, S.; CHAKRABORTY, M.; AHMAD, E.; VERMA, N.; LAL, H. C.; PRASAD, Y.; KUMAR, K.; BHUSHAN, S.; CHOUDHARY, A. K. Role of genetic variability for seed yield and its attributes in linseed (*Linum usitatissimum* L.) improvement. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, New Delhi, v. 8, n. 2, p. 266-268, mar./abr. 2019.

KUREK, A. J. CARVALHO, F. I. F. de; ASSMANN, I. C.; CRUZ, P. J. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 645-651, abr./jun. 2001.

KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; CARGNIN, A.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C. Coeficiente de correlação entre caracteres agrônômicos e de qualidade do grão e sua utilidade na seleção de plantas em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 3, p. 371-376, maio/jun. 2002.

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

LANA, A. M. Q.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D. Herdabilidades e correlações entre caracteres de linhagens de feijão obtidas em monocultivo e em consórcio com o milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 6, p. 1031-1037, nov./dez. 2003.

LIMA, L. R. L. **Cruzamentos dialélicos para resistência a *Macrophomina phaseolina* e a *Thanatephorus cucumeris* em feijão-caupi**. 2015. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2015.

LIMA, L. R. L.; DAMASCENO-LIMA, K. J.; NORONHA, M. A.; SCHURT, D. A.; ROCHA, M. M. Diallel crosses for resistance to *Macrophomina phaseolina* and *Thanatephorus cucumeris* on cowpea. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, p. 1-11, Sep. 2017.

- LIMA, S. R. **Diversidade entre variedades crioulas de feijão-caupi do Acre**. 2016. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2016.
- LÔBBE, H. **Estudo sobre doze variedades de caupi**. Rio de Janeiro: Ministério da Agricultura, Indústria e Comércio, 1925.
- LOPES, A. C. de A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. de M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59, n. 2, p. 341-348, abr./jun. 2002.
- LOPES, A. C. de A.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA, R. B. Q. da; CAMPOS, F. L.; ROCHA, M. de M. Variabilidade e correlações entre caracteres agrônômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 2, p. 515-520, mar. 2001.
- LOPES, L. M.; SOUSA, A. H.; SANTOS, V. B. dos; SILVA, G. N.; ABREU, A. O. Development rates of *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera: Chrysomelidae) in landrace cowpea varieties occurring in southwestern Amazonica. **Journal of Stored Products Research**, Amsterdam, v. 76, n. 2, p. 111-115, Mar. 2018.
- LORENCETTI, C. **Capacidade combinatória de genitores e suas implicações no desenvolvimento de progênes superiores em aveia (*Avena sativa* L.)**. 2004. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Capão do Leão, 2004.
- MACHADO, C. de F.; TEIXEIRA, N. J. P.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. de M.; GOMES, R. L. F. Identificação de genótipos de feijão-caupi quanto à precocidade, arquitetura da planta e produtividade de grãos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 39, n. 1, p. 114-123, jan./mar. 2008.
- MACHADO, C. de F.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; COSTA, D. S. S.; AMORIM, A. F. de. Herança da inflorescência composta da cultivar de feijão-caupi cacheado. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 5, p. 1347-1350, set./out. 2007.
- MALUF, W. R.; FERREIRA, P. E. Análise multivariada da divergência genética em feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 1, n. 2, p. 31-34, nov. 1983.
- MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, Birmingham, v. 27, n. 2, p. 209-202, Feb. 1967.
- MARINHO, J. T. de S.; COSTA, J. G. da; PEREIRA, R. de C. A.; CUNHA, E. T. **Seleção massal na população de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) "carioca pitôco" em Rio Branco-Acre**. Rio Branco: Embrapa Acre, 1997.
- MARTINS, I. S.; PIRES, I. E.; OLIVEIRA, M. C. de. Divergência genética em progênes de uma população de *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 9, n. 1, p. 81-89, jan./dez. 2002.
- MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. de A. Potencial produtivo de progênes de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 2, p. 348-354, mar./abr. 2009.

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; LOPES, A. C. de A.; NUNES, J. A. R. Herança de caracteres relacionados à arquitetura da planta em feijão-caupi. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 4, p. 599-604, abr. 2014.

MEDEIROS, G. S.; CABRAL, P. D. S.; SILVA, F. H. L. e; FREITAS, J. C. de O.; CAMPOS, H. R. de; CARRIJO, A. M. M. F. Agronomic performance and estimated genetic diversity among soybean inbred lines based on quantitative traits. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 28, n. 3, p. 1-7, Dez. 2024.

MEDEIROS, J. E. de. **Caracterização morfológica, agronômica e análise multivariada de genótipos de feijão-caupi**. 2018. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2018.

MELO, R. de A. **Caracterização morfo-agronômica e molecular, processamento mínimo e utilização de raios X em sementes de feijão-caupi [Vigna unguiculata (L.) Walp]**. 2010. Tese (Doutorado em Fitotecna) - Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, Piracicaba, 2010.

MIRANDA, P.; COSTA, A. F.; Comportamento de cultivares de *Vigna unguiculata* (L.) Walp., nos sistemas solteiro e consorciado. VI - Tipos ereto e semi-ereto. **Pesquisa Agropecuária Pernambucana**, Recife, v. 9, n. 1, p. jan./dez. 1996.

