

MÁRCIA SILVA DE MENDONÇA

**CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJÃO-CAUPI  
PELOS MÉTODOS DESCENDENTE DE UMA ÚNICA  
SEMENTE E BULK DENTRO DE FAMÍLIAS F<sub>2</sub>**

RIO BRANCO - AC

2025

MÁRCIA SILVA DE MENDONÇA

**CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJÃO-CAUPI  
PELOS MÉTODOS DESCENDENTE DE UMA ÚNICA  
SEMENTE E BULK DENTRO DE FAMÍLIAS  $F_2$**

Tese 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 Doutora em Produção Vegetal.

Orientador: Dr. Vanderley Borges dos Santos

RIO BRANCO - AC

2025

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC

---

M539c Mendonça, Márcia Silva de, 1991 -  
Condução de populações segregantes de feijão-caupi pelos métodos descendente de uma única semente e bulk dentro de famílias F<sub>2</sub> / Márcia Silva de Mendonça; orientador: Dr. Vanderley Borges dos Santos. – 2025.  
108 f.:il; 30 cm.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Acre, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de concentração em Produção Vegetal, Rio Branco, 2025.

Inclui referências bibliográficas.

1. *Vigna unguiculata*. 2. Métodos de melhoramento. 3. Seleção de progêneres. I. Santos, Vanderley Borges dos. II. Título.

---

CDD: 338.1

MÁRCIA SILVA DE MENDONÇA

**CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJÃO-CAUPI PELOS  
MÉTODOS DESCENDENTE DE UMA ÚNICA SEMENTE E BULK  
DENTRO DE FAMÍLIAS F<sub>2</sub>**

Tese 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 Doutora em Produção Vegetal.

Orientador: Dr. Vanderley Borges dos Santos

APROVADA em 24 de fevereiro 2025

**BANCA EXAMINADORA**

Documento assinado digitalmente

 VANDERLEY BORGES DOS SANTOS  
Data: 18/03/2025 13:12:33-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

**Dr. Vanderley Borges dos Santos**

Universidade Federal do Acre (Presidente)

Documento assinado digitalmente

 GRACIELE SIMONETI DA SILVA HOFFMANN  
Data: 17/03/2025 15:15:50-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

**Dra. Graciele Simoneti da Silva Hoffmann**

Instituto Federal do Acre (Membro)

Documento assinado digitalmente

 LIDIANNE ASSIS SILVA  
Data: 17/03/2025 16:50:24-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

**Dra. Lidianne Assis Silva**

Universidade Federal do Acre (Membro)

Documento assinado digitalmente

 DAVAIR LOPES TEIXEIRA JUNIOR  
Data: 18/03/2025 12:27:50-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

**Dr. Davair Lopes Teixeira Júnior**

Instituto Federal do Acre (Membro)

Documento assinado digitalmente

 ADRIELE GIARETTA BIASE  
Data: 18/03/2025 12:23:07-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

**Dra. Adriele Giaretta Biase**

Universidade Federal do Acre (Membro)

*Aos meus amados filhos, Vítor Hugo e Murilo Vinicius,  
Dedico com todo o meu amor e carinho, oferecendo a vocês não apenas  
palavras, mas também o meu coração e os ensinamentos que  
espero que os acompanhem ao longo de suas vidas.*

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por sempre me guiar e me conceder saúde e forças para nunca desistir.

Ao Dr. Vanderley Borges dos Santos, pela excelente orientação, profissionalismo e ensinamentos transmitidos.

Aos professores do PPGPV/UFAC pelos preciosos ensinamentos e conhecimentos científicos transmitidos que serão fundamentais ao longo da minha vida.

Aos membros da banca examinadora Dra Adriele G. Biase, Dr. Davair L. Teixeira Júnior, Dra. Lidianne A. Silva e Dra Graciele Hoffmann pela colaboração.

À Universidade Federal do Acre e ao Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal.

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

À minha família e amigos, pelo apoio e incentivo.

À Lúcia, pelo apoio, companheirismo e amizade.

Aos colegas do curso pós-graduação pela amizade e carinho.

Ao Heros Targanski pela contribuição inestimável ao realizar os cruzamentos e disponibilizar as sementes de populações segregantes de feijão-caupi para este estudo.

A todos, que de forma direta ou indireta contribuíram para que fosse possível realizar a conclusão deste trabalho, muito obrigada.

## RESUMO

A obtenção de variedades de feijão-caupi mais produtivas, com características de interesse e adaptadas às condições sazonais locais, são fundamentais para a segurança alimentar e o fortalecimento da agricultura. O objetivo deste estudo foi avaliar a eficiência dos métodos Descendente de uma Única Semente ou Single Seed Descent (SSD) e Bulk dentro de famílias  $F_2$  e (Bulk/ $F_2$ ) em populações segregantes de feijão-caupi, obtidas a partir do cruzamento entre as variedades Manteigão e Feijão de Corda. Os métodos foram implementados conforme suas respectivas descrições, com a população segregante conduzida até a geração  $F_6$  (SSD) e  $F_{4:5}$  (Bulk/ $F_2$ ). O método SSD foi realizado em delineamento inteiramente casualizado, com três repetições e nove progênies, em casa de vegetação. Em contrapartida, o método Bulk/ $F_2$  foi conduzido em delineamento de blocos casualizados, com 12 progênies na geração  $F_{2:3}$  e nove progênies nas gerações  $F_{3:4}$  e  $F_{4:5}$ , também com três repetições. Os métodos SSD e Bulk/ $F_2$  apresentam eficiências distintas. O SSD se destaca na identificação de progênies superiores, enquanto o Bulk/ $F_2$  é particularmente eficaz na preservação da variabilidade genética. O Bulk/ $F_2$  demonstrou resultados positivos em relação ao número de vagens, massa das vagens e massa de grãos, evidenciando sua capacidade de manter a diversidade genética. A seleção de progênies com base no desempenho produtivo foi mais eficiente pelo método Bulk/ $F_2$ , enquanto o SSD promoveu maior homogeneidade entre as progênies, sendo mais indicado para a seleção de características estáveis ao longo das gerações. Dessa forma, o uso do Bulk/ $F_2$  nas primeiras gerações é importante para preservar a diversidade genética e favorecer a seleção indireta de características produtivas. Já a utilização do SSD nas gerações avançadas permite identificar progênies superiores homogêneas, sendo estratégia eficiente para o melhoramento do feijão-caupi.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*. Métodos de melhoramento. Seleção de progênies.

## ABSTRACT

Obtaining more productive cowpea varieties with interesting characteristics and adapted to local seasonal conditions is essential for food security and strengthening agriculture. The objective of this study was to evaluate the efficiency of the Single Seed Descent (SSD) and Bulk methods within  $F_2$  and (Bulk/ $F_2$ ) families in segregating cowpea populations obtained from the cross between the Manteigão and Feijão de Corda varieties. The methods were implemented according to their respective descriptions, with the segregating population conducted up to the  $F_6$  (SSD) and  $F_{4:5}$  (Bulk/ $F_2$ ) generations. The SSD method was performed in a completely randomized design, with three replicates and nine progenies, in a greenhouse. In contrast, the Bulk/ $F_2$  method was conducted in a randomized block design, with 12 progenies in the  $F_{2:3}$  generation and nine progenies in the  $F_{3:4}$  and  $F_{4:5}$  generations, also with three replicates. The SSD and Bulk/ $F_2$  methods show different efficiencies. SSD stands out in identifying superior progenies, while Bulk/ $F_2$  is particularly effective in preserving genetic variability. Bulk/ $F_2$  demonstrated positive results in relation to the number of pods, pod weight and grain weight, evidencing its ability to maintain genetic diversity. The selection of progenies based on productive performance was more efficient by the Bulk/ $F_2$  method, while SSD promoted greater homogeneity among the progenies, being more suitable for the selection of stable characteristics over the generations. Thus, the use of Bulk/ $F_2$  in the first generations is important to preserve genetic diversity and favor the indirect selection of productive characteristics. The use of SSD in advanced generations allows the identification of superior homogeneous progenies, which is an efficient strategy for improving cowpea.

**Key words:** *Vigna unguiculata*. Breeding methods. Progeny selection.

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1 -</b>	Esquema representando o cruzamento entre duas variedades tradicionais de feijão-caupi: Manteigão ( $P_1$ ) e Feijão de corda ( $P_2$ ), resultando na geração $F_1$ . A geração $F_2$ foi obtida por autofecundação das plantas $F_1$ , originando a população segregante com ampla variabilidade genética.....	28
<b>Figura 2 -</b>	Local de condução dos experimentos com populações segregantes de feijão-caupi, indicando as áreas destinadas ao método Bulk/ $F_2$ (campo) e ao método SSD (casa de vegetação), na Horta da Universidade Federal do Acre (UFAC).....	29
<b>Figura 3 -</b>	Substrato e recipientes utilizados para o cultivo das populações de feijão-caupi pelo método descendentes de uma única semente (SSD) em casa de vegetação na Horta da UFAC.....	30
<b>Figura 4 -</b>	Esquema experimental e preparo da área para condução da população Bulk/ $F_2$ em campo na Horta da UFAC.....	32
<b>Figura 5 -</b>	Distribuição de frequências relativas para o comprimento da vagem, cm (A), número de vagens (B), massa de vagens, g (C) e massa de grãos, g (D) de nove progênieis de feijão-caupi provenientes do SSD $F_4$ , UFAC, 2022.....	40
<b>Figura 6 -</b>	Distribuição de frequências relativas para o comprimento da vagem, cm (A), número de vagens (B), massa de vagens, g (C) e massa de grãos, g (D) de nove progênieis de feijão-caupi provenientes do SSD $F_5$ , UFAC, 2023.....	41
<b>Figura 7 -</b>	Distribuição de frequências relativas para o comprimento da vagem, cm (A), número de vagens (B), massa de vagens, g (C) e massa de grãos, g (D) de nove progênieis de feijão-caupi provenientes do SSD $F_6$ , UFAC, 2024.....	43
<b>Figura 8 -</b>	Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progênieis de feijão-caupi método SSD, geração $F_4$ , na Horta da UFAC, 2022.....	44
<b>Figura 9 -</b>	Correlação de Pearson de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progênieis de feijão-caupi método SSD, geração $F_5$ na Horta da UFAC, 2023.....	45
<b>Figura 10 -</b>	Correlação de Pearson de Pearson entre caracteres agronômicos, em nove progênieis de feijão-caupi método SSD, geração $F_6$ na Horta da UFAC, 2024.....	47

<b>Figura 11 -</b> Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) na geração F <sub>4</sub> na Horta da UFAC, 2022.....	49
<b>Figura 12 -</b> Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) na geração F <sub>5</sub> na Horta da UFAC, 2023.....	50
<b>Figura 13 -</b> Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) na geração F <sub>6</sub> na Horta da UFAC, 2024.....	52
<b>Figura 14 -</b> Distribuição de frequências relativas para dias após emergência (A), florescimento (B), cor da flor (C) e vigor da planta (D) de progêneres de feijão-caupi provenientes do Bulk F <sub>2:3</sub> na UFAC em 2022.....	57
<b>Figura 15 -</b> Distribuição de frequências relativas para curvatura da vagem madura (A), comprimento de vagem (B), número de vagem (C) e massa de vagem (D) de progêneres de feijão-caupi provenientes do Bulk F <sub>2:3</sub> na UFAC em 2022.....	58
<b>Figura 16 -</b> Distribuição de frequências relativas para altura da planta em progêneres de feijão-caupi provenientes do Bulk F <sub>2:3</sub> , UFAC, 2022.....	60
<b>Figura 17 -</b> Distribuição de frequências relativas para o comprimento de vagem (A), número de vagem (B) e massa de vagem (C) e massa de grãos por vagem (D) em progêneres de feijão-caupi provenientes do Bulk F <sub>3:4</sub> na UFAC em 2023.....	61
<b>Figura 18 -</b> Distribuição de frequências relativas para curvatura da vagem madura em progêneres de feijão-caupi provenientes do Bulk F <sub>2:3</sub> na UFAC em 2023.....	62
<b>Figura 19 -</b> Distribuição de frequências relativas para o comprimento da vagem, cm (A), número de vagens (B), massa de vagens, g (C) e massa de grãos, g (D) de nove progêneres de feijão-caupi provenientes do Bulk F <sub>4:5</sub> na UFAC em 2024.....	63
<b>Figura 20 -</b> Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progêneres de feijão-caupi método Bulk F <sub>2:3</sub> , campo experimental da UFAC em 2022.....	63

<b>Figura 21 -</b> Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progênies de feijão-caupi método Bulk F <sub>3:4</sub> campo experimental da UFAC em 2023.....	66
<b>Figura 22 -</b> Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progênies de feijão-caupi método Bulk F <sub>4:5</sub> campo experimental da UFAC em 2024.....	67
<b>Figura 23 -</b> Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) método Bulk F <sub>2:3</sub> na UFAC em 2022.....	69
<b>Figura 24 -</b> Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) método Bulk F <sub>3:4</sub> na UFAC em 2023.....	70
<b>Figura 25 -</b> Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) método Bulk F <sub>4:5</sub> na UFAC em 2024.....	72
<b>Figura 26 -</b> Distribuição de frequências relativas para o comprimento de vagens (A e B) e número de vagens (C e D) referentes aos métodos SSD F <sub>6</sub> e Bulk/F <sub>4:5</sub> , respectivamente, obtidas em 2024.....	78
<b>Figura 27 -</b> Distribuição de frequências relativas para a massa de vagens (A e B) e massa de grãos, g (C e D) referentes aos métodos SSD F <sub>6</sub> e Bulk/F <sub>2</sub> , respectivamente, em progênies de feijão-caupi obtidas em 2024.....	79
<b>Figura 28 -</b> Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progênies de feijão-caupi nos métodos SSD F <sub>6</sub> (A) e Bulk/F <sub>4:5</sub> (B) na UFAC em 2024.....	84
<b>Figura 29 -</b> Análise de componentes principais em nove (1-9) progênies de feijão-caupi, referentes ao comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g), provenientes dos métodos SSD F <sub>6</sub> e Bulk/F <sub>4:5</sub> na UFAC em 2024.....	88

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1 -</b>	Resultados da análise química do solo e do substrato comercial utilizados no experimento. Método SSD, casa de vegetação, Rio Branco - AC, UFAC, 2023.....	31
<b>Tabela 2 -</b>	Resultados da análise química do solo e do substrato comercial utilizados no experimento. Método Bulk/F <sub>2</sub> , campo experimental da Horta da UFAC, Rio Branco - AC, 2023.....	32
<b>Tabela 3 -</b>	Análise descritiva e de variâncias das características relacionadas aos componentes de produção de feijão-caupi nas gerações F <sub>4</sub> , F <sub>5</sub> e F <sub>6</sub> .....	36
<b>Tabela 4 -</b>	Modelos preditivos entre caracteres agronômicos de feijão-caupi avaliados pelo método SSD em três gerações.....	48
<b>Tabela 5 -</b>	Agrupamento de nove progênies de feijão-caupi pelo método de otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana média padronizada, referente ao método SSD nas gerações F <sub>4</sub> , F <sub>5</sub> e F <sub>6</sub> .....	53
<b>Tabela 6 -</b>	Análise descritiva em progênies de feijão-caupi avaliadas pelo método BulkF <sub>2</sub> entre 2022 a 2024 na UFAC.....	55
<b>Tabela 7 -</b>	Modelos preditivos entre caracteres agronômicos de feijão-caupi avaliados pelo método Bulk/F <sub>2</sub> em três gerações.....	68
<b>Tabela 8 -</b>	Agrupamento de nove progênies de feijão-caupi pelo método de otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana média padronizada, referente ao método Bulk/F <sub>2</sub> em três gerações.....	74
<b>Tabela 9 -</b>	Análise descritiva e de variâncias dos caracteres produtivos em nove progênies de feijão-caupi obtidas por dois métodos de condução de populações segregantes na UFAC em 2024.....	75
<b>Tabela 10 -</b>	Agrupamento de nove progênies de feijão-caupi pelo método de otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana média padronizada, referente ao método Bulk/F <sub>2</sub> em três gerações.....	73
<b>Tabela 11 -</b>	Análise descritiva e de variâncias dos caracteres produtivos em nove progênies de feijão-caupi obtidas por dois métodos de condução de populações segregantes na UFAC em 2024.....	75
<b>Tabela 12 -</b>	Estimativa de variância fenotípica (V <sub>f</sub> ), ambiental (V <sub>e</sub> ) e genética (V <sub>g</sub> ), herdabilidade no sentido amplo (h <sup>2</sup> <sub>a</sub> ), coeficiente de variação (CV <sub>g</sub> ), razão entre o coeficiente de variação genético e ambiental (CV <sub>g</sub> /CV <sub>e</sub> ) e acurácia (Ac) em nove progênies de feijão-caupi obtidas pelos métodos de melhoramento SSD F <sub>6</sub> e Bulk/F <sub>4:5</sub> , em 2024.....	81

**Tabela 13** - Modelos preditivos entre caracteres agronômicos de feijão-caupi avaliados pelos métodos SSD ( $F_6$ ) e Bulk/ $F_2$  ( $F_{4:5}$ ) na UFAC, 2024... 86

**Tabela 14** - Agrupamento de nove progênies de feijão-caupi pelo método de otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana média padronizada, nos métodos SSD  $F_6$  e Bulk/ $F_{4:5}$ ..... 89

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	15
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	17
2.1 ASPECTOS GERAIS DO FEIJÃO-CAUPI.....	17
2.2 VARIEDADES TRADICIONAIS DO FEIJÃO-CAUPI .....	18
2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO-CAUPI.....	20
2.3.1 Vantagens e desvantagens dos métodos de melhoramento genético.....	21
2.3.2 Hibridação no melhoramento do feijão-caupi.....	24
2.4 MÉTODOS DE CONDUÇÃO DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES .....	25
2.4.1 Método descendente de uma única semente (SSD).....	25
2.4.2 Método Bulk dentro de famílias F <sub>2</sub> .....	27
2.4.3 Eficiência dos métodos de condução da população segregante .....	27
<b>3 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	31
3.1 OBTENÇÃO E CONDUÇÃO DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES .....	31
3.1.1 Método descendente de uma única semente (SSD).....	32
3.1.2 Método Bulk dentro de famílias F <sub>2</sub> (Bulk/F <sub>2</sub> ) .....	34
3.2 ANÁLISES ESTATÍSTICAS .....	36
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	39
4.1 MÉTODO DESCENDENTE DE UMA ÚNICA SEMENTE .....	39
4.2 MÉTODO BULK DENTRO DE FAMÍLIAS F <sub>2</sub> .....	57
4.3 COMPARAÇÃO ENTRE OS MÉTODOS.....	77
<b>5 CONCLUSÕES.....</b>	95
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	96

## 1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), também conhecido como feijão-de-corda ou feijão-de-praia, é uma leguminosa cultivada principalmente em regiões tropicais e subtropicais, destacando-se pelo elevado valor nutricional. O seu cultivo é fundamental para a segurança alimentar e geração de renda, especialmente em países em desenvolvimento. A capacidade de adaptação a condições adversas, como seca, altas temperaturas e solos com baixa fertilidade, torna-o alternativa viável para pequenos, médios e grandes produtores (Freire Filho et al., 2011; Oliveira et al., 2019).

Para maximizar sua produção, é fundamental desenvolver variedades que apresentem características desejáveis, como maior produtividade e adaptação a diferentes ambientes. Nesse contexto, a implementação de programas de melhoramento para desenvolver variedades superiores é imprescindível. Os programas de melhoramento do feijão-caupi têm evoluído, incorporando técnicas modernas e tradicionais para atender às demandas dos agricultores e consumidores (Freire Filho et al., 2023; Singh et al., 2002; Silva et al., 2021). A diversidade genética do feijão-caupi pode ser explorada por meio de diferentes métodos de seleção (Araújo et al., 2019).

No melhoramento de plantas autógamas como o feijão-caupi, a condução de populações segregantes desempenha papel fundamental na obtenção de novas variedades. As plantas autógamas se autofecundam, resultando em populações com variabilidade genética significativa. A formação dessas populações envolve estratégias que aumentam a variabilidade genética e permitem a seleção de indivíduos com características desejáveis (Borém e Miranda, 2013).

A avaliação de populações segregantes no melhoramento genético do feijão-caupi envolve diversos critérios, entre eles a variabilidade genética e o desempenho agronômico. Estudos recentes destacam a importância desses fatores na identificação de genótipos superiores, com ampla diversidade e bom desempenho produtivo e adaptativo (Marinho et al., 2021; Aquino et al., 2021).

Entre as principais técnicas utilizadas, destaca-se o cruzamento artificial, amplamente utilizado para criar populações segregantes (Silva, 2009). Essa técnica envolve a polinização controlada entre genótipos distintos, onde se selecionam plantas parentais com características desejáveis e o pólen é transferido para outra planta, evitando assim a autofecundação. As sementes resultantes formam a geração F<sub>1</sub>, que é homogênea devido ao vigor híbrido. Ao serem cruzadas entre si, geram a geração F<sub>2</sub>, caracterizada pela

segregação das características e possibilidade de selecionar indivíduos promissores nas gerações subsequentes (Freire Filho et al., 2014).

Dentre os métodos utilizados na condução de populações segregantes, destacam-se o método descendente de uma única semente (Single Seed Descent - SSD) e o método bulk dentro de famílias F<sub>2</sub> (Bulk/F<sub>2</sub>). O SSD consiste em selecionar uma única semente de plantas superiores em cada geração, favorecendo a escolha das melhores progênies com base em características específicas, como resistência a doenças ou aumento da produtividade. A seleção principal ocorre nas gerações avançadas, mas pode incluir triagens nas gerações iniciais, dependendo da característica a ser selecionada. Já o Bulk/F<sub>2</sub> envolve a mistura de sementes de várias plantas, promovendo processo mais rápido e prático, mas com menor precisão na seleção das características desejadas devido à mistura genética (Freire Filho et al., 2014; Ramalho et al., 2012).

A importância desses métodos reside na capacidade de influenciar os resultados do melhoramento genético. O SSD proporciona ganhos mais rápidos em características específicas (como produtividade, resistência a doenças e adaptação a diferentes condições ambientais) avançando até três gerações por ano, enquanto o bulk é vantajoso quando se busca maior diversidade genética ou quando há limitações práticas para seleção individual (Borém e Miranda, 2013).

Embora estudos tenham sido realizados com sucesso no feijoeiro comum, utilizando esses métodos, focando principalmente na produtividade de grãos e teores de fibra (Pontes Júnior et al., 2011; Raposo et al., 2000; Silva et al., 2013; Ranalli et al., 1996; Urrea e Singh, 1994), pesquisas especificamente no feijão-caupi ainda são poucas. Essa limitação dificulta a identificação do método mais eficaz para otimizar os resultados do melhoramento dessa espécie. Ainda assim, alguns trabalhos têm contribuído nesse sentido, avaliando o desempenho de diferentes métodos de seleção (Millawithanachchi et al., 2014) e as preferências de agricultores e melhoristas na escolha de genótipos superiores (Millawithanachchi et al., 2016).

Diante disto, o objetivo deste estudo foi avaliar a eficiência dos métodos de seleção descendente de uma única semente (SSD) e bulk dentro de famílias F<sub>2</sub> do feijão-caupi, assim como analisar os métodos utilizados, identificar os caracteres mais promissores para a seleção de progênies e determinar o método mais eficiente para a selecionar cruzamentos superiores.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

O feijão-caupi é uma leguminosa herbácea, anual, autógama, pertencente ao gênero *Vigna*, classificado como *Vigna unguiculata* (L.) Walp., sua subespécie é a *unguiculata* (Freire Filho et al., 2011). O subgênero *Vigna* se divide em seis grupos principais: *Catiang*, *Comosae*, *Liebrechtsia*, *Macrodontae*, *Reticulatae* e *Vigna*, sendo este último o grupo do feijão cultivado (Freire Filho et al., 2005).

O feijão-caupi é rico em proteínas, vitaminas e minerais, tornando-se essencial para a segurança alimentar. Sua produção está alinhada aos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da ONU, incluindo ODS 1 (Erradicação da pobreza), 2 (Fome Zero), 3 (Saúde e Bem-Estar), 10 (Redução das Desigualdades) e 15 (Ação Contra a Mudança Global do Clima). Assim, seu cultivo não apenas promove a segurança alimentar, mas também contribui para o cumprimento da Agenda 2030 no Brasil (Embrapa, 2024; Rocha et al., 2019).

### 2.1 ASPECTOS GERAIS DO FEIJÃO-CAUPI

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*), ou feijão-de-corda, é uma leguminosa importante nas regiões tropicais e subtropicais. Suas características botânicas incluem crescimento determinado (com inflorescências superiores) ou indeterminado (inflorescências da base para o ápice), além de porte ereto, semi-ereto, prostrado ou semiprostrado (Freire Filho et al., 2005).

O cultivo é realizado em covas com três a cinco sementes e espaçamento que varia de 0,50 cm x 0,80 cm a 2,0 m. O ciclo do feijão-caupi é classificado em: extra precoce (60 dias), precoce (61-70 dias), médio-precoce (71-80 dias), médio-tardio (81-90 dias) e tardio (mais de 91 dias). O plantio pode ser feito no verão ou na estação chuvosa, em sistemas de cultivo único ou misto, apresentando relevante plasticidade fenotípica em diferentes sistemas produtivos (Freire Filho et al., 2011a).

O manejo inclui o controle de pragas como cigarrinha-verde e pulgão, além de doenças fúngicas (podridão das raízes, a podridão-cinzenta-do-caule, a murcha-de-fusário, e a mela) e virais, principalmente o mosaico-severo-do-feijão-caupi, transmitido pelo pulgão, que impactam a produtividade. A colheita ocorre aproximadamente 90 dias após o plantio, com grãos colhidos maduros e secos antes do armazenamento (Embrapa, 2021; Gonçalves et al., 2016; Santos et al., 2013).

Nutricionalmente, o feijão-caupi é rico em proteínas, fibras e minerais, essencial para a segurança alimentar em áreas com acesso limitado a alimentos proteicos. Sua adaptabilidade a diferentes condições climáticas e capacidade de fixar nitrogênio beneficiam o solo e outras culturas (Andrade et al., 2021; Lopes et al., 2018).

Economicamente, representa importante fonte de renda para agricultores familiares, com crescente demanda no mercado interno e externo. Sua versatilidade na culinária e valorização dos produtos regionais aumentam seu valor agregado (Rocha; Silva; Menezes-Júnior, 2017). Assim, o feijão-caupi é fundamental para a segurança alimentar e o desenvolvimento socioeconômico, sendo necessário investir em melhoramento genético e manejo sustentável para maximizar seus benefícios.

## 2.2 VARIEDADES TRADICIONAIS DO FEIJÃO-CAUPI

As variedades tradicionais do feijão-caupi constituem um patrimônio agrícola e cultural significativo em diversas regiões especialmente na Amazônia Ocidental como o Acre. (Siviero et al., 2017). Sua diversidade genética, valor nutricional e sociocultural são fundamentais para a segurança alimentar.

As variedades tradicionais, frequentemente denominadas locais ou crioulas, são genótipos não melhorados que foram selecionados por agricultores ao longo de gerações (Fonseca et al., 2015). Elas atendem às necessidades dos pequenos agricultores, adaptando-se às condições locais e preferências culinárias (Fisseha et al., 2016; Cunha et al., 2013). O desenvolvimento dessas variedades reflete a valorização das tradições culturais e apresenta baixo custo de produção.

Essas variedades apresentam notável adaptação a condições edafoclimáticas adversas, como seca e altas temperaturas (Passos et al., 2007), além de contribuírem para a biodiversidade agrícola e a segurança alimentar (Siviero et al., 2017). O cultivo e consumo dessas sementes, além de promoverem a subsistência, são fundamentais para a conservação dos recursos genéticos locais (EMBRAPA, 2023).

Ao valorizar e cultivar essas variedades, as comunidades garantem sua subsistência e contribuem para a conservação dos recursos genéticos (Embrapa, 2023). Entretanto, as variedades tradicionais enfrentam desafios significativos. A introdução de cultivares comerciais modernos e a perda de conhecimentos tradicionais sobre seu manejo têm resultado na erosão genética e no declínio da diversidade agrícola (Marinho et al., 1997).

Portanto, é essencial implementar estratégias para proteger essas variedades, assegurando a resiliência das comunidades agrícolas e a preservação do patrimônio cultural associado ao feijão-caupi. Promover a valorização e o resgate das variedades tradicionais de feijão-caupi é essencial para fortalecer a agricultura local. Isso pode ser alcançado por meio do incentivo ao cultivo, consumo e comercialização dessas variedades. Para isso, é necessário investir em pesquisas como programas melhoramento e de capacitação que ensinem os agricultores sobre técnicas de manejo sustentável (Bonett et al., 2008; Ramalho; Abreu, 2015).

O desenvolvimento das comunidades locais nesse processo é fundamental, pois seu conhecimento ancestral é um aditivo valioso na conservação dessas variedades. Além de suas características nutricionais, que são importantes para a saúde humana, o feijão-caupi se destaca pela versatilidade e sabor único, contribuindo para a diversificação alimentar e valorização da cultura local. As diferentes cores, tamanhos e formatos dos grãos também o tornam ingrediente atraente na culinária (Rocha, Silva e Menezes-Júnior, 2017).

A utilização da variabilidade genética presente nas variedades disponíveis e conservadas pelos agricultores é essencial, pois permite o desenvolvimento de variedades mais produtivas e atende as necessidades específicas dos agricultores e consumidores. Isso é importante para preservar a biodiversidade agrícola e garantir a disponibilidade de recursos genéticos para futuros programas de melhoramento e enfrentamento de desafios como mudanças climáticas e fatores bióticos (Boukar et al., 2019). Ao promover o cultivo e consumo dessas variedades contribui para o futuro sustentável e resiliente.

Pesquisas no Acre destacam a variabilidade genética das variedades tradicionais de feijão-caupi, como o Manteigão e o feijão de corda, com grande potencial para o melhoramento da espécie. Nascimento (2012) observou variação nas sementes de feijão-de-corda, sugerindo boas oportunidades para seleção. Souza (2016) e Oliveira (2015) caracterizaram essas variedades em relação à morfologia, ciclo e adaptação, reforçando seu valor genético.

Outros estudos, como os de Oliveira et al. (2013), Nascimento (2016) e Mendonça (2016), confirmaram essa variabilidade genética. Gomes (2016) encontrou divergências entre 20 acessos de feijão-caupi, ressaltando o potencial para programas de seleção. Lima (2016) e Marinho (2001) destacaram variações morfológicas, enfatizando a importância do Manteigão e do feijão de corda no melhoramento genético regional.

Além disso, a seleção em progêneres no Acre tem mostrado resultados promissores. O estudo de Silva e Santos (2025) evidenciou a eficácia da seleção combinada, com ganhos genéticos significativos em características agronômicas, mostrando o potencial dessas variedades para programas de melhoramento e sustentabilidade agrícola.

A variabilidade morfoagronômica também se destaca. O estudo de Miqueloni et al. (2018) identificou que 76,5% da variação estava relacionada ao porte da planta, cor da semente e florescimento, evidenciando o valor das variedades crioulas para a conservação e programas de germoplasma no Acre.

### 2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO-CAUPI

O melhoramento genético do feijão-caupi pode ser realizado de três maneiras, conforme Borém, Miranda e Fritsche-Neto (2017) e Ramalho, Abreu e Santos, 2001:

1. Introdução de Plantas: que consiste na incorporação de novas variedades ou linhagens que podem agregar características desejáveis, como maior resistência ou melhor qualidade nutricional; 2. Seleção entre Linhas Puras: neste método, são escolhidas as melhores linhas dentro de populações já existentes, visando aprimorar características específicas e, 3. Métodos baseados na hibridação: que envolve cruzamentos entre diferentes genitores para criar novas combinações genéticas, além da condução de populações segregantes que permitem a seleção de indivíduos com características superiores.

Para plantas autógamas, como o feijão-caupi, os métodos de melhoramento podem ser divididos em duas categorias principais:

a) Métodos para explorar a variabilidade genética existente que incluem: a) Introdução de Linhagens: este método foca na introdução de linhagens com características superiores já conhecidas e b) Seleção Massal: que consiste em selecionar um grande número de plantas promissoras dentro da população para manter a variabilidade genética;

b) Métodos que geram variabilidade artificialmente como: a) Método da População (Bulk): em que agrupa várias plantas em uma única população para promover a variabilidade; b) Método Genealógico (Pedigree): acompanhamento das linhagens ao longo das gerações para selecionar as melhores combinações; c) Método SSD (Single Seed Descent): permite a seleção rigorosa por meio da escolha de sementes individuais ao longo das gerações e d) Método de Retrocruzamento: cruzamentos repetidos entre

uma planta superior e uma planta parental para transferir características desejáveis (Borém, Miranda e Fritsche-Neto, 2017; Ramalho, Abreu e Santos, 2001).

Existem vários programas de melhoramento genético do feijão-caupi em diferentes países e instituições. Alguns exemplos incluem o programa de melhoramento do Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA) e o programa de melhoramento da Embrapa Meio-Norte que envolve a participação de 15 unidades da Embrapa, universidades, empresas estaduais de pesquisa, centro tecnológico de ensino, empresas de sementes e agricultores (Rocha, et al 2013).

Ao longo de 30 anos, o programa de melhoramento genético do feijão-caupi da Embrapa, em parceria com outras instituições de pesquisa, lançou 73 cultivares de diferentes tipos comerciais, incluindo branco liso, branco rugoso, fradinho, marrom tipo sempre verde, marrom tipo mulato, marrom tipo canapu, manteiga e verde (Freire Filho et al., 2011).

Os principais avanços alcançados pelo programa foram: maturação mais precoce, resistência a diferentes vírus, arquitetura de planta mais moderna, grãos adequados ao mercado, altas produtividades em condições de sequeiro e irrigadas, adaptabilidade a diferentes ambientes de cultivo e genótipos adequados ao mercado de vagens e grãos imaturos (Rocha et al., 2013).

A utilização do feijão-caupi nas lavouras apresenta vantagens com relação a produção de grãos, porém o desempenho produtivo pode ser limitado pela escolha errada dos genótipos e por este motivo se faz necessário adotar alguns critérios para selecionar, tais como tolerância a doenças, precocidade e porte ereto (Carvalho, et al., 2012). O futuro dos programas de melhoramento depende da diversidade da espécie para que novas variedades possam ser desenvolvidas (Siviero et al., 2017).

Neste contexto, pesquisas com o gênero *Vigna* têm apontado para a disponibilidade de materiais genéticos com grande potencial para o melhoramento, alta capacidade de rendimento e elevada qualidade nutricional o que permite estudos para seleção de variedades superiores, com vistas ao lançamento de novas cultivares voltadas ao incremento produtivo da agricultura.

### 2.3.1 Vantagens e desvantagens dos métodos de melhoramento genético

O melhoramento genético é fundamental na agricultura moderna, visando a maximização da produtividade e a melhoria das características das plantas. Este

processo envolve a seleção e cruzamento de plantas com características desejáveis, resultando em variedades que podem oferecer benefícios significativos, mas também apresenta desafios.

Em relação as vantagens do melhoramento têm-se: **1. Aumento da Produtividade:** variedades melhoradas podem gerar mais alimentos em menor espaço; **2. Resistência a Pragas:** plantas resistentes reduzem a necessidade de pesticidas, tornando a agricultura mais sustentável; **3. Qualidade Nutricional:** variedades com melhores teores nutricionais podem beneficiar a saúde dos consumidores e **4. Adaptação Climática:** cultivares desenvolvidos para resistir a condições climáticas extremas são essenciais diante das mudanças climáticas.

Quanto as desvantagens **1. Custo e Tempo:** o processo de melhoramento pode ser caro e demorado, exigindo investimentos significativos; **2. Perda de Diversidade Genética:** a seleção intensiva pode reduzir a variabilidade genética, aumentando a vulnerabilidade a doenças e **3. Acesso Limitado:** pequenos agricultores podem ter dificuldade em acessar tecnologias avançadas (Borém, Miranda e Fritsche-Neto, 2017; Ramalho, Abreu e Santos, 2001).

Os métodos de melhoramento genético são essenciais para desenvolver plantas mais produtivas e adaptadas às condições locais. A seleção massal permite escolher as melhores plantas de uma população, mantendo a diversidade genética e melhorando características como rendimento e resistência.

Já os métodos genealógicos (ou de pedigree) acompanham os cruzamentos ao longo das gerações, facilitando a seleção de características complexas, controladas por vários genes e influenciadas pelo ambiente, como rendimento, tolerância à seca ou qualidade dos grãos.

A hibridação amplia a variabilidade genética ao cruzar plantas diferentes, enquanto o retrocruzamento incorpora características de interesse do melhorista, como resistência a doenças, sem perder qualidades importantes da variedade. A introdução de novas linhagens também contribui para diversificar as características disponíveis nas populações cultivadas, enriquecendo o pool genético (Borém, Miranda e Fritsche-Neto, 2017).

Entretanto, os métodos de melhoramento também apresentam desvantagens. A complexidade e técnica envolvida exige conhecimentos avançados e infraestrutura adequada, o que pode ser um desafio para muitos agricultores. Além disso, os resultados do melhoramento nem sempre são previsíveis e algumas combinações podem não

apresentar as características desejadas. Por último, cruzamentos podem resultar em efeitos indesejados ou na expressão de características que não estavam presentes.

Ao comparar os métodos de seleção de plantas, observam-se diferenças significativas em seus atributos. O método Bulk/F<sub>2</sub> (método populacional ou Bulk dentro famílias F<sub>2</sub>) cultiva plantas da geração F<sub>2</sub> juntas, sem seleção individual, colhendo as sementes em massa para formar a próxima geração. Apesar de ser um método simples e com controle genético limitado nas fases iniciais, ele mantém a variabilidade genética e permite a seleção natural ao longo do tempo, com seleção individual ocorrendo em gerações mais estáveis. No entanto, estudos indicam que o método pode apresentar maior interação genótipo × ambiente, comprometendo a estabilidade dos resultados (Silva et al., 2013).

Já o método SSD (Single Seed Descent ou descendente de uma única semente) é eficaz para acelerar o avanço das gerações e facilitar a obtenção de linhagens homozigotas. No entanto, ele pode restringir a variabilidade genética a longo prazo, especialmente se for aplicado a partir de uma população pequena. Para minimizar esse risco, adotar é importante estratégias como o uso de populações base amplas, a conservação de sementes das gerações iniciais e o cultivo das populações em diferentes ambientes (Allard, 1999).

Essas práticas ajudam a manter a diversidade genética e aumentam a adaptabilidade das linhagens. Além disso, a recombinação entre linhas pode ser uma alternativa para restaurar essa variabilidade no futuro. Contudo, é importante notar que a condução do método pode ser mais trabalhosa em termos de organização e controle do número de plantas, especialmente em grandes escalas. (Allard, 1999; Borém e Miranda, 2013).

Em contraste, o método genealógico é mais lento, pois realiza cruzamentos com acompanhamento da linhagem. No entanto, destaca-se pelo alto controle genético e elevada complexidade de condução. Enquanto o Bulk/F<sub>2</sub> é ideal para resultados rápidos em grandes populações, o método genealógico é mais preciso, embora exija mais tempo e recursos. A escolha do método ideal dependerá das prioridades da pesquisa (Silva et al., 2013; Pontes Júnior et al., 2011; Raposo et al., 2000).

De acordo com Borém (1997), não há um único método que atenda a todos os objetivos específicos no melhoramento genético. Ao selecionar métodos para populações segregantes, é essencial analisar cada situação considerando fatores

como a obtenção de conhecimentos sobre a genética das características, a facilidade de condução, o tempo necessário e a economia em custos e mão-de-obra. Essa avaliação criteriosa permite uma escolha mais eficaz do método a ser utilizado.

Em síntese, o melhoramento genético traz benefícios importantes para a agricultura. No entanto, é importante considerar suas desvantagens e os impactos associados aos métodos utilizados. Uma abordagem equilibrada que leve em conta tanto os benefícios quanto os desafios são essenciais para garantir futuro sustentável na produção agrícola.

### 2.3.2 Hibridação no melhoramento do feijão-caupi

O melhoramento do feijoeiro é essencialmente baseado na hibridação de cultivares, linhagens ou variedades, resultando em populações segregantes, onde se realiza a seleção de linhagens superiores. Essa técnica de hibridação é fundamental no melhoramento genético do feijão-caupi, pois possibilita a combinação de características desejáveis. O processo começa com a seleção criteriosa de parentais que apresentem características complementares, assegurando que as melhores qualidades sejam transmitidas à nova geração (Freire Filho et al., 2014; Silva, 2009).