MORETO, A. L.; RAMALHO, M. A. P.; NUNES, J. A. R.; ABREU, A. de F. B. Estimação dos componentes de variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p. 1035-1042, jul./ago. 2007.

MORO, G. L.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, C. S.; OLIVEIRA, A. B. de. Correlações entre alguns caracteres agronômicos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Revista Ceres**, Viçosa, v.39, n. 223, p.225-232, mar./abr. 1992.

MWALE, S. E.; SSEMAKULA, M. O.; SADIK, K.; ALLADASSI, B.; RUBAIHAYO, P.; GIBSON, P.; SINGINI, W.; EDEMA, R. Estimates of combining ability and heritability in cowpea genotypes under drought stress and non-stress conditions in Uganda. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, Sapele, v. 9, n. 2, p. 10-18, Feb. 2017.

NANTALE, G.; WASSWA, P.; EDGAR, M.; RICHARD, T.; PAPARU, P.; DRAMADRI, I. O. Combining ability of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) genotypes for resistance to cowpea bacterial blight in Uganda. **American Journal of Agricultural Science, Engineering, and Technology**, Delaware, v. 7, n. 1, p. 21-28, Jan. 2023.

NASCIMENTO, I. R.; MALUF, W. R.; FARIA, M. V.; VALLE, L. A. C.; MENESES, C. B.; BENITES, F. R. G. Capacidade combinatória e ação gênica na expressão de caracteres de importância econômica em pimentão. **Ciência e agrotecnologia**, Lavras, v. 28, n. 2, p. 251-260, mar./abr. 2004.

OLIVEIRA, A. P. de; TAVARES SOBRINHO, J.; NASCIMENTO, J. T.; ALVES, A. U.; ALBUQUERQUE, I. C. de; BRUNO, G. B. Avaliação de linhagens e cultivares de feijão-caupi, em Areia, PB. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 180-182, jun. 2002.

OLIVEIRA, D. R. de; SANTOS, V. B. dos; MARINHO, J. T.; SIVIERO, A.; NASCIMENTO, F. S. S.; LOPES, L. M.; COSTA, K. B. A. da; SILVA, L. S. Variabilidade de variedades tradicionais de feijão-caupi do Acre. *In*: Congresso Nacional de Feijão-caupi, 3., 2013, Recife. **Anais** [...]. Recife: Instituto Agrônômico de Pernambuco, 2013. p. 1-4.

OLIVEIRA, E. de; MATTAR, E. P. L.; ARAÚJO, M. L. de; JESUS, J. C. S. de; NAGY, A. C. G.; SANTOS, V. B. dos. Descrição de cultivares locais de feijão-caupi coletados na microrregião Cruzeiro do Sul, Acre, Brasil. **Acta Amazonica**, Manaus, v. 45, n. 3, p. 243-254, set. 2015.

OLIVEIRA, E. J.; FRAIFE FILHO, G. de A.; FREITAS, J. P. X. de; DANTAS, J. L. L.; RESENDE, M. D. V. de. Plant selection in F₂ segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 3, p. 191-198, jul./set. 2012.

OLIVEIRA, E. C. A. M.; OLIVEIRA JUNIOR, W. P. de; OLIVEIRA, J. das D. D.; FURMIGARE, N. S.; PELUZIO, J. M. Divergência genética em linhagens de soja visando a produção de biodiesel no Estado do Tocantins. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 30, n. 1, p. 113-122, jan./mar. 2019.

OLIVEIRA, F. J. de; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J. da; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. dos. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 5, p. 605-611, maio 2003.

OLIVEIRA, I. P.; CARVALHO, A. M. A. A cultura do caupi nas condições de clima e solo dos trópicos úmidos e semi-áridos do Brasil. *In*: ARAÚJO, J. P. P. de; WATT, E. E. (ed.). **O caupi no Brasil**. Brasília: IITA/Embrapa, 1988. p. 69-89.

OLIVEIRA, R. M. de M.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; LOPES, A. C. de A.; BERNARDO, K. A. da S.; CRUZIO, A. S. Diallel analysis in cowpea aiming at selection for extra-earliness. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 16, n. 3, p. 167-173, jul./set. 2016.

OWUSU, E. Y.; HARUNA, M.; MANIGBEN, K. A.; ADJEBENG-DANQUAH, J.; KUSI, F.; KARIKARI, B.; SIE, E. K. Diallel Analysis and Heritability of Grain Yield, Yield Components, and Maturity Traits in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **The Scientific World Journal**, London, v. 2020, n.1, Aug. 2020.

OWUSU, E. Y.; KARIKARI, B.; KUSI, F.; HARUNA, M.; AMOAH, R. A.; ATTAMAH, P.; ADAZEBRA, G.; SIE, E. K.; ISSAHAKU, M. Genetic variability, heritability and correlation analysis among maturity and yield traits in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) in Northern Ghana. **Heliyon**, Cambridge, v. 7, n. 9, p. 1-9, Sep. 2021.

PADULOSI, S.; NG, N. Q. Origin taxonomy, and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. *In*: SINGH, B. B.; MOHAN RAJ, D. R.; DASHIELL, K. E.; JACKAI, L. E. N. (ed.). **Advances in cowpea research**. Ibadan: International Institute of Tropical Agriculture (IITA), 1997. p. 1-12

PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; CRUZ, P. J.; ROCHA, M. de M.; CRUZ, E. M. de O.; ROCHA, M. A. C. da.; BAHIA, H. F.; SALDANHA, R. B. Divergência genética em feijão-caupi. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 579-586, 2007.

PELUZIO, J. M.; LOPES, L. A.; CARVALHO, E. V. de; AFFÉRRI, F. S.; DOTTO, M. A. Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 57, n. 1, p. 1-8, jan./mar. 2014.

PEREIRA, J. A. da S. **Seleção massal e individual em variedades crioulas de milho do Acre**. 2021. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre, Rio Branco - AC, 2021.

PESSOA, A. M. dos S.; BERTINI, C. H. C. de M.; CASTRO, E. B. de L.; FREITAS, L. M. de; ARAÚJO, L. B. R. Genetic parameters and selection indices of cowpea genotypes for green grain production. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 36, n. 2, p. 310-319, abr./jun. 2023.

PESSOA, A. M. dos S.; BERTINI, C. H. C. de M.; COSTA, E. M. da; CASTRO, E. B. de L.; SILVA, A. R. da; MESQUITA, R. O.; SILVA, A. K. F. da. Prospection of cowpea genotypes for green-grain production. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 53, n. 1, p. 1-8, jul. 2022.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agronômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos**. Piracicaba: FEALQ, 2002.

PIMENTEL, A. J. B.; SOUZA, M. A. de; CARNEIRO, P. C. S.; ROCHA, J. R. do A. S. de C.; MACHADO, J. C.; RIBEIRO, G. Análise dialélica parcial em gerações avançadas para seleção de populações segregantes de trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 12, p. 1555-1561, dez. 2013.

POONI, H. S.; JINKS, J. L.; CORNISH, M. A. The causes and consequences of non-normality in predicting the properties of recombinant inbred lines. **Heredity**, Glasgow, v. 38, n. 3, p. 329-338, June 1977.

POTTORFF, M.; EHLERS, J. D.; FATOKUN, C.; ROBERTS, P. A.; CLOSE, T. J. Leaf morphology in Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp]: QTL analysis, physical mapping and identifying a candidate gene using synteny with model legume species. **BMC Genomics**, London, v. 13, n. 234, p. 1-12, June 2012.

PRATA, F. da C. **Principais culturas do Nordeste**. Fortaleza: Imprensa Universitária do Ceará, 1969.

PREMSEKAR, S.; RAMAN, V. S. A genetic analysis of the progenies of the hybrid *Vigna sinensis* (L.) Savi. and *Vigna sesquipedalis* (L.) Fruw. **Madras Agricultural Journal**, Tamil Nadu, v. 59, n. 12, p. 449-456, Dec. 1972.

RAMALHO, M. A. P.; ARAÚJO, L. C. A. Breeding self-pollinated plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, n. 1/2, p. 1-7, abr./jun. 2011.

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

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A. de; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. de. **Genética na agropecuária**. Lavras: Editora UFLA, 2012b.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, A. J. N. dos; ZIMMERMANN, M. J. de O. **Genética quantitativa aplicada em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora UFG. 1993.

RAMALHO, M. A. P.; VENCOSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 2, n. 2, p. 117-140, jul./dez. 1978.

RANI, C. S.; ANANDAKUMAR, C. R.; RAVEENDRAN, M.; SUBRAMANIAN, K. S.; ROBIN, S. Genetic variability studies and multivariate analysis in F2 segregating populations involving medicinal rice (*Oryza sativa* L.) Cultivar Kavuni. **International Journal of Agriculture Sciences**, Athens, v. 8, n. 35, p. 1733-1735, Sep. 2016.

RAVELOMBOLA, W.; QIN, J.; SHI, A.; WENG, Y.; BHATTARAI, G.; DONG, L.; MORRIS, J. B. A SNP-based association analysis for plant growth habit in worldwide cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) Germplasm. **Euphytica**, Amsterdam, v. 213, n. 12, p. 271-284, Dec. 2017.

RENAC. Reunião Nacional de Pesquisa de Caupi, 4., 1996, Teresina. **Resumos...** Teresina: Embrapa-CPAMN, 1996.

RENAC. Reunião Nacional de Pesquisa de Caupi, 5., 2001, Teresina. **Avanços tecnológicos no feijão-caupi: anais**. Teresina: Embrapa Meio Norte, 2001.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F. de; ROSA, G. M. de; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233-240, mar./abr. 2012.

ROBSON, D. S. Applications of the k 4 statistic to genetic variance component analyses. **Biometrics**, Washington, v. 12, n. 4, p. 433-444, Dec. 1956.

ROCHA, F. da; STINGHEN, J. C.; GEMELI, M. A.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Análise dialéctica como ferramenta na seleção de genitores em feijão. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 45, n. 1, p. 74-81, jan./mar. 2014.

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

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

ROCHA, M. de M.; SILVA, K. J. D. e; MANEZES JÚNIOR, J. A. N. de; HASHIMOTO, J. M.; NEVES, A. C. das; SOUSA, F. M. de. **Feijão-caupi: melhoramento para o avanço da cultura**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2016.

RODRIGUES, E. V.; DASMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. de M.; BASTOS, E. A. Diallel analysis to obtain cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) populations tolerant to water deficit. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 2, p. 1-8, May 2016.