As flores do feijão-caupi são perfeitas e cleistógamas, geralmente autopolinizando-se ao abrirem pela manhã (Kheradnam; Niknejad, 1971). Por essa razão, a emasculação antes da abertura das anteras é essencial para cruzamentos controlados. Além disso, suas flores grandes e com quilha e estigma retos facilitam o manuseio durante o processo de hibridação. Ao aumentar a variabilidade genética, essa técnica pode acelerar o melhoramento das cultivares, permitindo a introdução rápida de novas características que atendem às demandas do mercado (Silva, 2009).

Existem quatro métodos de cruzamento para o feijão-caupi, que diferem em técnica e tempo de acordo com Freire Filho et al. (2014): Método 1: emasculação à tarde (16h-18h), coleta de pólen na manhã seguinte (6h-8h30) e polinização no mesmo período; Método 2: emasculação à tarde anterior, coleta de pólen na manhã da polinização (tarde); Método 3: emasculação na manhã anterior com coleta de pólen e polinização na mesma manhã; Método 4: emasculação à tarde anterior, coleta de pólen à tarde posterior e polinização na mesma tarde. Esses métodos variam em complexidade e tempo, permitindo que os pesquisadores escolham a abordagem mais adequada para

alcançar os resultados desejados. A hibridação não é apenas uma técnica, é uma ponte para o futuro da agricultura, garantindo colheitas mais robustas e sustentáveis.

## 2.4 MÉTODOS DE CONDUÇÃO DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES

O melhoramento de espécies autógamas, como o feijão-caupi tem como objetivo, principal, a obtenção de linhagens que detenham alelos favoráveis. Nas sucessivas gerações de uma população segregante é possível observar que a cada geração de autofecundação, há uma redução de 50% na frequência dos locos em heterozigose (Ramalho, Abreu e Santos, 2001).

Desta forma, na geração  $F_2$ , 50% dos locos estão em heterozigose e 50% estão em homozigose. Na  $F_3$ , a frequência de heterozigotos passa a ser de 25%, enquanto que a de homozigotos passa para 75%, e assim, sucessivamente (ALLARD, 1999).

No melhoramento de plantas, identificar genótipos superiores nas primeiras gerações é desafiador, pois ainda há muita heterozigosidade, o que pode ocultar características importantes. À medida que a autofecundação avança, ocorre aumento na homozigose, tornando os efeitos genéticos mais evidentes e estáveis, o que facilita a seleção dos indivíduos com maior potencial (Ramalho, Abreu e Santos, 2001).

Por isso, é recomendado iniciar a seleção quando a maioria dos locos já estiverem em homozigose, pois assim é possível tomar decisões mais precisas na escolha das melhores linhagens (Borém, Miranda e Fritsche-Neto, 2017; Ramalho, Abreu e Santos, 2001).

Os métodos de condução de população segregante de plantas autógamas geralmente mais utilizados são os métodos genealógico, método da população (Bulk), descendente de uma única semente (SSD) e Bulk nas gerações  $F_2$  ou  $F_3$  (Ramalho, Santos, Zimmermann, 1993).

### 2.4.1 Método descendente de uma única semente (SSD)

Este método propõe redução no tempo para atingir a homozigose. O avanço das gerações pode ser realizado fora da época apropriada de plantio da cultura. Assim, o principal objetivo deste método é atingir a homozigose de forma rápida, sem seleção (Borém, Miranda e Fritsche-Neto, 2017).

As plantas são cultivadas em estufa ou casa de vegetação, para favorecer a cleistogamia, processo biológico em que ocorre a autofecundação antes da abertura da flor. Esse processo é natural em algumas espécies vegetais, sendo eficiente para plantas autógamas, como o feijão-caupi (Freire Filho et al., 2014).

Este procedimento de seleção foi sugerido para avançar as gerações de segregação de hibridização para homozigose por meio de seleção de semente única. Neste método, apenas uma única semente coletada de cada planta  $F_2$  é mantida e aumentada para crescer a geração  $F_3$ . Este processo continua até as gerações  $F_5$  e  $F_6$ , quando a homozigose é alcançada gradualmente ao longo das gerações.

Esse processo é repetido até as gerações  $F_5$  ou  $F_6$ , quando o nível significativo de homozigose é alcançado. A cada geração, a frequência de heterozigotos diminui enquanto a de homozigotos aumenta, resultando na fixação dos alelos desejáveis.

Esse método é particularmente eficaz para espécies autógamas, como o feijão-caupi, devido à sua alta taxa de autofecundação, que facilita a fixação dos alelos ao longo das gerações. No entanto, a homozigose completa pode não ser alcançada em todos os loci, especialmente quando características poligênicas estão envolvidas, já que essas características dependem de múltiplos genes para sua expressão (Ramalho, Abreu e Santos, 2001).

Na geração  $F_6$ , determinado número de plantas individuais são selecionadas e a progénie é cultivada separadamente. Em  $F_7$  e  $F_8$ , as progénies de melhor desempenho agronômico são selecionadas para avaliação de rendimento preliminares da cultura. O método SSD apresenta vantagens significativas, como agilidade no avanço das gerações e a eficiência na seleção de características desejáveis. Esse método acelera o desenvolvimento de novas variedades e facilita a identificação de características específicas, com a vantagem de demandar menos tempo, espaço e recursos (Ramalho, Abreu e Santos, 2001).

No entanto, apresenta algumas limitações, como o risco de seleção de genes indesejáveis, a redução da diversidade genética, e a variação do desempenho das linhagens devido às condições ambientais, o que exige monitoramento constante para garantir a manutenção das características desejadas ao longo das gerações (Ramalho, Abreu e Santos, 2001). A seguir, apresenta-se uma comparação de atributos do método SSD, destacando seus principais aspectos positivos e negativos.

#### 2.4.2 Método Bulk dentro de famílias F<sub>2</sub>

Considerando a facilidade e versatilidade de condução o Bulk dentro de famílias F<sub>2</sub>, é muito utilizado. Por este método, a partir da geração F<sub>2</sub>, as plantas são colhidas e suas sementes de todas as plantas são misturadas para obtenção da próxima geração. Esse procedimento é repetido por três a quatro gerações (F<sub>5</sub> ou F<sub>6</sub>), até a maioria dos locos estarem em homozigose, quando então, são obtidas as progêniess e iniciada a seleção mais intensa (Borém, Miranda e Fritsche-Neto, 2017; Ramalho, Abreu e Santos, 2001).

Em síntese das vantagens e desvantagens do método Bulk dentro de famílias F<sub>2</sub>. As vantagens são: 1. Maior variabilidade genética: mantém diversidade, favorecendo características desejadas; 2. Eficiência de tempo: a seleção é feita em várias plantas ao mesmo tempo; 3. Facilidade de manejo: menos necessidade de individualização das plantas nas primeiras gerações; 4. Identificação de características agronômicas: ajuda a encontrar combinações vantajosas em um ambiente diversificado.

Por outro lado, as Desvantagens são: 1. Perda de linhagens: possibilidade de perder características superiores de linhagens individuais; 2. Dificuldade na seleção: menos controle sobre características específicas; 3. Dependência do ambiente: resultados podem ser influenciados por fatores climáticos; 4. Risco de homogeneização: pode levar à perda de diversidade ao longo do tempo.

#### 2.4.3 Eficiência dos métodos de condução da população segregante

Os métodos de condução de populações segregantes, como o Descendente de uma única semente (SSD) e o Bulk dentro de famílias F<sub>2</sub>, são amplamente utilizados em programas de melhoramento genético devido à sua eficiência e simplicidade. Estudos comparativos demonstraram que ambos os métodos podem ser específicos, dependendo do objetivo do programa de melhoramento (Ramalho, Abreu e Santos, 2001).

Raposo et al. (2000) estudaram populações segregantes do feijoeiro comum avançadas pelos métodos pedigree, bulk/F<sub>2</sub> e SSD, obtendo estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos com base na produtividade de grãos. Observaram que não houve diferenças significativas entre os métodos na obtenção de progêniess superiores, sugerindo que todos podem ser eficazes quando bem conduzidos. No

entanto, os métodos bulk/F<sub>2</sub> e SSD mostraram-se mais vantajosos devido às suas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e à facilidade de condução.

Mehta e Zaveri (2000) analisaram a perda de plantas com o método SSD em gerações segregantes (F<sub>2</sub> a F<sub>5</sub>) de quatro cruzamentos de feijão-caupi. Observaram que houve redução significativa na população de F<sub>2</sub> a F<sub>5</sub>, principalmente devido à germinação ruim e à esterilidade causada por doenças. A maior perda ocorreu na geração em F<sub>5</sub> (51,17%), seguida de F<sub>2</sub> (27,86%) e F<sub>4</sub> (25,04%). O estudo concluiu que a perda de plantas não estava relacionada à geração, mas aos genótipos e às condições do experimento, como doenças e problemas de germinação.

Costa e Zimmermann (2002) compararam os métodos de melhoramento, incluindo a seleção massal modificada, famílias derivadas de populações nas gerações F<sub>3</sub> e F<sub>4</sub>, e o genealógico, quanto à eficiência na obtenção de linhagens resistentes à antracnose no feijoeiro comum. A seleção massal modificada envolve a seleção de plantas com características desejáveis, mas, ao contrário da seleção massal tradicional, remove plantas indesejáveis em estágios iniciais, aumentando a eficiência na obtenção de linhagens superiores. O estudo concluiu que este método foi o mais eficiente, resultando no maior número de linhagens resistentes à antracnose. Observaram que as linhagens obtidas por famílias derivadas na geração F<sub>4</sub> apresentaram a maior variabilidade genética. A eficiência dos métodos variou conforme os critérios utilizados para comparação, evidenciando a importância da escolha de critérios como seleção entre e dentro das famílias na avaliação do desempenho das linhagens.

Padi e Ehlers (2008) leção precoce para rendimento de grãos em feijão-caupi nas savanas da Guiné e do Sudão, desenvolvendo 131 linhagens F<sub>3:4</sub> a partir do cruzamento entre uma cultivar local e uma fonte não adaptada de grãos grandes. Os resultados mostraram que a seleção moderada não conseguiu eliminar linhagens mal adaptadas. Ainda, as linhagens F<sub>4</sub> dos 10% melhores indivíduos F<sub>3</sub> não apresentaram rendimento superior, evidenciando a ineficácia da seleção precoce. Os autores também recomendaram métodos como descendência de semente única (SSD) e bulk para o desenvolvimento de variedades com alto potencial de rendimento.

O estudo de Silva et al. (2008) investigaram o potencial genético de populações segregantes de feijão comum. Na pesquisa avaliaram populações F<sub>2</sub>, por meio dos métodos de melhoramento SSD, Bulk e Bulk dentro de F<sub>2</sub>. Os resultados indicaram variabilidade genética suficiente no cruzamento a partir da geração F<sub>2</sub>, destacando o

método Bulk dentro de  $F_2$  como o mais eficiente, gerando progênies com teores de proteína superiores em comparação aos demais métodos.

Pontes Júnior et al. (2011) avaliaram o teor de proteína em progênies de feijoeiro comum utilizando três métodos de condução: bulk/ $F_{5:8}$ , bulk/ $F_{2:8}$  e SSD até a geração  $F_8$ . O método bulk apresentou estimativa de herdabilidade para o teor de proteína, de 82,72%, seguido pelo bulk dentro de famílias, com 75,70%. O método SSD, apresentou herdabilidade de 58,04%, destacou-se como mais eficiente na geração de famílias superiores para o teor proteínas.

Silva et al. (2013) compararam métodos de melhoramento em feijoeiro comum para variabilidade genética e eficiência na obtenção de progênies superiores em teor de fibra bruta e produtividade de grãos, utilizando os métodos bulk, bulk/ $F_2$  e SSD. Os resultados indicaram que as progênies dos métodos bulk e SSD tiveram maior variância genética e diferenças significativas em produtividade e teor de fibra bruta. O bulk/ $F_2$  apresentou os melhores índices de geração de progênies superiores, sendo recomendado para programas de melhoramento.

Millawithanachchi et al. (2016) avaliaram a eficácia dos métodos SSD e Bulk modificado na extração de compostos bioativos de *Vigna unguiculata*. Os resultados mostraram diferenças significativas na recuperação dos compostos, com o método Bulk modificado apresentando menor nível de impurezas. A análise indicou alta herdabilidade para a recuperação de compostos, sugerindo que ambos os métodos são eficazes para o melhoramento do feijão-caupi.

Millawithanachchi et al. (2015) avaliaram a eficácia dos métodos de melhoramento pedigree, SSD e bulk modificado em dois cruzamentos de feijão-caupi, com base no desempenho médio de características selecionadas nas gerações  $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$ . Na geração  $F_6$ , observaram diferenças significativas na maioria das características avaliadas. A herdabilidade foi alta para vagens e peso de cem sementes, com correlações fenotípicas positivas entre rendimento e vagens. Os resultados indicaram que os três métodos produziram resultados comparáveis no melhoramento do feijão-caupi, sugerindo que a seleção indireta para aumentar o número de vagens e o peso das sementes pode elevar o rendimento.

Lokesh e Niranjana (2018) investigaram uma população segregante  $F_2$  e de seus genitores para analisar a associação entre os componentes de rendimento e seus efeitos diretos e indiretos no rendimento dos grãos de feijão-caupi. Os resultados mostraram que características como comprimento da vagem, dias após a emergência,

altura da planta, número de vagens e número de grãos por vagem exerceram impactos significativos no rendimento de grãos. Isso sugere que a seleção desses caracteres pode ser eficaz para o desenvolvimento de genótipos de feijão-caupi com maior rendimento.

Silva et al. (2021) avaliaram a herança de resistência ao Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) em feijão-caupi, utilizando os genótipos parentais IT85F-2687 (resistente) e BR-14 Mulato (suscetível). Foram geradas populações  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $F_7$  e retrocruzamentos, inoculadas com CABMV e avaliadas quanto à presença e intensidade dos sintomas. A análise estatística dos dados foi realizada pelo teste qui-quadrado, que revelou proporção de segregação de 1:3 na população  $F_2$  (uma resistente para três suscetíveis) e de 1:1 na  $F_7$  (metade resistente e metade suscetível). Esses resultados indicam que a resistência ao vírus é controlada por um único gene de herança recessiva, ou seja, apenas plantas com duas cópias do alelo resistente expressam essa característica.

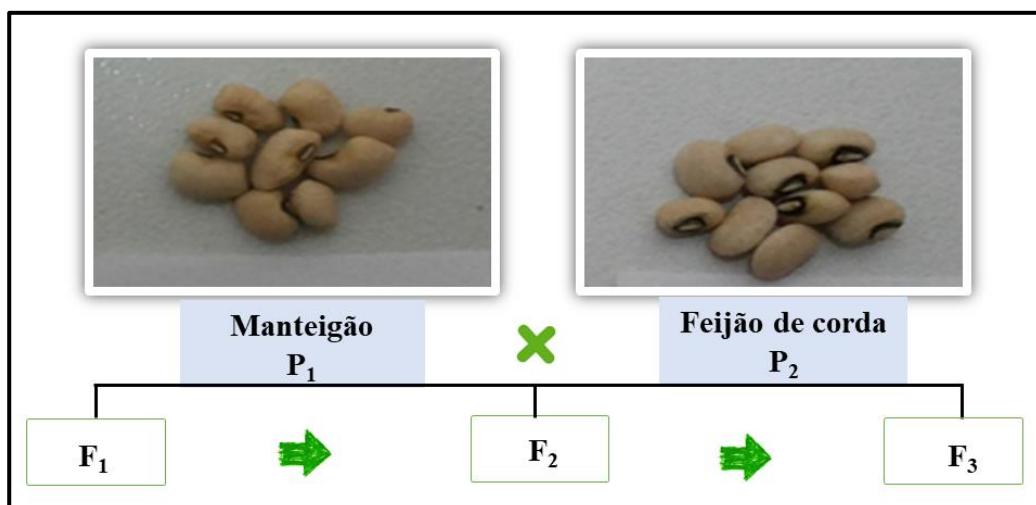
### 3 MATERIAL E MÉTODOS

Durante a condução dos experimentos, a temperatura média foi de 25 °C e a umidade relativa média de 78%, valores que se enquadram na faixa ideal para o desenvolvimento do feijão-caupi, entre 18 °C e 34 °C (Andrade Júnior et al., 2002). De acordo com dados do INMET, entre os anos de 2021 a 2024, a região apresentou temperatura média máxima de 31,7 °C, mínima de 29,2 °C, umidade relativa média de 84,6% e precipitação média anual de 2.014 mm.

#### 3.1 OBTENÇÃO E CONDUÇÃO DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES

Em novembro de 2019, foi realizado os cruzamentos entre as variedades Manteigão e Feijão de corda em casa de vegetação na Horta da Universidade Federal do Acre (UFAC), seguindo a metodologia de Freire Filho et al. (2014). A partir desses cruzamentos, foram obtidas populações da primeira geração ( $F_1$ ), provenientes da combinação entre os genitores selecionados (Figura 1).

**Figura 1** - Esquema representando o cruzamento entre duas variedades tradicionais de feijão-caupi: Manteigão ( $P_1$ ) e Feijão de corda ( $P_2$ ), resultando na geração  $F_1$ . A geração  $F_2$  foi obtida por autofecundação das plantas  $F_1$ , originando a população segregante com ampla variabilidade genética

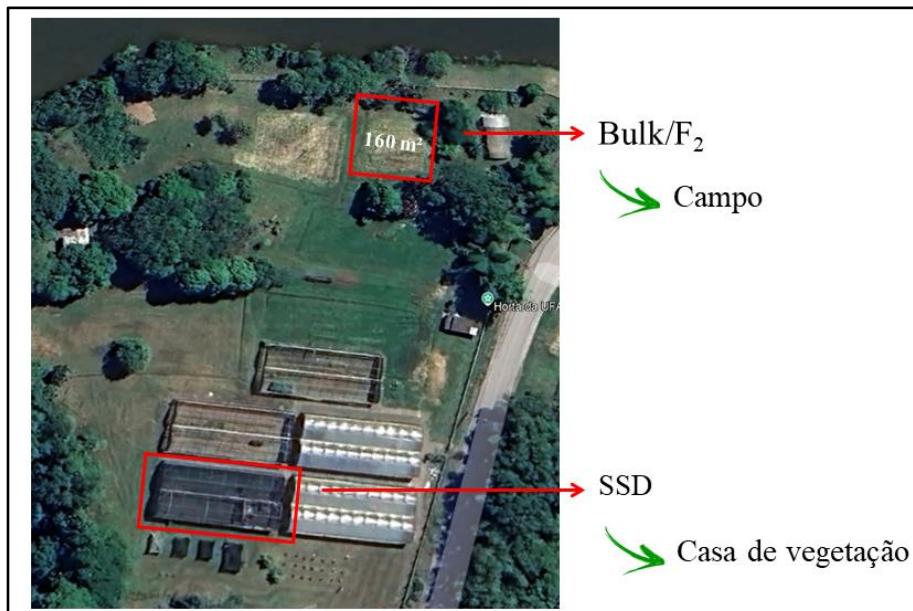


A hibridação foi realizada por meio de emasculação e proteção dos botões florais no final da tarde, com polinização efetuada na manhã seguinte. Ambas as variedades foram coletadas em propriedades rurais do Acre e integradas à coleção de germoplasma do feijão-caupi da UFAC (Sisbio nº 34945-1).

Os progenitores foram selecionados com base em sua variabilidade em características agronômicas importantes. Esses caracteres incluíram ciclo precoce, altura, hábito de crescimento, número de vagens e sementes, comprimento das vagens, tamanho e cor, florescimento e teor nutricional, com base em trabalhos publicados (Lima, 2016; Miqueloni et al., 2018; Mendonça et al., 2018; Nascimento, 2017; Nascimento et al., 2023; Souza, 2016; Sousa et al., 2017).

Esse procedimento gerou os indivíduos F<sub>1</sub> (semeados em 1º de maio de 2021), que foram autofecundados para produzir as sementes F<sub>2</sub> (populações segregantes), obtidas em 16 de agosto de 2021, para aumentar a quantidade de sementes. A população obtida a partir da geração F<sub>2</sub> foi dividida e conduzida pelos métodos descendentes de uma única semente (SSD) e bulk/F<sub>2</sub> em casa de vegetação e campo, respectivamente, ambos realizados na Horta da UFAC (Figura 2), conforme Ramalho et al. (2012).

**Figura 2** - Local de condução dos experimentos com populações segregantes de feijão-caupi, indicando as áreas destinadas ao método Bulk/F<sub>2</sub> (campo) e ao método SSD (casa de vegetação), na Horta da Universidade Federal do Acre (UFAC)



(Fonte: Google Earth, adaptado pela autora).

### 3.1.1 Método descendente de uma única semente (SSD)

A partir da coleta de uma semente de cada planta F<sub>2</sub>, foram gerados indivíduos das gerações F<sub>3</sub> (semeados de 8 de outubro de 2021), F<sub>4</sub> (semeados de 3 de outubro

de 2022), F<sub>5</sub> (semeados de 3 de outubro de 2023) e F<sub>6</sub> (semeados de 28 de fevereiro de 2024), cultivados em casa de vegetação na Horta da UFAC.

O intervalo de um ano entre as semeaduras foi necessário para garantir o tempo adequado de condução, avaliação e colheita das gerações anteriores, respeitando a limitação de espaço e recursos disponíveis na casa de vegetação. Esse tempo também permitiu selecionar as melhores sementes com base em critérios visuais, como resistência a doenças e produtividade. Além de preparar adequadamente o solo e os vasos para a nova semeadura.

Em cada geração, uma semente foi selecionada de uma planta para dar origem à geração seguinte. Nas gerações F<sub>4</sub> (2022), F<sub>5</sub> (2023) e F<sub>6</sub> (2024), foram conduzidos experimentos em delineamento inteiramente casualizado, com três repetições e nove progênies. Isso permitiu a avaliação das progênies e a identificação de indivíduos superiores até a geração F<sub>6</sub>.

**Figura 3** - Substrato e recipientes utilizados para o cultivo das populações de feijão-caupi pelo método descendentes de uma única semente (SSD) em casa de vegetação na Horta da UFAC



A duração do período experimental foi cerca de 90 dias para cada geração, com colheitas periódicas das vagens maduras, totalizando aproximadamente seis colheitas, uma a cada semana. Para o plantio foram utilizadas duas sementes por vaso a 3 cm de profundidade, e aos 10 dias após a semeadura realizou-se o desbaste, mantendo uma planta por unidade experimental. As progênies foram semeadas em vasos de polietileno preto, com capacidade de 8 litros, considerando-se cada vaso como uma parcela experimental. Foram utilizados solo e matéria orgânica como substrato na proporção 1:1,

preenchendo-se cada vaso com 10 kg de substrato. O solo foi retirado da camada superficial (0-20 cm) de uma área no campo experimental da UFAC.

A análise química do solo e do substrato comercial foi realizada em 2023 para representar as condições químicas do ambiente experimental. Como os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação, sob manejo uniforme e sem adubação, essa análise foi considerada adequada para caracterizar o ambiente de cultivo ao longo dos anos (Tabela 1). A análise seguiu a metodologia proposta por Teixeira et al. (2017).

**Tabela 1** - Resultados da análise química do solo e do substrato comercial utilizados no experimento. Método SSD, casa de vegetação, Rio Branco - AC, UFAC, 2023

pH	Ca	Mg	H+Al	SB	CTC	K	P	V	m
H <sub>2</sub> O	-----	-----	cmolc dm <sup>-3</sup>	-----	-----	mg dm <sup>-3</sup>	-----	-----	%-----
5,7	4,5	2,9	2,36	7,8	10,2	168,2	28,6	76,8	0,0

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; H<sub>2</sub>O = água; cmolc dm<sup>-3</sup> = centimol de carga por decímetro cúbico; mg dm<sup>-3</sup> = miligrama por decímetro cúbico; % = porcentagem.

As variáveis foram: Comprimento da vagem (CMP): média do comprimento de cinco vagens maduras (cm); Número de vagem (NMV): média da contagem de vagens produzidas; Massa de vagem (MMV): média da pesagem de vagens (g) e Massa de grãos (MMG): média da pesagem de grãos produzidos (g).

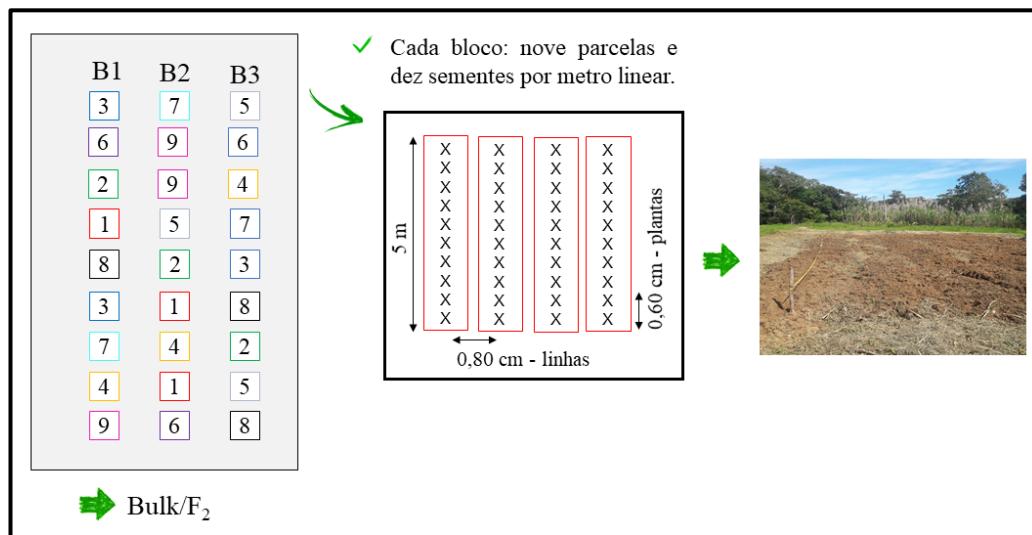
### 3.1.2 Método Bulk dentro de famílias F<sub>2</sub> (Bulk/F<sub>2</sub>)

A partir da população segregante F<sub>2</sub>, os experimentos foram realizados anualmente, avançando as gerações: F<sub>2:3</sub> (2022, março a junho), F<sub>3:4</sub> (2023, abril a julho) e F<sub>4:5</sub> (2024, abril a julho).

Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados com, 12 progêneras na geração F<sub>2:3</sub> e 9 na geração F<sub>3:4</sub> e F<sub>4:5</sub>, cada uma com três repetições. A redução do número de progêneras nas gerações subsequentes ocorreu devido à baixa produção de sementes de algumas progêneras, limitando a viabilidade de seu cultivo e avaliação.

O preparo do solo da área experimental consistiu de gradagem na camada de 0-20 cm. Cada parcela foi constituída com quatro fileiras de 5,0 m, espaçadas de 0,80 cm entre linhas e 0,60 m entre plantas com 10 sementes por metro linear. A semeadura foi realizada colocando-se uma semente por cova (Figura 2).

**Figura 4** - Esquema experimental e preparo da área para condução da população Bulk/F<sub>2</sub> em campo na Horta da UFAC



Durante a condução dos experimentos, foram realizados capinas manuais e não houve adubação. No entanto, foram aplicados inseticidas como Óleo de Nim e Decis 25 EC na dosagem de 30 ml para cada 100 L de água, para controlar pragas como cigarrinha-verde (*Empoasca kraemerii*), vaquinha-verde-amarela (*Diabrotica speciosa*) e o pulgão (*Aphis craccivora*) que são as principais pragas que poderiam comprometer a produção. Realizou-se colheitas das vagens para avaliações durante o período de produção do experimento, o que teve duração de aproximadamente 120 dias.

A análise química do solo foi realizada em 2023 para caracterizar as condições do ambiente experimental. Como os experimentos foram conduzidos em campo e sem adubação, essa análise foi suficiente para representar as condições do cultivo ao longo do estudo. Os atributos químicos do solo foram determinados conforme a metodologia descrita por Teixeira et al. (2017) e estão apresentados na Tabela 2.

**Tabela 2** - Resultados da análise química do solo e do substrato comercial utilizados no experimento. Método Bulk/F<sub>2</sub>, campo experimental da Horta da UFAC, Rio Branco - AC, 2023

pH	Ca	Mg	H+Al	SB	CTC	K	P	V	m
H <sub>2</sub> O	-----	-----	-----	cmolc dm <sup>-3</sup>	-----	-----	mg dm <sup>-3</sup>	-----	%
5,7	3,3	1,4	3,18	4,8	8,01	0,087	26,73	60,28	0,0

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; H<sub>2</sub>O = água; cmolc dm<sup>-3</sup> = centimol de carga por decímetro cúbico; mg dm<sup>-3</sup> = miligramas por decímetro cúbico; % = porcentagem.

Na geração F<sub>2:3</sub>, todos os caracteres foram avaliados. Na geração F<sub>3:4</sub>, foram avaliados os caracteres 2, 4, 6, 8, 9, 10 e 11. e na geração F<sub>4:5</sub>, restringiu-se a avaliação dos caracteres 8 a 11. A redução gradual no número de caracteres avaliados visou concentrar a seleção em atributos diretamente associados ao desempenho agronômico das plantas, como produtividade e características das vagens. Essa estratégia permitiu maior eficiência na seleção de indivíduos superiores e otimização dos recursos experimentais. A seguir as descrições dos caracteres avaliados:

- 1) Cor das flores (**MCF**): cor das pétalas - branca (1), violeta (2), lilás-rosada (3), outras (4);
- 2) Cor da vagem madura (**CVM**): cor predominante da vagem seca - cor de palha (1), bronze escuro (2), castanho escuro (3), preto ou roxo escuro (4), outras (5);
- 3) Vigor da planta (**MVP**): avaliado entre a 3<sup>a</sup> e 4<sup>a</sup> semana após a semeadura com base na altura e largura da planta: não vigorosa (3), intermediária (5), vigorosa (7), muito vigorosa (9);
- 4) Curvatura da vagem (**CMV**): forma predominante: direita (1), ligeiramente curva (2), curva (3), enrolada (4);
- 5) Altura da planta (**ATM**, cm): do colo até a gema apical;
- 6) Dias até a emergência (**MDE**): número de dias do plantio à emergência dos cotilédones;
- 7) Florescimento médio (**FLM**): número de dias da emergência até 50% das plantas apresentarem flor aberta;
- 8) Comprimento da vagem (**CMP**, cm): média do comprimento de 5 vagens maduras;
- 9) Número de vagens (**NMV**): média de vagens maduras;
- 10) Massa de vagens (**MMV**, g): média da massa de cinco vagens maduras;
- 11) Massa de grãos (**MMG**, g): média da massa de grãos de 5 vagens maduras.

### 3.2 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

#### 3.2.1 Estatística descritiva

As características foram analisadas por meio da estatística descritiva, com determinação das médias, valores mínimo e máximo, amplitude, desvio padrão e variância.

Também foi realizada a análise da distribuição das frequências relativas dos dados pelo método de Sturges (1926), a fim de determinar o número de classes nos histogramas.

As distribuições estatísticas, segundo Morettin e Singer (2019), incluem: normal: simétrica em forma de sino em que a média, mediana e moda são iguais; assimétrica: que pode ser à direita (cauda longa à direita) ou à esquerda (cauda longa à esquerda); bimodal: com dois picos distintos; unimodal: com um único pico e uniforme: em que todos os valores têm a mesma probabilidade.

### 3.2.2 Análise de variância

Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) ao nível de 5% de probabilidade e à decomposição dos componentes de variância, conforme Ramalho et al. (1993). As estimativas de parâmetros genéticos foram utilizadas para identificar o tipo de ação gênica envolvida.

Os principais tipos de ação gênica incluem aditiva, onde os efeitos de vários genes se somam para determinar uma característica; dominante, em que um alelo dominante mascara o efeito de um alelo recessivo e ação epistática, quando a expressão de um gene é influenciada por outro, independente do seu próprio efeito. Essa análise fundamenta a escolha do método mais apropriado, para seleção de caracteres na fase inicial ou avançada do melhoramento (Cruz; Regazzi e Carneiro, 2004). Para estas análises foi utilizado o programa Genes (Cruz, 2013).

### 3.2.3 Correlação de Pearson

As correlações de Pearson foram obtidas para avaliar a relação entre os caracteres avaliados. A matriz de correlação foi gerada com o pacote “corrplot” para facilitar a visualização das relações entre os caracteres estudados.

Modelos preditivos foram desenvolvidos por meio de análises de regressão linear múltipla, para avaliar os efeitos combinados entre caracteres agronômicos do feijão-caupi. As variáveis independentes foram selecionadas com base na significância estatística dos coeficientes ( $p < 0,05$ ) e no valor de  $R^2$ . Estas análises estatísticas foram realizadas na plataforma R 3.4.0 (R Core Team 2020).

### 3.2.4 Componentes Principais (PCA)

Para selecionar variáveis e verificar a variabilidade entre as progêniess foi realizada análise de componentes principais (PCA), baseada na matriz de correlação utilizando o pacote “vegan”. Estas análises estatísticas foram realizadas na plataforma R 3.4.0 (R Core Team 2020).

### 3.2.5 Agrupamento de Tocher - Distância Euclidiana Média Padronizada

As distâncias Euclidianas médias padronizadas foram calculadas e utilizada para gerar agrupamento pelo método de otimização de Tocher, como complemento a PCA. Para esta análise foi utilizado o programa Genes (Cruz, 2013).

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 MÉTODO DESCENDENTE DE UMA ÚNICA SEMENTE

As progêneres  $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$  de feijão-caupi, obtidas por meio do método descendente de uma única semente (SSD), foram avaliadas quanto a características agronômicas relacionadas à produtividade, como comprimento médio de vagem (CMV), número médio de vagens (NMV), massa média de vagens (MMV) e massa média de grãos (MMG). A seguir, são apresentados os resultados obtidos e a análise das diferenças fenotípicas observadas entre as gerações.

#### 4.1.1 Análise descritiva

A Tabela 3 apresenta os resultados da análise descritiva e de variância das características agronômicas avaliadas nas gerações  $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$  do SSD. As comparações entre as gerações evidenciaram variações fenotípicas, indicando que a escolha de progêneres com características fenotípicas desejáveis ao longo das gerações, influenciou positivamente os atributos analisados.

**Tabela 3** - Análise descritiva e de variâncias das características relacionadas aos componentes de produção de feijão-caupi nas gerações  $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$

Caracteres	F	$\bar{x}$	Mín.	Máx.	A	s	$s^2$	QM	CV (%)
<b>CMV</b>	$F_4$	16,69	13,82	18,93	5,11	1,44	2,07	2,41 <sup>ns</sup>	7,78
	$F_5$	14,57	10,52	21,16	10,64	2,27	5,18	9,00*	12,80
	$F_6$	15,92	10,88	21,52	10,64	2,32	5,39	9,63*	11,58
<b>NMV</b>	$F_4$	5,27	1,00	9,00	8,00	2,34	5,50	2,38 <sup>ns</sup>	34,51
	$F_5$	33,14	6,00	77,00	71,00	18,34	336,59	192,34 <sup>ns</sup>	30,38
	$F_6$	9,42	1,00	18,00	17,00	4,71	22,25	24,12 <sup>ns</sup>	49,06
<b>MMV</b>	$F_4$	0,25	0,10	0,90	0,80	0,25	0,06	0,06 <sup>ns</sup>	38,15
	$F_5$	8,25	4,60	16,00	11,40	2,75	7,75	6,93 <sup>ns</sup>	33,96
	$F_6$	20,12	2,79	33,43	30,64	8,29	68,87	22,65 <sup>ns</sup>	47,30
<b>MMG</b>	$F_4$	59,55	15,00	122,00	107,00	30,20	912,14	640,68 <sup>ns</sup>	33,02
	$F_5$	36,57	5,49	93,11	87,62	18,42	339,61	218,87 <sup>ns</sup>	34,22
	$F_6$	17,55	1,95	31,56	29,61	7,57	57,42	38,79 <sup>ns</sup>	46,35

Símbolo F seguido de número indica gerações sucessivas.  $\bar{x}$  = Média, Mín. e Máx. = mínimo e máximo, A = Amplitude, DP e  $S^2$  = desvio padrão e variância da população. QM = quadrados médios da análise de variância e CV = coeficientes de variação experimental (%). Variáveis: Comprimento médio de vagem = CMV (cm), Número médio de vagem = NMV, Média da massa de vagem = MMV (g) e Média de grãos = MMG (g).

Na geração  $F_4$ , o comprimento médio da vagem foi de 16,69 cm ao comparar com a geração  $F_5$  verificou-se queda de 12,7% (Tabela 3). A variância ( $s^2$ ) também

aumentou (60,04%) da  $F_4$  para a  $F_5$ , indicando maior heterogeneidade na geração  $F_5$ . A literatura destaca que o comprimento da vagem é uma característica importante para a aceitação comercial e rendimento. Estudo de Almeida et al. (2021) sugerem que vagens mais longas estão correlacionadas a maiores rendimentos. Conforme a classificação de Pimentel-Gomes e Garcia (2002) valores entre 10 e 20% são considerados médios, 20 e 30% altos e acima de 30% muito altos. O comprimento das vagens nas gerações  $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$  apresentou as médias de 16,69 cm, 14,57 cm e 15,92 cm, respectivamente, com coeficientes de variação (CV%) de 7,78%, 12,80% e 11,58%, o que indica boa precisão experimental. Esses resultados sugerem que os dados para essa variável apresentaram uma distribuição relativamente homogênea ao longo das gerações (Tabela 3).

Para o número de vagens, na geração  $F_5$  houve no número médio de vagens (33,14), em comparação com  $F_4$  (5,27) e  $F_6$  (9,42). Essa variação corrobora com resultados de Oliveira et al. (2019), em que programas de seleção podem resultar em incrementos substanciais no número de vagens. A amplitude elevada nesta característica na geração  $F_5$  sugere heterogeneidade, indicando que indivíduos dessa geração podem ser promissores para seleção (Tabela 3).

O aumento na massa da vagem ao longo das gerações foi indicativo positivo para a produtividade do feijão-caupi. Resultados semelhantes foram obtidos por Almeida et al. (2021), que relataram tendência crescente na massa das vagens em populações de feijão-caupi que foram melhoradas por seleção e cruzamentos. A amplitude indica que há progênies com características superiores, evidenciando a diferenças fenotípicas entre as progênies analisadas.

Na geração  $F_4$  (0,25 g),  $F_5$  (8,25 g) e  $F_6$  (20,12 g), observou-se aumento significativo na produção de massa das vagens (Tabela 3). A variância elevada na geração  $F_6$  (68,87) sugere que há potencial para selecionar progênies com maior massa de vagens. Esse resultado é promissor pois, vagens mais pesadas são associadas a maior produtividade e podem atender à demanda do mercado. A alta variância (68,87) em  $F_6$  indicou existência de diferenças entre as progênies em relação à produção de massa. Resultados semelhantes foram reportados por Santos et al. (2024), sugerindo que a seleção favorece indivíduos com vagens mais pesadas, corroborando com a variabilidade observada neste estudo. Mesmo na geração  $F_6$ , a variabilidade observada entre as progênies pode ser atribuída à segregação genética ainda presente, já que a fixação dos alelos pode não estar totalmente concluída. Assim, a variância observada pode refletir a presença de alelos ainda segregantes, o que é

comum em programas de melhoramento em fases intermediárias (Ramalho et al., 2012; Allard, 1999).

Para a massa de grãos observou-se tendência decrescente da geração F<sub>4</sub> (59,55 g) para F<sub>6</sub> (17,55 g), possivelmente em razão da segregação, que resulta em variabilidade nas descendências, fazendo com que algumas plantas não herdem genes que promovem maior massa de grãos. Além disso, os efeitos indiretos da seleção, ao priorizar características como comprimento e número de vagens, sem considerar todos os fatores que impactam na produtividade total, pode ocorrer diminuição na massa de grãos (Gomes et al., 2020; Nkhoma et al., 2020; Singh, 2001). Em relação a amplitude, houve progênies com desempenho superior, o que é essencial para a seleção de progênies produtivas (Tabela 3).

Nas gerações F<sub>4</sub>, F<sub>5</sub> e F<sub>6</sub> de nove progênies de feijão-caupi, apenas o comprimento das vagens apresentou diferença ( $p<0,05$ ) significativa, com resultados distintos entre as gerações F<sub>5</sub> e F<sub>6</sub>. A geração F<sub>4</sub> não demonstrou variação significativa (Tabela 3). Esses resultados sugerem que avanço das gerações resultaram em aumento no comprimento de vagens, corroborando estudos que destacaram a evolução positiva desta característica em programas de melhoramento (Cavalcante et al., 2017).