RODRIGUES, E. V.; DASMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. de M.; BASTOS, E. A.; SANTOS, A. dos. Diallel analysis of tolerance to drought in cowpea genotypes. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 31, n. 1, p. 40-47, jan./mar. 2018.

ROMANUS, K. G.; HUSSEIN, S.; MASHELA, W. P. Combining ability analysis and association of yield and yield components among selected cowpea lines. **Euphytica**, Amsterdam, v. 162, n. 2, p.205-210, July 2008.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2001.

SABALE, G. R.; BHAVE, S. G.; DESAI, S. S.; DALVI, M. B.; PAWAR, P. R. Variability, Heritability and Genetic Advance Studies in F2 Generation of Cowpea (*Vigna unguiculata* sub sp. *unguiculata*). **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, Tamilnadu, v. 7, n. 9, p. 3314-3320, Sep. 2018.

SAKHAMO, K.; DEO, C.; BHUTIA, N. D.; SINGH, S.; SINGH, B.; KUMAR, P.; DUTTA, R. DEBBARMA, A.; DEVI, N. M.; SOUMYA, B. K. Evaluation of Morphological Traits in Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] Genotypes Cultivated in North-East India. **International Journal of Environmental and Climate Change**, London, v. 13, n. 11, p. 1161-1168, Dec. 2023.

SANTILLI, J. A agrobiodiversidade e os direitos dos agricultores: regime jurídico internacional e sua implementação no Brasil. In: MATTAR, E. P. L.; OLIVEIRA, E. de; SANTOS, R. C. dos; SIVIERO, A. (org.). **Feijões do Vale do Juruá**. Rio Branco: IFAC, 2017. p. 21-66.

SANTOS, A. dos; CECCON, G.; CORREA, A. M.; DURANTE, L. G. Y.; REGIS, J. A. V. B. Análise genética e de desempenho de genótipos de feijão-caupi cultivados na transição do cerrado-pantanal. **Cultivando o Saber**, Cascavel, v. 5, n. 4, p. 87-102, dez. 2012.

SANTOS, C. A. F.; MENEZES, E. A.; ARAUJO, F. P. de. Divergência genética em genótipos de feijão-de-corda avaliados em dois ambientes. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 44, n. 251, p. 35-42, maio/jun. 1997.

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, v. 22, n. 2, jul. 2004.

SANTOS, E. R. dos; BARROS, H. B.; CAPONE, A.; MELO, A. V. de; CELLA, A. J. da S.; SANTOS, W. R. dos. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 7, n. 2, p. 247-254, mar./jun. 2012.

SANTOS, J. A. da S.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; SOARES, C. M. G.; RIBEIRO, L. P.; ABREU, H. K. A. de. Desempenho agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-caupi cultivados no ecótono Cerrado/Pantanal. **Bragantia**, Campinas, v. 73, n. 4, p. 377-382, out./dez. 2014.

SANTOS, J. B. dos; VENCOVSKY, R. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 9, p. 957-963, set. 1986b.

- SANTOS, J. B. dos; VENCOVSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Prática**, Lavras, v. 10, n. 3, p. 265-272, set./dez. 1986a.
- SANTOS, J. B. dos; VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. Controle genético da produção de grãos e de seus componentes primários em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 10, p. 1203-1211, out. 1985.
- SANTOS, J. L. C. dos; LEITE, W. de S.; SOUSA, A. V. A. R. de; LIMA, W. R.; DINIZ, F. O.; LIMA, G. N. Genetic diversity and importance of agronomic traits in cowpea genotypes in conditions of low technological level in Piauí. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 70, n. 6, p. 1-9, out./nov. 2023.
- SEBBENN, A.M.; SIQUEIRA, A. C. M. de F.; GARRIDO, L. M. do A. G.; ARGERAMI, E. M. R. de A. Variabilidade genética e interação genótipo x locais em jequitibá-rosa - *Cariniana legalis* (Mart.) O. Ktze. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 12, n. 1, p. 13-23, jun. 2000.
- SELLSCHOP, J. P. F. Cowpeas: *Vigna unguiculata* (L.) Walp. **Field Crop Abstracts**, Slough, v. 15, n. 4, p. 259-266, Oct./Dec. 1962.
- SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. An analysis of variance test for normality (complete samples). **Biometrika**, Oxford, v. 52, n. 3/4, p. 591-611, Dec. 1965.
- SHARMA, A.; MISHRA, S. P.; GOUR, L. Heritable relationship and variability of yield and yield determinants in cow pea. **International Journal of Chemical Studies**, Delhi, v. 7, n. 3, p. 3605-3611, May/June 2019.
- SILVA, J. A. L. da; NEVES, J. A. Componentes de produção e suas correlações em genótipos de feijão-caupi em cultivo de sequeiro e irrigado. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 42, n. 3, p. 702-713, jul./set. 2011.
- SILVA, L. C. da. **Estratégias de condução de populações segregantes no melhoramento genético do feijoeiro**. 2009. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2009.
- SILVA, M. P. da; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RODRIGUES, R.; DAHER, R. F.; LEAL, N. R. Análise dialéctica da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 2, p. 277-280, abr.jun. 2004
- SILVA, P. C. da. **Divergência genética, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum na região Centro Sul de Mato Grosso do Sul**. 2022. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, 2022.
- SIVIERO, A.; SANTOS, V. B. dos; SANTOS, R. C. dos; MARINHO, J. T. de S. Caracterização das principais variedades locais de feijão comum e caupi do Acre. In: MATTAR, E. P. L.; OLIVEIRA, E. de; SANTOS, R. C. dos; SIVIERO, A. (org.). **Feijões do Vale do Juruá**. Rio Branco: IFAC, 2017. p. 129-165.
- SINGH, K.B.; JINDLA L.N. Inheritance of bud and pod color, pod attachment and growth habit cowpeas. **Crop Science**, Texas, v.11, n. 6, p.928-929, Nov./Dec. 1971.
- SINGH, B. D. **Plant breeding: principles and methods**. New Delhi: Kalyani Publishers, 2001.

SOUSA, G. A.; SIVIERO, A.; BRAGA, A. da S.; BASSINELLO, P. Z.; SANTOS, R. C. dos; FELISBERTO, F. A. V.; TEIXEIRA, M. C. Qualidade nutricional e armazenamento de variedades de feijão-caupi cultivados no Juruá, Acre. **Delos**, Curitiba, v. 16, n. 43, p. 752-773, abr. 2023.

SOUSA, J. W. de. Características climáticas do município de Rio Branco, Acre, período de 1990-2019. **Scientia Naturalis**, Rio Branco - AC, v. 2, n. 2, p. 723-740, ago. 2020.

SOUSA, N. R. Processos genético-evolutivos e os recursos fitogenéticos. In: SOUSA, N. R.; SOUZA, A. G. C. (Eds.) **Recursos fitogenéticos na Amazônia Ocidental: Conservação, pesquisa e utilização**. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental, 2002. p. 19-26.

SOUSA, S.; TAVARES, T.; BARROS, H.; NASCIMENTO, I.; SANTOS, V.; FIDELIS, R. Divergência genética de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) no sul do Tocantins. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 40, n. 2, p. 419-429, abr./jun. 2017.

SOUZA, S. M. S. de. **Variabilidade morfoagronômica de variedades tradicionais de feijão-caupi do Acre**. 2016. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre, Rio Branco - AC, 2016.

SOUZA, V. B. de; CARVALHO, A. J. de; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. de M.; LACERDA, M. L.; PEREIRA FILHO, I. A. Agronomic performance of cowpea elite lines in the states of Minas Gerais and Mato Grosso, Brazil. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 31, n. 1, p. 90-98, jan./mar. 2018.

STUDENT. The probable error of a mean. **Biometrika**, Oxford, v. 6, n. 1, p. 1-25, Mar. 1908.

TAWARE, S. P.; HALVANKAR, G. B.; RAUT, V. M.; PATIL, V. P. Variability, correlation and path analysis in soybean hybrids. **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v. 24, n. 1, p. 96-98, Dec. 1997.

TEIXEIRA, N. J. P.; MACHADO, C. de F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. de M.; GOMES, R. L. F. Produção, componentes de produção e suas inter-relações em genótipos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] de porte ereto. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 54, n. 314, p. 374-382, jul./ago. 2007.

TEÓFILO, E. M.; DUTRA, A. S.; PITOMBEIRA, J. B.; DIAS, F. T. C.; BARBOSA, F. de S. Potencial fisiológico de sementes de feijão caupi produzidas em duas regiões do Estado do Ceará. **Revista Ciência Agrônoma**, Fortaleza, v. 39, n. 3, p. 443-448, jul./set. 2008.

THORAT, A.; GADEWAR, R. D. Variability and correlation studies in cowpea (*Vigna unguiculata*). **International Journal for Environmental Rehabilitation and Conservation**, New Delhi, v. 4, n. 1, p. 44-49, May 2013.

TORRES, F. E.; DAVID, G. V.; TEODORO, P. E.; TIBEIRO, L. P.; CORREA, C. G.; LUZ JÚNIOR, R. A. Desempenho agrônomico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 38, n. 1, p. 111-117, jan./mar. 2015.

TORRES, S. B.; OLIVEIRA, F. N. de; OLIVEIRA, R. C. de; FERNANDES, J. B. Produtividade e morfologia de acessos de caupi, em Mossoró, RN. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 26, n. 4, p. 537-539, out./dez. 2008.