Assim como o número de vagens, a massa das vagens também não apresentou diferenças significativas entre as gerações avaliadas. Isso pode indicar que essa característica se manteve estável ao longo das gerações ou que o método SSD até aquele momento não foi suficiente para promover variações. A literatura sugere que a seleção por características como a massa de vagens pode exigir maior número de ciclos de seleção para se observar resultados promissores (Freire Filho, 2011; Torres et al., 2015). Portanto, a partir da geração F<sub>6</sub> é necessário avaliar as progênies e conduzir experimentos com repetição, pois assegurar que os resultados para características como o número de vagens e a massa das vagens sejam consistentes.

Para o número de vagens, nenhuma das gerações houve diferenças significativas. Esse resultado indica que essa característica pode ser mais estável entre as gerações ou menos influenciada pela seleção até aquele momento. Estudos anteriores também relataram estabilidade no número de vagens ao longo das gerações em feijão-caupi, indicando que pode exigir maior esforço na seleção para identificar variações significativas (Cavalcante et al., 2017). A ausência de diferenças significativas sugere que o número de vagens pode ser uma característica com menor variabilidade genética em comparação com outras, ou que sua modificação através de seleção requer período mais

prolongado, estratégias de seleção mais específicas ou exigi ciclos adicionais para se manifestar de forma mais evidente (Gonçalves et al., 2019).

A ausência de significância para a massa de grãos em todas as gerações indicou que, apesar dos esforços realizados na seleção, essa característica não apresentou variação suficiente para ser detectada estatisticamente. Esse resultado sugere que a massa de grãos por ser característica complexa, influenciada por fatores genéticos e ambientais, conforme discutido por Dias et al. (2015).

Os resultados obtidos mostraram avanços apenas para o comprimento de vagens nas gerações F<sub>5</sub> e F<sub>6</sub>, enquanto a estabilidade da massa e do número de vagens e a falta de variabilidade na massa de grãos demandam atenção especial. A comparação entre as gerações não revelou diferenças significativas nas características avaliadas. Isso pode estar relacionado a fatores ambientais, como altas temperaturas e irrigação inadequada (realizada pela manhã), que podem ter afetado o desempenho das plantas.

O coeficiente de variação (CV%) avaliou a variabilidade das características entre as gerações. Para o número de vagens (49,6%) e massa de grãos (47,3%), os valores elevados indicam maior dispersão em relação às médias, sugerindo menor precisão experimental para essas variáveis. Os resultados confirmam a eficácia do SSD como método de seleção. Estudos mostram que métodos de seleção bem conduzidos aceleram a fixação dos atributos desejáveis (Cruz; Carneiro e Regazzi, 2014; Falconer e Mackay, 1996).

#### 4.1.2 Frequências relativas

Na Figura 5 observa-se a distribuição de frequências relativas de quatro características de plantas de feijão-caupi provenientes do SSD F<sub>4</sub>. Para a distribuição do comprimento das vagens houve tendência unimodal, com a maior concentração (44%) na classe entre 17,50 e 18,98 cm (Figura 5A).

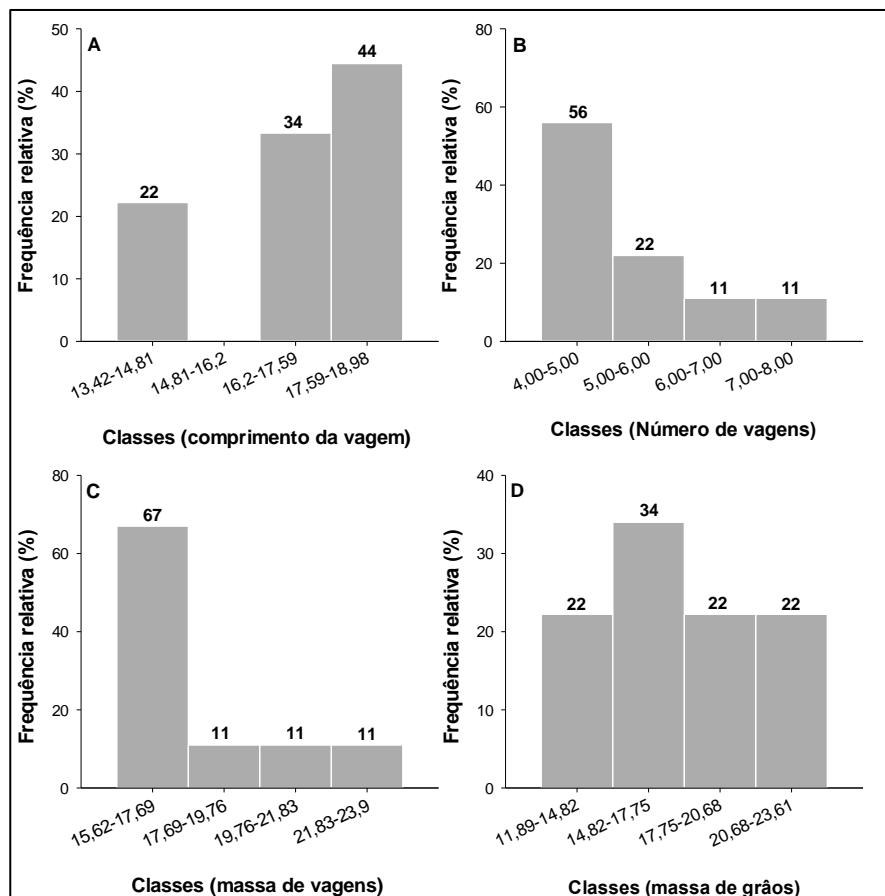
O número de vagens apresenta distribuição levemente assimétrica à direita, com a maior frequência relativa (56%) na classe de 4 a 5 vagens. Essa produção média é relevante, pois estudos anteriores destacam a importância da quantidade de vagens para maior rendimento (Silva et al., 2018).

A diminuição das frequências nas classes superiores sugere limitação na capacidade produtiva das progêniés avaliadas, indicando que estratégias de seleção podem ser necessárias para aumentar essa característica (Figura 5B).

Em contrapartida, a distribuição da massa de vagens foi caracterizada por uma assimetria positiva acentuada, com 67% das vagens concentradas na classe de 15,60 a 17,00 g (Figura 5C). Este resultado indica padrão favorável para a obtenção de vagens com massa adequada, corroborando Oliveira et al. (2016), que ressaltaram a importância da massa das vagens para o valor comercial do feijão-caupi. A baixa frequência nas classes superiores pode sugerir a necessidade de focar na seleção para obter massa de vagens maiores.

Para a distribuição da massa de grãos houve comportamento unimodal e mais uniforme (Figura 5D). A classe com maior frequência relativa (34%) foi entre 14 e 17 g, indicando produção moderada.

**Figura 5 -** Distribuição de frequências relativas para o comprimento da vagem, cm (A), número de vagens (B), massa de vagens, g (C) e massa de grãos, g (D) de nove progêneres de feijão-caupi provenientes do SSD F<sub>4</sub>, UFAC, 2022

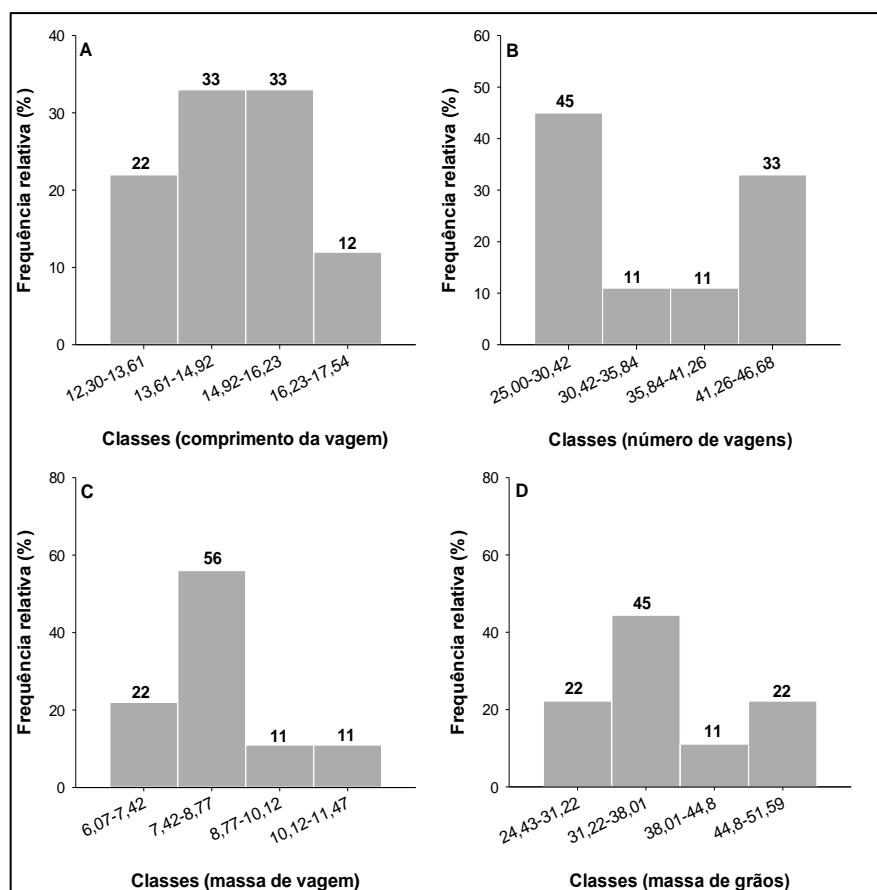


Esse resultado é importante, pois a massa dos grãos está diretamente relacionada ao rendimento (Pessoa et al., 2023). Os resultados obtidos para estas características indicaram que, ao utilizar o método de melhoramento SSD, é possível selecionar as melhores sementes de plantas com características de interesse,

resultando em cultivos mais produtivos e de qualidade superior. Isso é possível porque o método SSD permite acompanhar e selecionar, em cada geração, plantas com desempenho agronômico superior, promovendo o acúmulo gradual de características desejáveis ao longo do processo de seleção (Ramalho et al., 2012).

Na Figura 6, verifica-se a distribuição de frequências relativas de quatro características de plantas de feijão-caupi provenientes do SSD F<sub>5</sub>. Com padrões de distribuição distintos para cada característica.

**Figura 6** - Distribuição de frequências relativas para o comprimento da vagem, cm (A), número de vagens (B), massa de vagens, g (C) e massa de grãos, g (D) de nove progêneres de feijão-caupi provenientes do SSD F<sub>5</sub>, UFAC, 2023



Em relação ao comprimento da vagem, observou-se distribuição multimodal, com maior frequência nas classes 13,6-14,9 cm e 14,9-16,2 cm, indicando maior concentração de vagens com comprimentos próximos a estes valores. A classe 16,2-17,1 cm apresentou frequência menor, com pouca representatividade de vagens com esse tamanho (Figura 6A).

Para o número de vagens (Figura 6B) houve distribuição assimétrica à direita, com maior frequência na classe 25,0-30,4, indicando predominância de plantas com

esse número de vagens. As demais classes apresentam frequências menores e mais homogêneas, com menor variação em relação ao número de vagens.

Observou-se que a massa de vagens apresentou distribuição unimodal, com maior frequência nas classes de 7,4-8,7 g, o que indica uma concentração predominante de progênies com vagens dentro desse intervalo de massa (Figura 6C).

Para a massa de grãos verificou-se distribuição unimodal similar à da massa de vagens, com maior frequência na classe 31,2-38,01 g. As classes com valores menores e maiores que a classe modal apresentaram frequências semelhantes, sugerindo menor variabilidade em torno da média (Figura 6D). Os resultados evidenciam padrões distintos nas características analisadas das plantas de feijão-caupi na geração  $F_5$  destacando maiores concentrações no comprimento e massa das vagens e grãos.

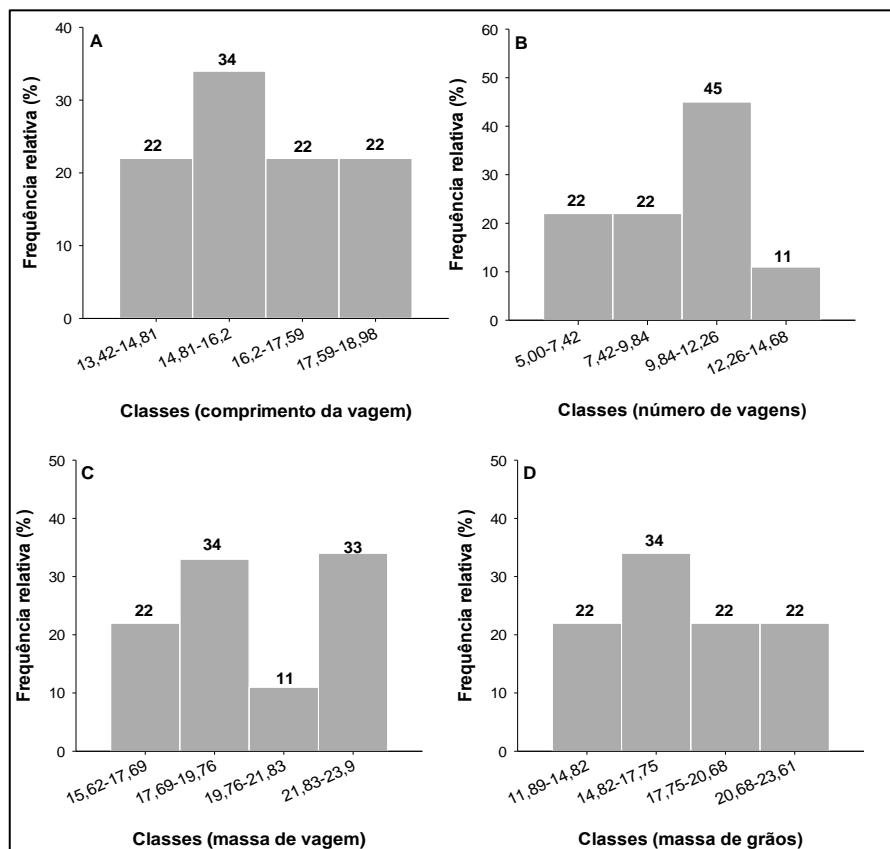
Na geração  $F_4$  e  $F_5$  verificou-se mudanças nas características avaliadas ao longo das gerações. O padrão observado em  $F_5$  sugere que as práticas de seleção contribuíram para a homogeneização destas características, refletindo progresso do melhoramento por meio do método SSD.

A análise das distribuições de frequências relativas das características de progênies de feijão-caupi da geração  $F_6$ , são apresentadas na Figura 7. A distribuição unimodal do comprimento das vagens, com concentração na classe de 13,4 a 18,9 cm, evidencia uma uniformidade fenotípica desejável em programas de melhoramento (Figura 7A). Essa estabilidade é benéfica, pois facilita a seleção de genótipos com maior previsibilidade no desempenho agronômico (Oliveira et al., 2016).

Para o número de vagens (Figura 7B), observou-se assimetria positiva, com maior frequência em classes intermediárias. Essa distribuição sugere que há potencial para seleção de progênies com número ideal de vagens, o que pode favorecer a produtividade. A seleção de indivíduos com características intermediárias pode, inclusive, aumentar a adaptabilidade das plantas e sua resiliência a estresses abióticos, conforme demonstrado por Meira et al. (2017).

As distribuições unimodais e simétricas observadas para a massa de vagens e a massa de grãos (Figuras 7C e 7D) indicam boa homogeneidade dessas características entre as progênies avaliadas.

**Figura 7** - Distribuição de frequências relativas para o comprimento da vagem, cm (A), número de vagens (B), massa de vagens, g (C) e massa de grãos, g (D) de nove progênies de feijão-caupi provenientes do SSD  $F_6$ , UFAC, 2024



Tal uniformidade é desejável em cultivares comerciais, pois contribui para maior padronização da produção, melhor eficiência de colheita e maior aceitação no mercado consumidor (Oliveira et al., 2019). Esses resultados reforçam o potencial do SSD na obtenção de progênies com características produtivas consistentes.

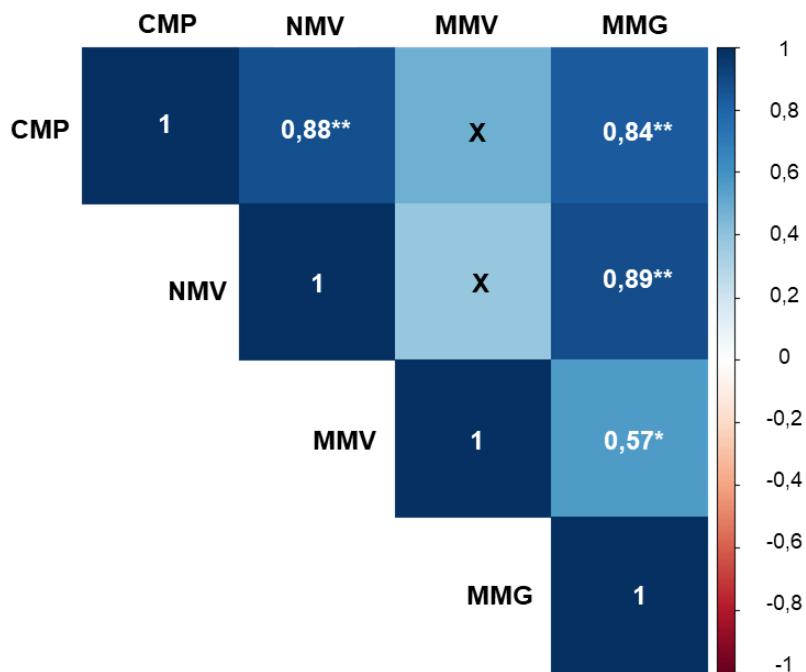
#### 4.1.3 Correlação entre caracteres

Na Figura 8, são apresentados os coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres comprimento de vagens, massa de vagens, número de vagens e massa de grãos da geração F<sub>4</sub> em progênies de feijão-caupi.

As estimativas mostraram que, de maneira geral, as correlações entre esses componentes de produção foram positivas, de magnitudes medianas a altas. Observou-se correlação positiva entre comprimento de vagem e número de vagens (0,88) e entre comprimento de vagem e massa de grãos (0,84). A associação entre estas características sugere que progênies com vagens maiores tendem a produzir maior número de vagens e massa de grãos (Figura 8). Estes resultados corroboram com estudo realizado por Almeida et al. (2014), que relataram correlações semelhantes

entre esses caracteres, confirmando que o aumento no comprimento das vagens está associado a maior rendimento produtivo do feijão-caupi.

**Figura 8** - Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progênies de feijão-caupi método SSD, geração F<sub>4</sub>, na Horta da UFAC, 2022



Variáveis: CMP = comprimento médio da vagem (cm), NMV = número médio de vagens, MMV = média da massa de vagem (g), MMG = média da massa grãos (g). \* e \*\* significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste de correlação de Pearson, respectivamente.

As estimativas mostraram que, de maneira geral, as correlações entre esses componentes de produção foram positivas, de magnitudes medianas a altas. Observou-se correlação positiva entre comprimento de vagem e número de vagens (0,88) e entre comprimento de vagem e massa de grãos (0,84). A associação entre estas características sugere que progênies com vagens maiores tendem a produzir maior número de vagens e massa de grãos (Figura 8). Estes resultados corroboram com estudo realizado por Almeida et al. (2014), que relataram correlações semelhantes entre esses caracteres, confirmando que o aumento no comprimento das vagens está associado a maior rendimento produtivo do feijão-caupi.

Similarmente, houve também correlação positiva significativa entre número de vagens e massa de grãos (0,89), essa relação reforça que a maior quantidade de vagens está diretamente relacionada a maior produção de grãos (Figura 8). Na literatura relata-se que o número de vagens é componente fundamental no rendimento de grãos

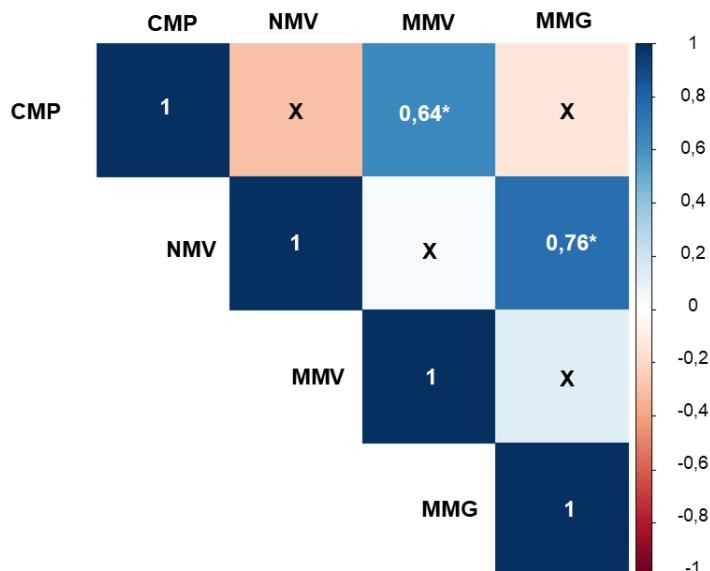
em leguminosas, conforme discutido por Susmitha et al. (2023) que destacaram a importância do número de vagens para maximizar a produtividade no feijão-caupi.