- VAL, B. H. P.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; BIZARI, E. H.; MAURO, A. O. D.; TREVISOLI, S. H. U. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência & Tecnologia**, Jaboticabal, v. 6, n. 1, p. 72-83, dez. 2014.
- VALE, N. M.; BARILI, L. D.; OLIVEIRA, H. M.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, F. L. Escolha de genitores quanto à precocidade e produtividade de feijão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 2, p. 141-148, fev. 2015.
- VALÉRIO, I. P.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; SOUZA, V. E. de; BENIN, G.; SCHMIDT, D. A. M.; RIBEIRO, G. NORNBORG, R.; LUCH, H. Combining ability of wheat genotypes in two models of diallel analyses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, n. 2, p. 100-107, abr./jun. 2009.
- VASCONCELLOS, N. J. S. de; CARVALHO, F. I. F. de; COIMBRA, J.; SILVA, S. A.; MARCHIORO, V. S.; AZEVEDO, R.; LORECETTI, C. Efeito do ambiente e correlação entre componentes do grão em genótipos de aveia cultivados no Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 2, n. 2, p. 85-88, maio/ago. 1998.
- VELLO, N. A.; VENCOVSKY, R. Erros associados às estimativas de parâmetros genéticos. *In*: Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria, 23., 1978, Campinas. **Anais [...]**. São Paulo: UNESP, 1978. p. 1-7.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992.
- VIANA, J. M. S.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A.; REGAZZI, A. J. Analysis of variance of partial diallel tables. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 1, p. 229-234, mar. 2000.
- VIANA, J. M. S. Heterosis and combining ability analyses from the partial diallel. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 1, p. 641-647, jan./mar. 2007.
- VIEIRA, S. **O que é assimetria (ou distorção) e como se mede?**. Disponível em: https://soniavieira.blogspot.com/2018/05/por-conta-de-umapergunta-sobre-questao_83.html. Acesso em: 04 fev. 2024.
- VIEIRA, S. **O que é curtose e como se mede?**. Disponível em: <https://soniavieira.blogspot.com/2018/11/curtose.html>. Acesso em: 04 fev. 2024.
- WATT, E. E. ARAÚJO, J. P. P. de; GUAZZELLI, R. J. Desenvolvimento de germoplasma de caupi. *In*: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CAUPI, 2., 1987, Goiânia. **Resumos...** Brasília: EMBRAPA-CNPAP, 1987. p. 46.
- XAVIER, A. **Aplicação da análise multivariada da divergência genética no melhoramento de *Eucalyptus* spp.** 1996. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.
- YOKOMIZO, G. K.; FARIAS NETO, J. T. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de pupunheira para palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.1, p.67-72, jan. 2003.

APÊNDICES

APÊNDICE A - Representação esquemática do experimento, com três tratamentos representados pelas cores amarela, azul e verde e distribuídos aleatoriamente, em delineamento inteiramente casualizado (DIC). Rio Branco - AC, UFAC, 2023

P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8
P9	P10	P11	P12	P13	P14	P15	P16
P17	P18	P19	P20	P21	P22	P23	P24
P25	P26	P27	P28	P29	P30	P31	P32
P33	P34	P35	P36	P37	P38	P39	P40
P41	P42	P43	P44	P45	P46	P47	P48
P49	P50	P51	P52	P53	P54	P55	P56
P57	P58	P59	P60	P61	P62	P63	P64
P65	P66	P67	P68	P69	P70	P71	P72

APÊNDICE B - Representações fotográficas do início do experimento, realizado em vasos, com os três tratamentos representados por fitas adesivas amarelas (Manteigão x Manteiguinha Vermelho), azuis (Manteiguinha Vermelho x Leite) e verdes (Manteigão x Leite), em DIC. Rio Branco - AC, UFAC, 2024



APÊNDICE C - Representações fotográficas da condução do experimento, em vasos, nos estádios de emergência de plântula, emissão de folhas primárias e florescimento. Rio Branco - AC, UFAC, 2023



APÊNDICE D - Representações fotográficas da realização da primeira colheita e das vagens em estágio de maturação fisiológica. Rio Branco - AC, UFAC, 2023



APÊNDICE E - Verificação de dados discrepantes (Grubbs), normalidade dos erros (Shapiro-Wilk) e homogeneidade das variâncias (Bartlett) das variáveis altura de plantas (ALP), porte de crescimento (PCP), hábito de crescimento (HCP), número de vagens (NVP), comprimento de vagens (CVP), massa de vagens (MVP), número de lóculos (NLV), número de grãos (NGP), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG). Rio Branco - AC, UFAC, 2023

Variáveis	Grubbs	Transformação	Bartlett	Shapiro-Wilk
			p-Valor	
ALP	NR	-	0,092	0,412
PCP	NR	-	0,000	0,022
HCP	R	-	0,000	0,000
NVP	NR	-	0,235	0,371
CVP	NR	-	0,275	0,866
MVP	NR	-	0,101	0,398
NLV	NR	-	0,943	0,218
NGP	R	-	0,001	0,085
NGP	NR	\sqrt{x}	0,057	0,856
MGP	NR	-	0,755	0,302
CMG	NR	-	0,972	0,542
LMG	NR	-	0,515	0,455
EMG	NR	-	0,682	0,404

Notas: 1 - NR: não rejeita-se a hipótese da nulidade; R: rejeita-se a hipótese da nulidade;

2 - Os dados da variável número de grãos foram transformados em \sqrt{x} para atender a normalidade dos erros e/ou homogeneidade das variâncias.

APÊNDICE F - Análise de variância da variável altura de plantas. Rio Branco - AC, UFAC, 2023

Fonte de variação	GL	Quadrado médio
		ALP
Cruzamentos	2	3807,8602*
Resíduo	48	992,4304
Total	50	-
CV (%)		19,05

Nota: 1 - * significativo a 5% ($p \leq 0,05$).

APÊNDICE G - Análise de variância das variáveis número de vagens (NVP) e número de lóculos (NLV). Rio Branco - AC, UFAC, 2024

Fonte de variação	GL	Quadrados médios	
		NVP	NLV
Cruzamentos	2	77,4902*	4,3118*
Resíduo	48	9,6593	0,4943
Total	50	-	-
CV (%)		30,42	4,12

Nota: 1 - * significativo a 5% ($p \leq 0,05$).

APÊNDICE H - Análise de variância das variáveis comprimento de vagens (CVP) e massa de vagens (MVP). Rio Branco - AC, UFAC, 2024

Fonte de variação	GL	Quadrados médios	
		CVP	MVP
Cruzamentos	2	1573,0425*	98,1855*
Resíduo	48	199,0377	27,2215
Total	50	-	-
CV (%)		9,80	25,44

Nota: 1 - * significativo a 5% ($p \leq 0,05$).

APÊNDICE I - Análise de variância das variáveis número de grãos (NGP) e massa de grãos (MGP). Rio Branco - AC, UFAC, 2024

Fonte de variação	GL	Quadrados médios	
		NGP	MGP
Cruzamentos	2	42,32*	93,95*
Resíduo	48	2,81	18,49
Total	50	-	-
CV (%)		16,35	26,29

Nota: 1 - * significativo a 5% ($p \leq 0,05$).

APÊNDICE J - Análise de variância das variáveis comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG). Rio Branco - AC, UFAC, 2024

Fonte de variação	GL	Quadrados médios		
		CMG	LMG	EMG
Cruzamentos	2	17,6257*	1,0437*	1,2334*
Resíduo	48	0,3968	0,2070	0,1244
Total	50	-	-	-
CV (%)		8,24	7,74	7,38

Nota: 1 - * significativo a 5% ($p \leq 0,05$).

APÊNDICE K - Meia-tabela dos cruzamentos em esquema dialélico para as variáveis altura de plantas (ALP, em cm), número de vagens (NVP), comprimento de vagens (CVP, em mm), massa de vagens (MVP, em g), número de lóculos (NLV), número de grãos (NGP), massa de grãos (MGP, em g), comprimento de grãos (CMG, em mm), largura de grãos (LMG, em mm) e espessura de grãos (EMG, em mm). Rio Branco - AC, UFAC, 2024

Altura de plantas (ALP)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	173,29	174,69	347,98
MTV		-	148,09	321,38
LTE			-	322,78
Total				496,07
Número de vagens (NVP)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	12,18	7,94	20,12
MTV		-	10,53	22,71
LTE			-	18,47
Total				30,65
Comprimento de vagens (CVP)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	133,48	152,36	285,84
MTV		-	146,15	279,63
LTE			-	298,51
Total				431,99
Massa de vagens (MVP)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	21,07	17,87	38,94
MTV		-	22,58	43,65
LTE			-	40,45
Total				61,52
Número de lóculos (NLV)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	16,71	16,78	33,49
MTV		-	17,61	34,32
LTE			-	34,39
Total				51,10

continuação

Número de grãos (NGP)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	131,71	72,24	203,94
	-	11,34	8,43	19,77
MTV		-	123,65	123,65
		-	10,95	10,95
LTE			-	-
			-	-
Total				327,59
				30,73
Massa de grãos (MGP)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	17,16	13,71	30,87
MTV		-	18,21	35,37
LTE			-	31,92
Total				49,08
Comprimento de grãos (CMG)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	6,95	8,82	15,77
MTV		-	7,17	14,12
LTE			-	15,99
Total				22,94
Largura de grãos (LMG)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	5,65	6,14	11,79
MTV		-	5,85	11,50
LTE			-	11,99
Total				17,64
Espessura de grãos (EMG)				
Variedades	MTG	MTV	LTE	Totais
MTG	-	4,51	5,05	9,56
MTV		-	4,78	9,29
LTE			-	9,83
Total				14,34

Nota: 1 - MTG: Manteigão; MTV: Manteiguinha vermelho; e LTE: Leite.

APÊNDICE L - Análises complementares parciais da variância, em dialelo, das variáveis altura de plantas (ALP), número de vagens (NVP), número de lóculos (NLV), comprimento de vagens (CVP), massa de vagens (MVP), número de grãos (NGP), massa de grãos (MGP), comprimento de grãos (CMG), largura de grãos (LMG) e espessura de grãos (EMG). Rio Branco - AC, UFAC, 2024

Fonte de variação	GL	Quadrado médio	
		ALP	
CGC	2	223,99*	
Resíduo	48	58,38	
CV (%)		19,05	

Fonte de variação	GL	Quadrados médios	
		NVP	NLV
CGC	2	4,56*	0,25*
Resíduo	48	0,57	0,03
CV (%)		30,42	4,13

Fonte de variação	GL	Quadrados médios	
		CVP	MVP
CGC	2	92,54*	5,78*
Resíduo	48	11,71	1,60
CV (%)		9,80	25,44

Fonte de variação	GL	Quadrados médios	
		NGP	MGP
CGC	2	2,49*	5,53*
Resíduo	48	0,17	1,09
CV (%)		16,37	26,28