Por outro lado, observou-se correlação moderada e positiva entre a massa de vagens e a massa de grãos (0,57), diferentemente das associações observadas anteriormente CMP e NMV, CMP e MMG, bem como NMV e MMG. Isso pode ser explicado pela influência de outros fatores que contribuem para o rendimento total da planta, como condições ambientais, práticas de manejo e/ou características genéticas específicas (Almeida et al., 2014).

Na geração F<sub>4</sub>, as correlações indicam que a seleção baseada em caracteres como comprimento e número de vagens pode ser estratégia promissora para o aumento da produtividade no feijão-caupi. No entanto, é essencial considerar a interação desses caracteres com outros componentes que afetam o desempenho agronômico desta espécie.

Na Figura 9, são apresentadas correlações significativas entre os caracteres agronômicos do feijão-caupi, como comprimento e número de vagens, massa de vagens e massa de grãos. Ao comparar com a geração F<sub>4</sub>, nota-se que, na F<sub>5</sub>, não houve correlação entre o comprimento da vagem e o número de vagens.

**Figura 9** - Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progêniens de feijão-caupi método SSD, geração F<sub>5</sub> na Horta da UFAC, 2023



Variáveis: CMP = comprimento médio da vagem (cm), NMV = número médio de vagem, MMV = média da massa de vagem (g), MMG = média da massa grãos (g). \* e \*\* - significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste qui-quadrado, respectivamente.

Esse resultado pode refletir interferência de fatores genéticos ou ambientais que afetaram a expressão dessas características, como variações na segregação ou

pequenas mudanças (em temperatura, luminosidade, umidade ou irrigação) nas condições experimentais (Kalambe et al., 2019; Owusu et al., 2021).

A ausência dessa correlação na geração F5 pode indicar que o desenvolvimento das vagens não acompanhou o número de vagens produzidas, o que compromete o rendimento. Ainda assim, foram observadas correlações positivas entre o comprimento de vagem e a massa de vagens (0,64), e entre o número de vagens e a massa de grãos (0,76), sugerindo que, apesar da não associação de alguns caracteres, outros mantiveram relações importantes para a produtividade. Segundo Aliyu et al. (2022), esse comportamento pode estar relacionado à qualidade dos grãos, que influencia diretamente no rendimento total da planta.

Essas evidências reforçam que a seleção deve considerar não apenas a quantidade de estruturas produtivas, mas também sua qualidade e contribuição efetiva para o rendimento. A comparação entre F<sub>4</sub> e F<sub>5</sub> mostra que, mesmo com avanço na seleção, a expressão dos caracteres pode variar conforme o ambiente ou a base genética das progêñies avaliadas. Estudos indicam que a variabilidade genética e as interações genótipo × ambiente influenciam significativamente a expressão dos caracteres agronômicos em feijão-caupi, sendo essencial considerar essas interações no processo de melhoramento (Torres et al., 2015; Ribeiro, 2002).

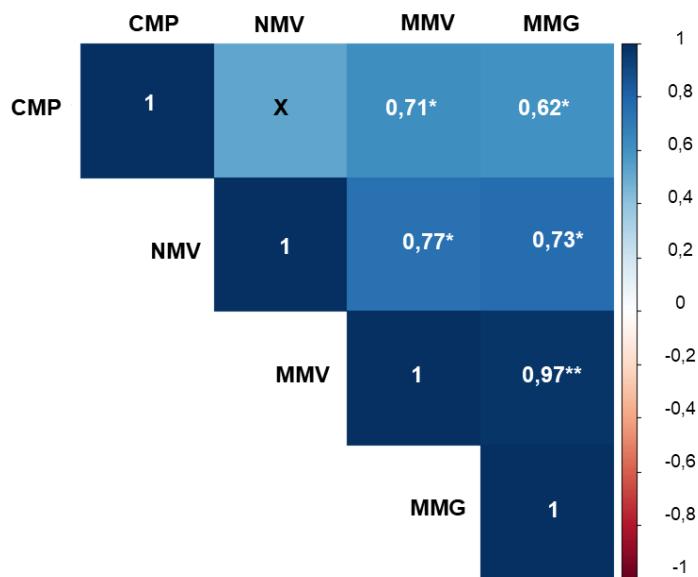
A estabilidade das correlações na geração F<sub>5</sub> é promissora para futuras estratégias de seleção, potencialmente resultando em ganhos de produtividade por meio do aumento da massa e do número de vagens. As correlações entre os caracteres agronômicos variaram ao longo das gerações estudadas. Indicando que fatores genéticos desempenharam papel importante na determinação dessas características, sendo pertinente considerar essas interações para maximizar o potencial produtivo do feijão-caupi.

Na Figura 10, verifica-se os coeficientes de correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em progêñies de feijão-caupi na geração F<sub>6</sub>. Foram observadas correlações positivas de mediana a alta magnitude na geração F<sub>6</sub>, com destaque para a massa de vagens e a massa de grãos (0,97) com forte associação entre essas variáveis, indicando que o aumento da massa das vagens resulta em maior produtividade de grãos (Figura 10).

Reforçando a importância da seleção para características relacionadas à massa das vagens como meio eficaz para melhorar a produtividade do feijão-caupi em gerações futuras (Mohammed e Fikre, 2018; Tsegaye, Fikre e Bantayhu, 2020). Em

relação ao comprimento de vagens, verificou-se correlações positivas com a massa de vagens (0,71) e massa de grãos (0,62), indicou que vagens mais longas podem contribuir para melhoria da produtividade (Figura 6).

**Figura 10** - Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos, em nove progêneros de feijão-caupi método SSD, geração F<sub>6</sub> na Horta da UFAC, 2024



Variáveis: CMP = comprimento médio da vagem (cm), NMV = número médio de vagens, MMV = média da massa de vagem (g), MMG = média da massa grãos (g). \* e \*\* significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste de correlação de Pearson, respectivamente.

As correlações observadas entre o número de vagens e a massa de vagens (0,77) e entre o número de vagens e a massa de grãos (0,73) indicam que maior número de vagens está positivamente associado ao aumento significativo na massa de grãos produzidos.

Essa relação positiva indica que a seleção para aumentar o número de vagens pode ser estratégia eficaz para melhorar a produtividade do feijão-caupi (Tsegaye, Fikre e Bantayhu, 2020). Em contrapartida, a ausência de correlação entre o comprimento e o número de vagens sugere que essas características podem ser influenciadas por fatores distintos (genéticos ou ambientais), indicando que o aumento do comprimento não necessariamente resulta em maior número de vagens (Figura 10).

Essa distinção torna-se importante para os programas de melhoramento genético pois, permite direcionar os esforços da seleção para características como o número de vagens e a massa de grãos, que impactam na produtividade (Mendonça et al., 2018). Os resultados na geração F<sub>6</sub> mostraram que, a seleção para aumento da massa de vagens pode ser eficiente para incrementar a produtividade de grãos no feijão-caupi.

Tabela 4 apresenta os modelos preditivos obtidos por regressão múltipla entre caracteres agronômicos do feijão-caupi nas gerações F<sub>4</sub>, F<sub>5</sub> e F<sub>6</sub>. Os modelos foram ajustados com base na significância dos coeficientes ( $p<0,05$ ) e no R<sup>2</sup>, visando identificar efeitos combinados entre as variáveis em cada geração.

**Tabela 4** - Modelos preditivos entre caracteres agronômicos de feijão-caupi avaliados pelo método SSD em três gerações

Modelos Preditivos	Valor F	R <sup>2</sup>	p
<b>F<sub>4</sub></b>			
<b>CMP</b> = 1,85 + (1,88 x <b>NMV*</b> ) + (5,64 x MMV) + (0,01 x MMG)	20,18	0,77	<0,001
<b>MMG</b> = -0,87 + (8,65 x <b>NMV**</b> ) + (41,55 x <b>MV*</b> ) + (0,21 x CMP)	29,59	0,83	<0,001
<b>NMV</b> = 0,17 + (-2,63 x MMV) + (0,05 x <b>MMG**</b> ) + (0,18 x <b>CMP**</b> )	36,31	0,85	<0,001
<b>F<sub>5</sub></b>			
<b>MMG</b> = 3,79 + (0,70 x <b>NMV**</b> ) + (-0,43 x MMV) + (0,88 x CMP)	6,71	0,53	<0,001
<b>NMV</b> = 26,57 + (1,638 x MMV) + (0,73 x <b>MMG**</b> ) + (-2,26 x CMP)	7,95	0,57	<0,001
<b>F<sub>6</sub></b>			
<b>MMG</b> = 0,56 + (0,14 x NMV) + (0,82 x <b>MMV**</b> ) + (0,88 x CMP)	94,11	0,94	<0,001
<b>MMV</b> = -0,01 + (1,02 x <b>NMV**</b> ) + (0,67 x MMG)	10,80	0,53	<0,001

Variáveis: CMP = comprimento médio da vagem (cm), NMV = número médio de vagem, MMV = média da massa de vagem (g), MMG = média da massa grãos (g).

Todos os modelos propostos demonstraram diferenças significativas entre gerações e progêneres. Os valores de  $p<0,001$  indicando forte relação entre as variáveis. Os coeficientes de determinação (R<sup>2</sup>) variando de 0,53 a 0,94 mostram que os modelos explicaram grande parte da variação observada, especialmente nas gerações F<sub>4</sub> e F<sub>5</sub>, demonstrando que as interações entre CMP, NMV, MMV e MMG são determinantes na produção do feijão-caupi. Isso porque, conforme avança o processo de seleção, as gerações se tornam mais homogêneas e adaptadas, resultando em características agronômicas mais consistentes e previsíveis. Os modelos preditivos são úteis na seleção de progêneres superiores, pois identificam combinações de características que possuem forte influência no desempenho agronômico.

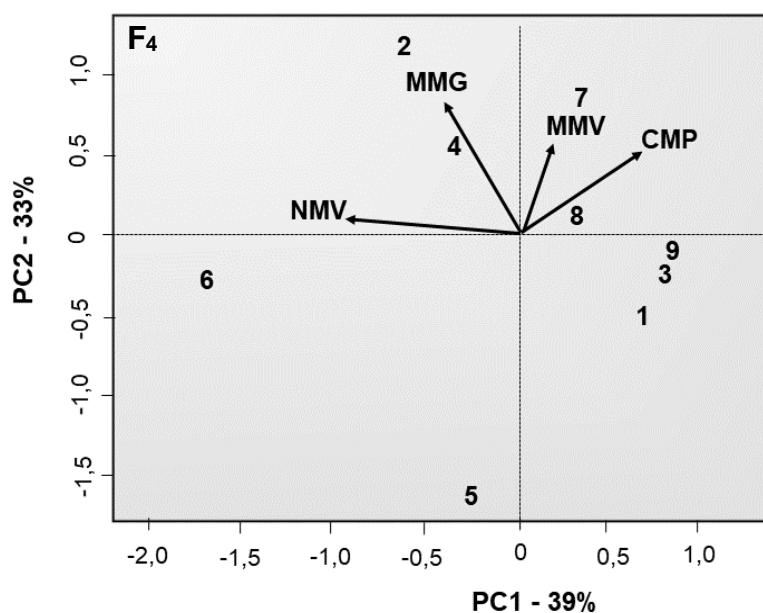
Os elevados valores de F e R<sup>2</sup>, como observados na geração F<sub>6</sub> para a massa de grãos ( $F = 94,11$ ;  $R^2 = 0,94$ ), indicam que as variáveis selecionadas explicam grande parte da variabilidade observada nesta característica. Isso sugere que o modelo tem poder preditivo, facilitando na seleção de progêneres com maior potencial para essa característica.

No entanto, a melhor predição para outras variáveis varia conforme a geração, não sendo possível apontar um único modelo superior em todas as gerações.

#### 4.1.4 Seleção de caracteres e análise de agrupamento

Na Figura 11, referente à geração F<sub>4</sub>, observa-se a distribuição das progêniess analisadas em relação às variáveis, o que possibilita identificar padrões e associações. Os componentes principais PC1 e PC2 explicam, respectivamente, 39% e 33% da variação total, somando 72%.

**Figura 11** - Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) na geração F<sub>4</sub> na Horta da UFAC, 2022



No eixo PC1, observa-se relação entre comprimento de vagens (CMP), massa de vagens (MMV) e massa de grãos (MMG). Conforme os resultados obtidos as plantas com vagens maiores produziram vagens mais pesadas e maior massa de grãos. Em contrapartida, no eixo PC2, houve associação negativa entre número de vagens (NMV) em relação as demais variáveis. Assim, plantas com mais vagens tendem a ter vagens de tamanho reduzido e menor massa de grãos (Hair et al., 2010).

As progêniess de 1 a 9 se agruparam com base em semelhanças em suas características fenotípicas. As progêniess 2 e 4, que estão próximas à massa de grãos

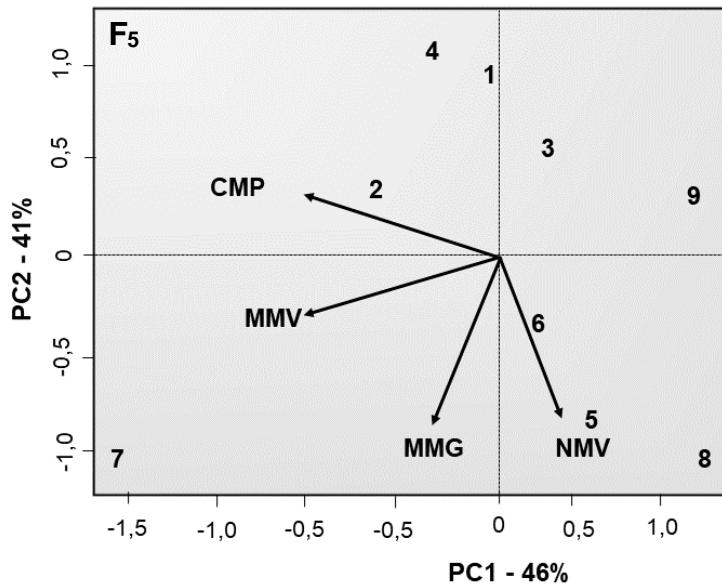
(MMG), mostraram valores elevados para essa variável, enquanto a progénie 6 destacou-se por apresentar altos valores no número de vagens (Figura 11).

Verificou-se separação entre os grupos de progénies, o que facilita a identificação das diferenças fenotípicas. As progénies 6 e 5 foram as mais distantes entre si, indicando maior diversidade em comparação com as demais (Figura 11). Em contrapartida, as progénies 1, 3, 7, 8 e 9 estão próximas umas das outras, evidenciando similaridade fenotípica.

Para a geração F<sub>4</sub>, a PCA destacou relações importantes entre características número, comprimento e massa de vagens e massa grãos. Essas relações são úteis para identificar progénies com atributos que podem aumentar a produtividade. Com essas informações, é possível realizar a seleção de cruzamentos entre as progénies que apresentam essas características vantajosas.

Na Figura 12, a geração F<sub>5</sub> em PC1 e PC2 explicam 87% da variabilidade dos dados. Esse resultado indica que os caracteres analisados têm influência na distinção das progénies.

**Figura 12** - Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) na geração F<sub>5</sub> na Horta da UFAC, 2023



Observou-se relação entre o comprimento e a massa das vagens, indicando que essas características podem ser selecionadas simultaneamente, favorecendo a produtividade. Essa associação é corroborada por estudo de Pereira et al. (2019) que

afirmaram que vagens mais longas tendem a ter maior massa e, consequentemente, resultam em maior produção de grãos.

Além disso, a relação entre o número de vagens (NMV) e a massa de grãos (MMG) sugere que o maior número de vagens pode contribuir positivamente para a produtividade total, embora essa relação possa ser influenciada por variações genéticas entre as progênies e por condições ambientais, mesmo em ambientes controlados (Zandalinas et al., 2018). Cruz, Regazzi e Carneiro (2014) enfatizam que a seleção baseada em características intercorrelacionadas pode acelerar o ganho genético, desde que seja realizada com critérios rigorosos para preservar a variabilidade.

A relação negativa entre o número de vagens e as demais variáveis destaca o risco de priorizar exclusivamente a quantidade de vagens, em detrimento do tamanho e da qualidade das vagens (Figura 12). Essa estratégia de priorizar a produção de vagens sugere possível compensação fisiológica. Conforme Falconer e Mackay (1996), o aumento na produção de estruturas reprodutivas pode afetar a alocação de recursos para funções essenciais como o crescimento vegetativo (folhas e raízes), comprometendo outras características da planta.

Para otimizar a produção total, é essencial que os programas de melhoramento considerem não apenas as características individuais, mas também suas interações (Cruz; Carneiro e Regazzi, 2014). A seleção deve buscar manter equilíbrio entre o número e o tamanho adequado de vagens, visando maximizar a massa de grãos sem perder o padrão desejado para o consumo ou comercialização.

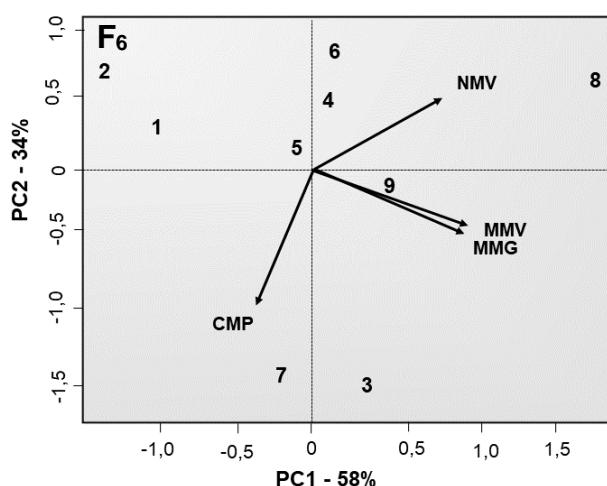
Observou-se que as progênies 1, 3 e 4 apresentaram diferenças nos valores fenotípicos para os caracteres analisados, indicando maior potencial de diferenciação. Já as progênies 5 e 6, com características semelhantes, mostram um desempenho mais consistente, especialmente em relação ao número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG) (Figura 12). Em contraste, as progênies 2 e 7 apresentaram desempenho inferior, sugerindo menor potencial produtivo.

A análise multivariada foi fundamental para identificar as progênies com maior potencial para avanço nos programas de melhoramento genético, pois permitiu observar as interações entre os caracteres e seu impacto no desempenho geral das progênies. Essa abordagem facilita a seleção de progênies com características fenotípicas vantajosas, essencial para otimizar o processo de melhoramento genético (Hallauer; Carena e Miranda Filho, 2010).

As progênies situadas em PC1 foram as mais promissoras, pois combinam caracteres favoráveis como maior número e massa de vagens e maior massa de grãos. O método SSD tem se mostrado eficaz na seleção de progênies promissoras. Entretanto, segundo Melo (1989), sua eficiência é maior para caracteres de baixa herdabilidade, desde que se mantenha uma base genética ampla ao longo das gerações, o que reforça a importância de conduzir o processo com critérios que preservem a variabilidade genética.

Na Figura 13, geração F<sub>6</sub> os dois primeiros componentes (PC1 e PC2) explicam 92% da variabilidade entre as progênies.

**Figura 13** - Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) na geração F<sub>6</sub> na Horta da UFAC, 2024



A relação negativa do comprimento de vagens (CMP) em PC1 sugere que vagens mais curtas estão associadas a maiores valores de massa de vagens (MV), número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG). Isso indica que, sob condições de estresse ambiental como temperatura elevada, a redução do comprimento das vagens pode ser estratégia adaptativa. Essa adaptação pode permitir que as plantas direcionem mais energia e recursos para a produção de grãos, levando a maior alocação de recursos disponíveis em resposta a desafios ambientais (Falconer e Mackay, 1996; Melo et al., 2015).

A relação observada entre massa de vagens, número de vagens e média de grãos em ambos os componentes principais reforça que essas características estão interligadas. A massa total das vagens e a quantidade de grãos são frequentemente utilizadas como indicadores diretos da produtividade (Figura 13).

O fato de que todas essas variáveis apresentem correlações positivas sugere que a seleção focada em aumentar a massa e o número total das vagens pode resultar em ganhos na produtividade. A análise dos componentes principais demonstra a contribuição das variáveis agronômicas para a variabilidade entre progênies de feijão-caupi nas gerações  $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$ . O primeiro componente principal (CP1) explica a maior parte da variabilidade em todas as gerações, com valores acumulados de 72%, 87% e 92% para  $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$ , respectivamente. Isso sugere que, com o avanço das gerações, ocorreu redução na variabilidade entre progênies, refletindo maior uniformidade fenotípica (Cruz; Regazzi, Carneiro, 2012; Hallauer; Carena e Miranda Filho, 2010).

No SSD, a taxa de homozigose aumenta com as gerações. Segundo Allard (1999) e Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), a homozigose esperada para uma população derivada de um cruzamento  $F_2$  é dada por: Taxa de homozigose =  $1 - (1/2)^n$ , resultando em 50% na  $F_2$ , 75% na  $F_4$  e 87,5% na  $F_6$ . Com o aumento da homozigose, há maior uniformidade fenotípica nas progênies, o que é essencial porque facilita a seleção de progênies com características de interesse. O avanço das gerações pelo SSD leva à fixação progressiva de alelos, aumentando essa uniformidade fenotípica.

Na Tabela 5, ao utilizar o método de otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana média, as progênies foram alocadas em diferentes grupos.

**Tabela 5** - Agrupamento de nove progênies de feijão-caupi pelo método de otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana média padronizada, referente ao método SSD nas gerações  $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$

Grupos	Progênies	Distância média
<b><math>F_4</math></b>		
I	1, 2, 3, 4, 8 e 9	0,29*
II	7	0,46
III	5	0,64
IV	6	0,47
<b><math>F_5</math></b>		
I	1, 2, 3, 4, 5, 6 e 9	0,34*
II	8	0,47
III	7	0,71
<b><math>F_6</math></b>		
I	1, 4, 5, 6 e 9	0,31*
II	3 e 7	0,42
III	2	0,67
IV	8	0,87

Distância média entre progênies dentro do mesmo grupo\*.

O agrupamento pelo método de Tocher evidenciou redução na variabilidade genética ao longo das gerações (Tabela 5). Na  $F_4$ , formaram-se quatro grupos distintos; na  $F_5$ , três; e na  $F_6$ , embora o número de grupos tenha sido semelhante ao da  $F_4$ , houve alterações na distribuição das progênies. Essa mudança pode ser atribuída à deriva genética, que consiste na flutuação aleatória das frequências alélicas entre gerações. Como o método SSD utiliza apenas uma semente por progênie para o avanço, o tamanho efetivo da população é reduzido, favorecendo esse efeito. A consequência é a fixação ou perda de alelos ao acaso, o que pode alterar o agrupamento das progênies nas gerações seguintes (Falconer e Mackay, 1996; Resende, 1999).

No SSD, como apenas uma única semente é avançada para a geração seguinte, há um risco elevado de deriva genética, o que pode levar à perda de alelos benéficos por acaso. Isso significa que algumas progênies podem perder variabilidade genética mais rapidamente do que esperado pela segregação natural, o que pode impactar a seleção de caracteres desejáveis (Hallauer, Carena e Miranda Filho, 2010).

A distância média entre grupos variou ao longo das gerações. Em  $F_4$ , a maior distância foi de 0,64; em  $F_5$ , aumentou para 0,71, sugerindo acréscimo na variabilidade genética. Em  $F_6$ , essa distância atingiu 0,87, possivelmente refletindo a fixação de alelos vantajosos em alguns grupos, o que acentuou a diferenciação entre progênies (Falconer; Mackay, 1996). Esse processo reduz a variabilidade dentro das progênies e contribui para estabilidade fenotípica, que é a capacidade de uma progênie expressar características de forma consistente, mesmo sob diferentes condições ambientais ou genéticas. Segundo Ramalho et al. (2012), essa estabilidade é desejável no melhoramento por garantir previsibilidade no desempenho das linhagens selecionadas.

## 4.2 MÉTODO BULK DENTRO DE FAMÍLIAS $F_2$

### 4.2.1 Análise descritiva

Na Tabela 6, são apresentadas as análises descritivas e de variâncias das progênies de feijão-caupi provenientes do Bulk/ $F_2$  ao longo de três gerações. Observou-se variabilidade nos caracteres na geração  $F_{2:3}$  (Bulk/ $F_2$ ), com destaque para a MMG (massa de grãos), que apresentou a maior amplitude (321,00). O NMV (número de vagens) e a MMV (massa de vagens) também mostraram alta

variabilidade. O elevado coeficiente de variação para MMV (29,81%) e CMP (31,73%) sugere que essas características ainda não estavam estabilizadas.

**Tabela 6** - Análise descritiva em progênies de feijão-caupi avaliadas pelo método BulkF<sub>2</sub> entre 2022 a 2024 na UFAC

Caracteres	$\bar{x}$	Mín.	Máx.	A	DP	QM	CV (%)
<b>Bulk/F<sub>2:3</sub></b>							
<b>MDE</b>	5,22	4,00	6,00	2,00	0,87	2,08**	7,39
<b>FLM</b>	51,31	44,00	64,00	20,00	4,92	51,72**	6,20
<b>MCF</b>	1,88	1,00	3,00	2,00	0,57	0,44 <sup>ns</sup>	29,02
<b>CMV</b>	3,22	2,00	4,00	2,00	0,80	0,20 <sup>ns</sup>	11,67
<b>CVM</b>	2,50	1,00	5,00	4,00	1,53	4,63**	47,35
<b>CMP</b>	26,08	0,80	43,20	42,40	14,47	78,69**	31,73
<b>NMV</b>	19,28	5,20	34,20	29,00	5,60	473,08**	15,89
<b>MMV</b>	56,51	13,20	104,40	91,20	27,82	181,00**	29,81
<b>MMG</b>	133,10	26,00	338,00	321,00	57,67	7126,79**	30,42
<b>NMG</b>	15,83	10,00	18,00	8,00	2,09	12,07**	4,30
<b>ATM</b>	49,68	25,00	61,60	36,60	7,48	106,83 <sup>ns</sup>	11,61
<b>Bulk/F<sub>3:4</sub></b>							
<b>CMV</b>	1,98	0,40	1,98	1,58	0,40	0,05*	7,64
<b>CVM</b>	1,50	0,40	1,50	1,10	0,61	0,15*	14,42
<b>CMP</b>	18,02	5,04	34,20	29,16	4,02	12,03**	8,45
<b>NMV</b>	12,94	1,00	44,00	43,00	6,30	20,25**	16,53
<b>MMV</b>	28,19	5,50	60,30	54,80	11,02	140,47**	12,23
<b>MMG</b>	21,81	2,29	99,36	97,07	13,79	92,14 <sup>ns</sup>	26,48
<b>Bulk/F<sub>4:5</sub></b>							
<b>CMP</b>	15,79	1,76	20,00	18,24	1,76	3,72 <sup>ns</sup>	10,09
<b>NMV</b>	13,00	12,00	21,00	9,00	2,82	14,91*	18,01
<b>MMV</b>	24,68	2,02	57,75	55,75	12,80	180,57 <sup>ns</sup>	49,39
<b>MMG</b>	18,85	1,37	42,53	41,16	9,69	99,54 <sup>ns</sup>	49,65

<sup>ns</sup> e \*: não significativo, significativo a 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.  $\bar{x}$  = Média, Min. = mínimo, Máx. = máximo, DP = desvio-padrão, QM = quadrados médios da análise de variância e CV = coeficientes de variação experimental (%). Variáveis: MDE = média de dias após emergência, FLM = florescimento médio (%), MCF = média de cor da flor, MMV = média do vigor da planta, CMV = curvatura média da vagem, CVM = cor da vagem madura, CMP = comprimento médio da vagem (cm), NMV = número médio de vagens, MMV = média da massa de vagem (g), MMG = média da massa grãos (g), NMG = número médio de grãos e ATM (cm) = altura média de planta. Símbolo F seguido de número índice indica geração.

Em F<sub>3:4</sub>, houve redução na média de CMP (comprimento de vagens), NMV (número de vagens) e MV (massa de vagens), favorecendo indivíduos com menor comprimento de vagens, entretanto, mantendo número adequado de vagens e produção. Os coeficientes de variação diminuíram para algumas características, como CMP (8,45%), indicando estabilidade (Tabela 6).

Na geração F<sub>4:5</sub>, as reduções na variabilidade foram significativas para CMP (15,79) e NMV (13,00). No entanto, o MMG (18,85) e MV (24,68) ainda apresentaram altos coeficientes de variação (49,65% e 49,39%, respectivamente), indicando que esses caracteres podem ser influenciados por fatores ambientais ou ainda estão em segregação genética (Tabela 6).

Os resultados da análise descritiva demonstraram diminuição nos valores médios de CMP, NMV e MMV. Entretanto, a redução nos coeficientes de variação de alguns caracteres indica que o método foi eficiente na fixação de características desejáveis, embora alguns atributos ainda exijam maior controle genético e ambiental. Esses resultados corroboram estudos de Cruz, Carneiro e Regazzi (2014) e Falconer e Mackay (1996), que destacam a importância da variabilidade genética inicial e sua redução progressiva ao longo das gerações.

#### 4.2.2 Frequências relativas

No método Bulk/F<sub>2:3</sub>, observa-se a distribuição de frequências relativas dos caracteres dias após emergência, florescimento, cor da flor e vigor da planta avaliados (Figura 14). Para o número de dias que compreende do plantio até a emergência verificou-se maior concentração de plantas entre 4 e 5 (33%) dias após a emergência, indicando que a maioria das plantas teve desenvolvimento semelhante nesse intervalo (Figura 14A). A frequência foi menor em estágios mais precoces (4 a 5 dias) e subsequentes (5 a 6 dias).

Esses resultados são semelhantes com os de Marinho et al. (2001), que avaliaram nove genótipos de feijão-caupi, observaram variações de quatro a cinco dias para emergência das plântulas. Em contraste, Lima (2016) em estudo com 16 genótipos de feijão-caupi, não observou diferença, obtendo média geral de sete dias para emergência da planta.

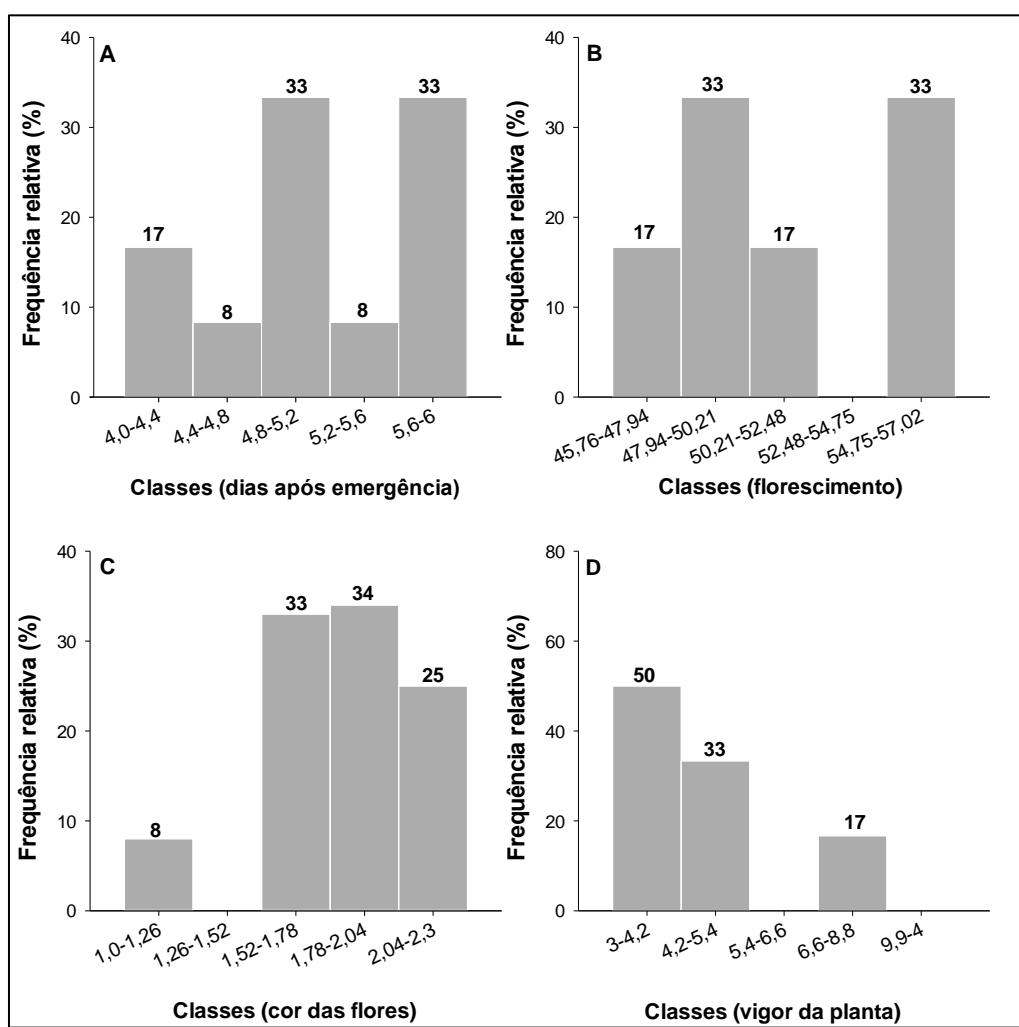
A distribuição de frequências relativas do florescimento indica que a maior concentração (33%) ocorre entre 47,9 a 57,02 dias, com o maior número de plantas florescendo nesse intervalo (Figura 14B). Resultados são semelhantes aos obtidos por Silva et al. (2013) que avaliando oito genótipos de feijão-caupi, obtiveram média de 47 dias.

Para a cor das flores a maior frequência (34%) na classe de 1,78 a 2,04 (Figura 14C), apresentando distribuição mais dispersa comparado a emergência e o florescimento (Figuras 14A e 14B). O vigor das plantas apresentou maior frequência (32%) na classe

de 3,4 a 4,2 (Figura 14D). A frequência diminui nas outras classes, indicando menor variabilidade em comparação com a cor das flores.

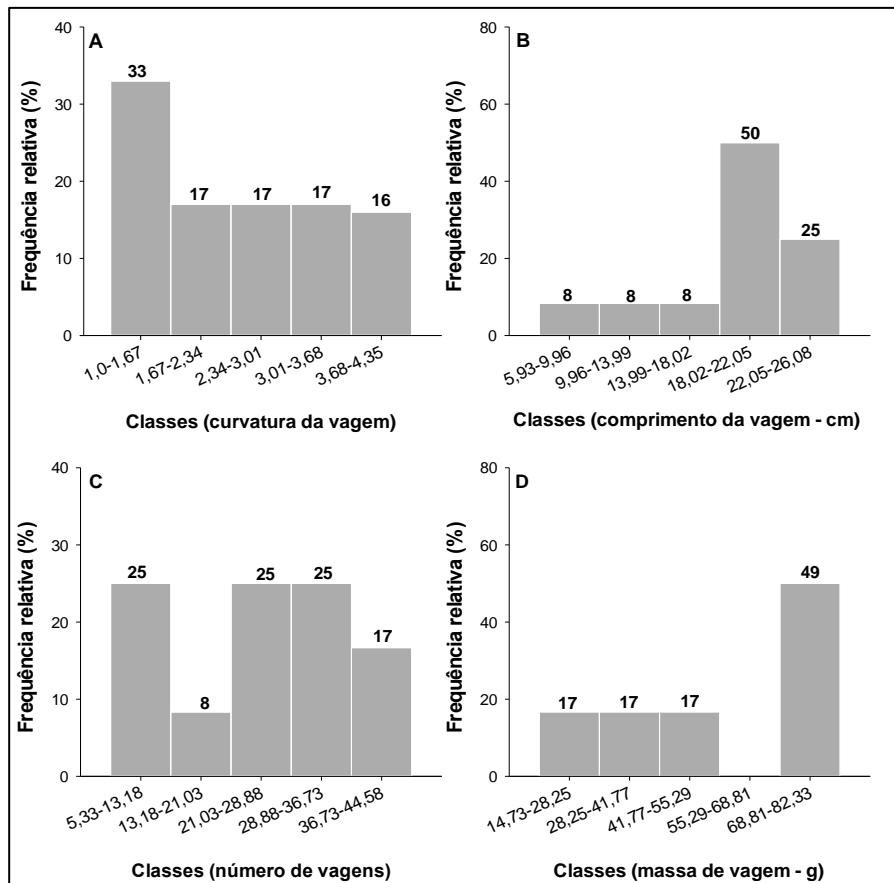
Os resultados revelaram boa sincronia no desenvolvimento das plantas, com variabilidade genética nas características fenotípicas, como cor da flor, e maior frequência de plantas com vigor elevado, o que reflete desempenho superior para esse atributo em relação a outros.

**Figura 14** - Distribuição de frequências relativas para dias após emergência (A), florescimento (B), cor da flor (C) e vigor da planta (D) de progêniens de feijão-caupi provenientes do Bulk F<sub>2:3</sub> na UFAC em 2022



Na Figura 15, observa-se a distribuição das frequências relativas para curvatura da vagem madura, comprimento de vagem, número de vagem e massa de vagem.

**Figura 15** - Distribuição de frequências relativas para curvatura da vagem madura (A), comprimento de vagem (B), número de vagem (C) e massa de vagem (D) de progêniens de feijão-caupi provenientes do Bulk F<sub>2:3</sub> na UFAC em 2022



Para a curvatura da vagem, a maioria das vagens apresenta curvatura entre 1,9 e 2,7 cm, com frequência relativa de 33%, indicando predominância de vagens com curvatura moderada. As classes adjacentes apresentaram frequências menores e semelhantes (Figura 15A). A distribuição do comprimento da vagem foi assimétrica, com pico na classe de 20 a 25 cm, representando 49% das observações, concentrando a maioria das vagens nessa faixa (Figura 15B).

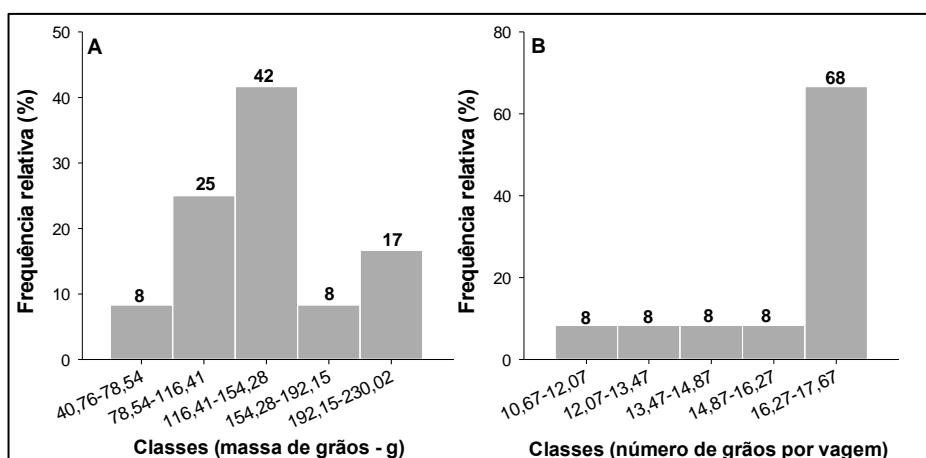
O número de vagens variou em duas classes, de 15 a 18 e de 18 a 21 vagens, com frequências semelhantes e altas (24% e 26%), indicando variabilidade nessa característica (Figura 15C). Quanto à massa da vagem, a maior parte se concentrou predominante na classe de 26 a 31 g (42%), (Figura 15D).

Os resultados evidenciam variabilidade genética nas características avaliadas nas progêniés de feijão-caupi do Bulk F<sub>2:3</sub>. Essa variabilidade é mais acentuada no comprimento e na massa das vagens, onde as distribuições são assimétricas e se concentram em classes específicas. Por outro lado, a curvatura e o número de vagens apresentam distribuições mais uniformes, com maior estabilidade dessas características entre as plantas.