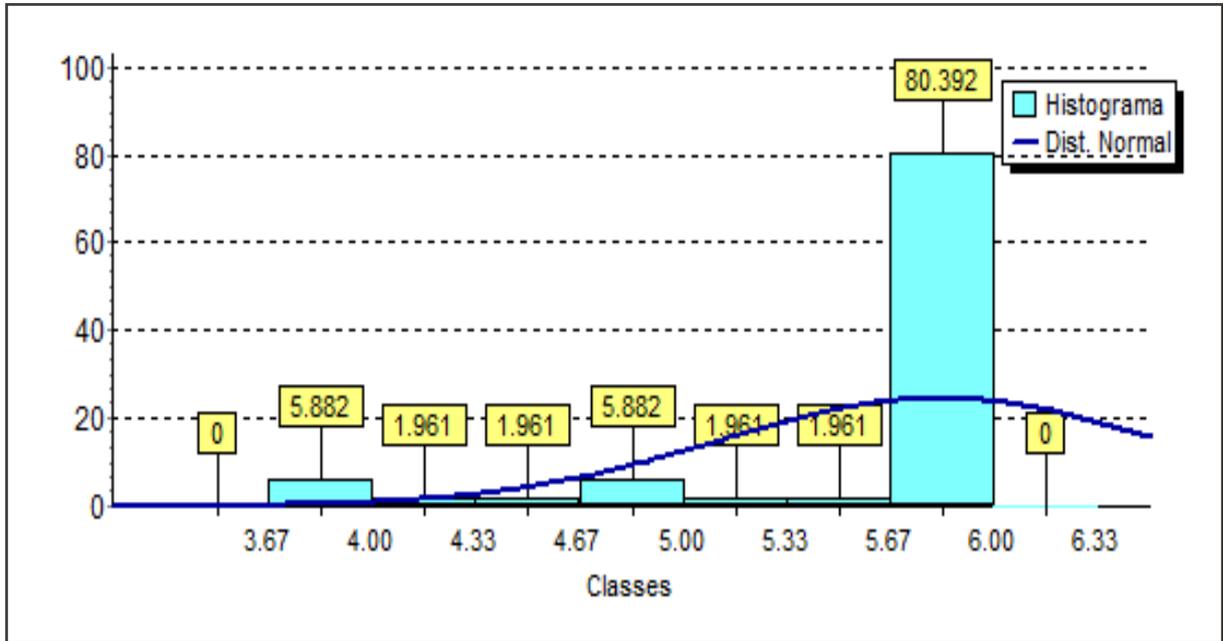
Fonte de variação	GL	Quadrados médios	
		CMG	LMG
CGC	2	92,54*	5,78*
Resíduo	48	11,71	1,60
CV (%)		9,80	9,80

Fonte de variação	GL	Quadrado médio	
		EMG	
CGC	2	223,99*	
Resíduo	48	58,38	
CV (%)		19,05	

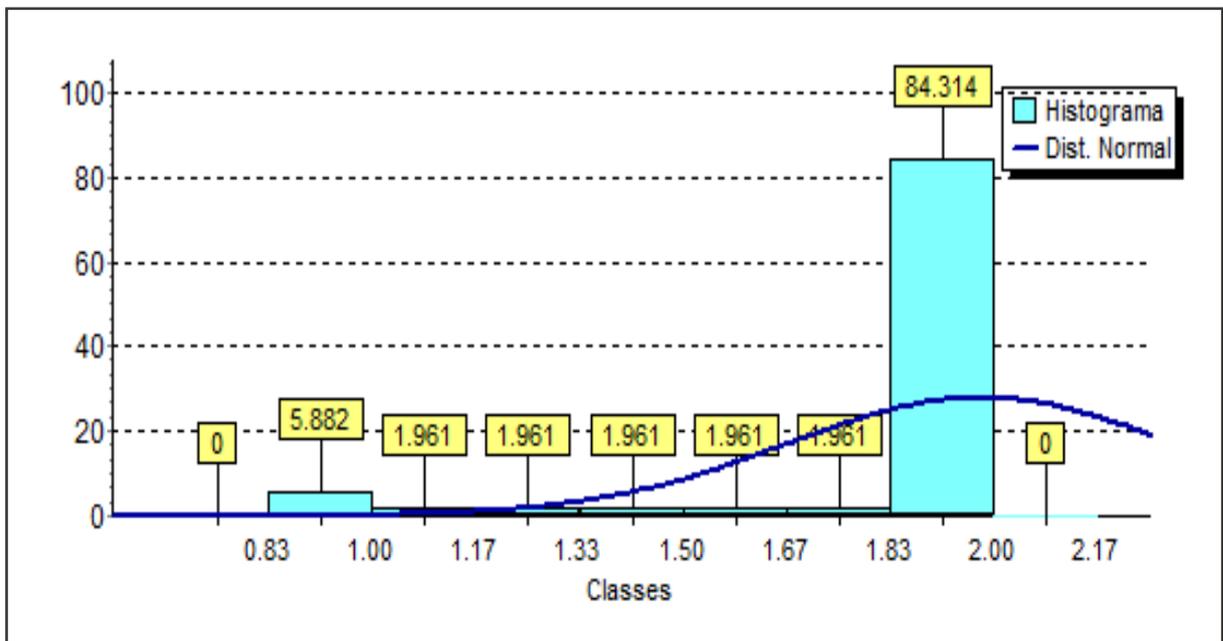
Notas: 1 - * significativo a 5% ($p \leq 0,05$);

2 - Análise complementar parcial tendo em vista que considera apenas a capacidade geral de combinação (CGC).

APÊNDICE M - Histograma e curva de distribuição normal para a variável Porte de crescimento de plantas (PCP), avaliada durante o experimento. Rio Branco - AC, UFAC, 2024



APÊNDICE N - Histograma e curva de distribuição normal para a variável Hábito de crescimento de plantas (HCP), avaliada durante o experimento. Rio Branco - AC, UFAC, 2024



APÊNDICE O - Representações fotográficas das sementes F₃ dos cruzamentos Manteigão x Manteiguinha Vermelho (A), Manteiguinha Vermelho x Leite (B) e Manteigão x Leite (C). Rio Branco - AC, UFAC, 2023