O comprimento entre 20 e 25 cm e massa entre 26 e 31 g sugere que esses atributos são favorecidos na população analisada, possivelmente em razão das condições ambientais e do método de condução utilizado. Bertini et al. (2009) avaliaram genótipos de feijão-caupi e constataram que o comprimento da vagem e a massa de sementes foram os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética. Coelho et al. (2010) observaram divergência significativa entre 20 variedades crioulas e quatro cultivares comerciais, com a massa de sementes sendo o caractere mais influente na separação dos genótipos, seguido pelo comprimento da vagem.

Na Figura 16 é apresentado a distribuição de frequências relativas para a massa de grãos e o número de grãos.

**Figura 16** - Distribuição de frequências relativas para a massa de grãos (A) e número de grãos por vagem (B) em progêniens de feijão-caupi provenientes do Bulk F<sub>2:3</sub> na UFAC em 2022



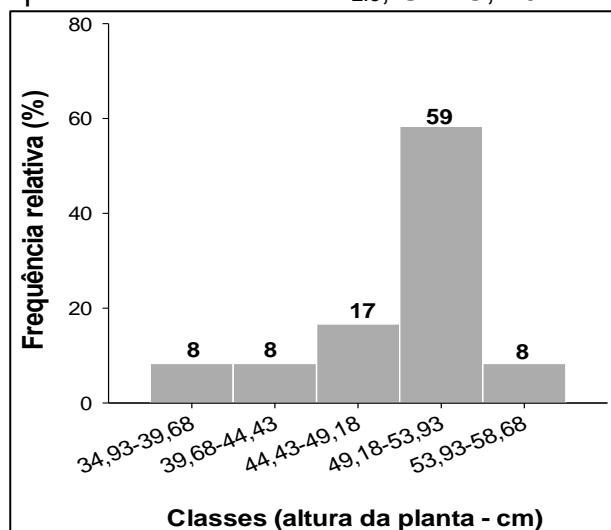
Para massa de grãos, observou-se que a maior frequência relativa (42%) se concentrou na classe de 116,41 e 154,28 g. A classe de 78,54 a 116,41 g (25%) também apresentou frequência considerável (Figura 16A). Verificou-se variabilidade com tendência para valores intermediários nesta característica. Comparativamente, os resultados foram superiores aos encontrados por Santos et al. (2023), que analisaram dez cultivares e obtiveram média de 37,36 g, e por Alencar et al. (2021), que estudou 76 genótipos e obteve média de 54,52 g.

O número de grãos por vagem demonstrou distribuição mais concentrada (Figura 16B). A maior frequência relativa (68%) está na classe de 16,27 a 17,67 grãos por vagem. As demais classes apresentam frequências relativas muito baixas (8%), indicando baixa variabilidade no número de grãos por vagem, com a maioria das vagens apresentando 17 números de grãos aproximadamente.

Resultados inferiores foram obtidos por Torres et al. (2012) estudaram 20 genótipos e encontraram variação de 8,65 a 13,50 grãos, com média de 11,88 grãos e Silva e Neves (2011), ao analisarem 20 genótipos de feijão-caupi, obtiveram média de 14,26 grãos por vagem.

Na Figura 16, é apresentada a distribuição de frequências relativa para a altura da planta. Observou-se distribuição assimétrica à direita, indicando que a maioria das plantas apresentaram altura em torno de 49,18 a 53,93 cm, com 59% das plantas dentro dessa faixa. Além disso, houve tendência para plantas mais altas dentro dessa faixa de distribuição.

**Figura 16** - Distribuição de frequências relativas para altura da planta de progênie em feijão-caupi provenientes do Bulk F<sub>2:3</sub>, UFAC, 2022



Embora não exista uma altura ideal definida para o feijão-caupi, recomenda-se que as plantas apresentem altura suficiente para garantir uma colheita eficiente, minimizando danos ou perdas. Para o feijão comum, a altura ideal para a colheita mecanizada varia entre 50 e 55 cm (Acquaah, 2012).

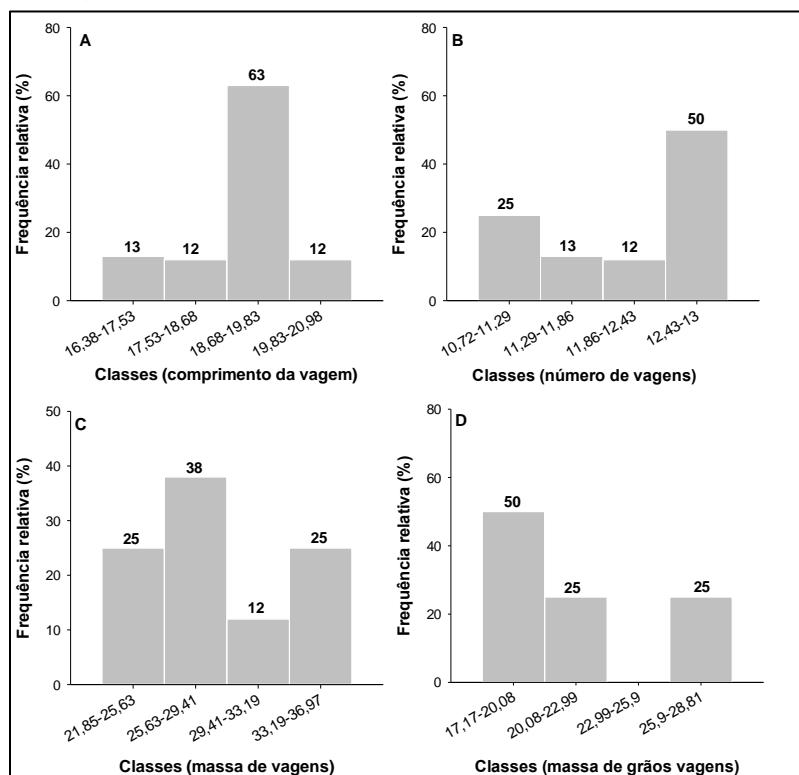
As progênieis avaliadas neste estudo apresentaram altura média de 49,68 cm, valor que está próximo da faixa recomendada para o feijão comum. No entanto, para o feijão-caupi, essa faixa pode variar dependendo das condições específicas de cultivo e do método de colheita adotado, sendo necessário avaliar a adequação dessa altura para cada contexto.

Na Figura 17 observa-se a distribuição de frequências relativas para comprimento da vagem, número de vagens, massa da vagem e massa de grãos por vagem (método Bulk F<sub>3:4</sub>).

O comprimento da vagem demonstrou distribuição assimétrica, com 63% das vagens entre 18,68 e 19,83 cm (Figura 17A). O número de vagens variou principalmente entre 12,43 e 13 grãos por vagem, com frequência de 50%, indicando variabilidade moderada (Figura 17B).

A maior parte das vagens tem massa entre 25,63 e 29,41 g (38% de frequência) (Figura 17C). Já a massa de grãos por vagem concentra-se na faixa de 17,17 a 20,08 g, abrangendo 50% das observações (Figura 17D).

**Figura 17** - Distribuição de frequências relativas para o comprimento de vagem (A), número de vagem (B) e massa de vagem (C) e massa de grãos por vagem (D) em progênie de feijão-caupi provenientes do Bulk F<sub>3:4</sub> na UFAC em 2023

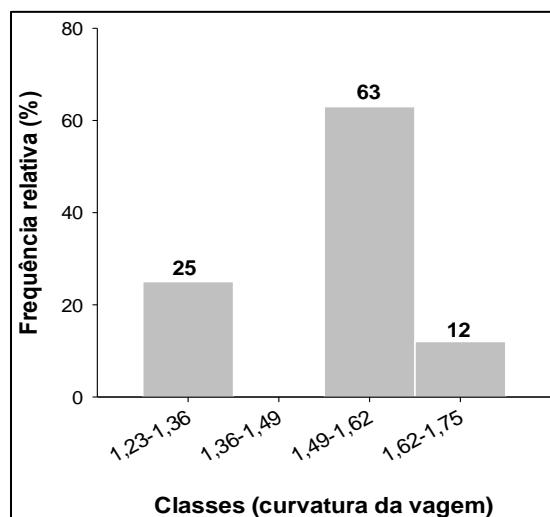


Os resultados indicam variabilidade genética, mais evidente no número e na massa das vagens, enquanto o comprimento das vagens é mais homogêneo. A predominância de vagens entre 18,68 e 19,83 cm e massa entre 17,17 e 20,08 g sugere que esses caracteres são favorecidos na população estudada, possivelmente influenciados pelo ambiente e manejo. Estudos apontam que comprimento da vagem e massa dos grãos são caracteres importantes para diversidade genética no feijão-caupi (Coelho et al., 2010; Rocha et al., 2013; Diniz et al., 2019).

Para o caractere curvatura da vagem a distribuição foi assimétrica à direita, com 63% das vagens entre 1,49 e 1,62 cm (Figura 18). A menor frequência (12%)

ocorreu na faixa de 1,62 a 1,75 cm, enquanto 25% das vagens ficaram entre 1,23 e 1,36 cm (Figura 18). A curvatura média estimada é de aproximadamente 1,55 cm, indicando variação entre as progêneres avaliadas.

**Figura 18** - Distribuição de frequências relativas para curvatura da vagem madura em progêneres de feijão-caupi provenientes do Bulk F<sub>2:3</sub> na UFAC em 2023



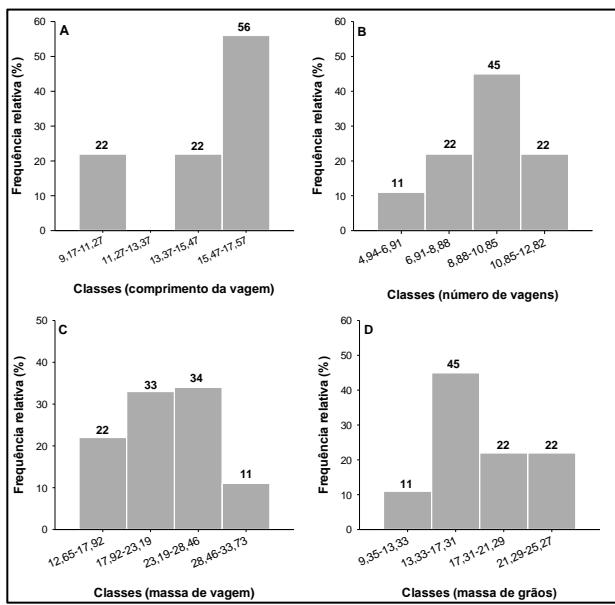
Estudo anterior aponta que a curvatura da vagem pode ser influenciada por fatores genéticos e ambientais, impactando diretamente a produtividade e a adaptação da cultura (Freire Filho et al., 2011).

No método Bulk/F<sub>4:5</sub>, são apresentadas as distribuições de frequências relativas para comprimento, número e massa de vagens e massa de grãos (Figura 19).

O comprimento da vagem apresentou menor variabilidade fenotípica, com 56% das vagens entre 15,4 e 17,57 cm (Figura 19A). Já o número de vagens, a massa de vagens e a massa de grãos demonstraram maior dispersão, indicando variabilidade genética moderada entre as progêneres (Figuras 19B, 19C e 19D).

A distribuição bimodal da massa de vagens sugere a presença de grupos distintos de desempenho. Essa variabilidade é importante para o melhoramento genético, pois permite selecionar genótipos superiores, mantendo diversidade e favorecendo estabilidade fenotípica (Cruz; Carneiro e Regazzi, 2014; Falconer e Mackay, 1996).

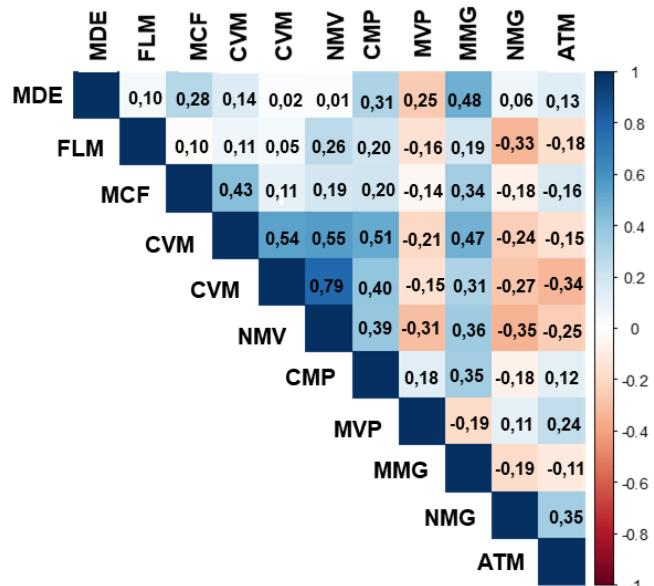
**Figura 19** - Distribuição de frequências relativas para o comprimento da vagem, cm (A), número de vagens (B), massa de vagens, g (C) e massa de grãos, g (D) de nove progêneres de feijão-caupi provenientes do Bulk F<sub>4:5</sub> na UFAC em 2024



#### 4.2.3 Correlação entre caracteres

As estimativas de correlações de Pearson entre as características avaliadas em progêneres de feijão-caupi são apresentadas na Figura 20.

**Figura 20** - Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progêneres de feijão-caupi método Bulk F<sub>2:3</sub>, campo experimental da UFAC em 2022



Variáveis: MDE = média de dias após emergência, FLM = florescimento médio (%), MCF = média de cor da flor, MVP = média do vigor da planta, CMV = curvatura média da vagem, CVM = cor da vagem madura, CMP = comprimento médio da vagem (cm), NMV = número médio de vagem, MMV = média da massa de vagem (g), MMG = média da massa grãos (g), NMG = número médio de grãos e ATM (cm) = altura média de planta. \* e \*\* significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste de correlação de Pearson, respectivamente.

Na geração F<sub>2:3</sub> do método Bulk, os caracteres agronômicos apresentaram, de forma geral, correlações positivas de magnitude moderada, variando entre 0,30 e

0,69, conforme classificação proposta por Cohen (1988). Esse padrão indica que há associação entre os caracteres, o que pode auxiliar na seleção indireta de características de interesse.

Santana et al. (2022) destacam três aspectos importantes na interpretação de correlações a magnitude, direção e significância. Na geração  $F_{2:3}$ , as correlações fenotípicas variaram de 0,01 a 0,79 (Figura 20). Correlações positivas significativas, como entre massa de vagens (MMV) e massa de grãos (MMG), sugerem que o aumento de um caráter tende a refletir no outro, o que pode ser explorado para seleção indireta.

Já correlações negativas indicam antagonismo, em que o ganho em um caráter pode resultar em perda no outro, como observado entre CMP e NMV. Segundo Falconer e Mackay (1996), parte dessas correlações pode ser atribuída à influência comum do ambiente sobre os caracteres. Assim, entender essas relações é essencial para orientar as estratégias de seleção e reduzir efeitos indesejados.

Verificou-se correlação positiva entre o vigor da planta (MVP) e a curvatura de vagem (0,54), o número de vagens (0,55) e o comprimento de vagem (0,51). Isto indica que plantas mais vigorosas tendem a desenvolver vagens com maior curvatura, produzir maior número de vagens e apresentar vagens mais longas (Figura 20).

Estudos demonstram que o vigor das plantas é um caráter determinante para a qualidade e a quantidade das vagens, como evidenciado no estudo de Labhya et al. (2024), em que analisaram a variabilidade genética e associações de caracteres para rendimento e seus atributos em diferentes genótipos feijoeiro. Portanto, a seleção de plantas com maior vigor pode não apenas resultar em colheitas mais produtivas, mas também em vagens com características desejáveis. Estudos sobre variabilidade genética em leguminosas, como o de Onder; Kahraman e Ceyhan (2013), corroboram a importância dessa correlação entre vigor e componentes de produção.

A correlação positiva de 0,79 entre a curvatura da vagem (CVM) e o número de vagens (NMV) indica que, com o aumento do número de vagens, a curvatura também tende a aumentar (Figura 20). A correlação positiva de 0,79 entre a curvatura da vagem (CVM) e o número de vagens (NMV) indica que, com o aumento do número de vagens, a curvatura também tende a aumentar (Figura 20). Essa associação pode refletir numa influência genética comum, em que genes relacionados ao desenvolvimento reprodutivo e ao crescimento das estruturas vegetativas atuam simultaneamente sobre ambas as características (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2014). Além disso, fatores fisiológicos, como o acúmulo e distribuição de fotoassimilados, e

o posicionamento das vagens na planta podem afetar a morfologia das vagens e a produtividade, resultando em uma resposta coordenada (Taiz et al., 2017). Isso é relevante para o melhoramento genético, pois selecionar plantas com mais vagens pode impactar a curvatura. Em culturas como o feijão comum e a soja, entre outras, o efeito pode ser positivo, melhorando a aparência e o sabor, ou negativo, comprometendo a uniformidade e a colheita (Falconer e Mackay, 1996).

As estimativas negativas de correlação entre pares de características sugerem que a melhoria em um caráter pode resultar em prejuízos ao outro, por isso não é recomendável a seleção baseada em apenas um dos atributos (Carvalho et al., 2004).

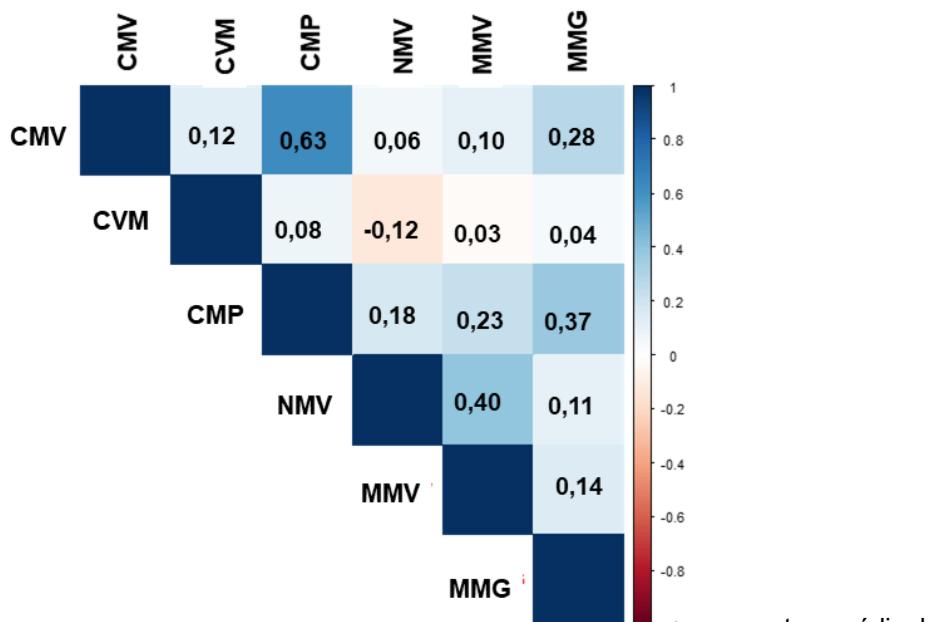
A correlação negativa observada entre o florescimento (FLM) e o número de grãos (NMG) (-0,33), indicando que o florescimento precoce pode estar associado ao menor número de grãos. Isso pode ocorrer devido à redução no período de enchimento dos grãos, conforme discutido por Conceição et al. (2017), que ressaltam a importância do tempo de florescimento na produtividade das plantas.

De forma semelhante, a correlação negativa entre o número de vagens (NMV) e a massa de grãos (MMG) (-0,35) sugere compensação entre a quantidade e o peso dos grãos, evidenciando que o aumento no número de vagens pode não ser acompanhado por aumento proporcional na massa total dos grãos.

Os resultados indicam que os caracteres agronômicos não variam de forma independente, havendo interações complexas entre eles. Isso pode ser atribuído a fatores genéticos, ambientais ou fisiológicos que influenciam conjuntamente a expressão dos caracteres (Falconer e Mackay, 1996). A correlação entre o vigor da planta e características da vagem, como curvatura, comprimento e número de vagens, sugere que a melhoria do vigor das plantas pode ser uma estratégia eficaz para otimizar a produtividade do feijão-caupi.

Na Figura 21, no método Bulk na geração F<sub>3:4</sub>, são apresentadas as estimativas de correlações de Pearson entre características avaliadas em progênieis de feijão-caupi. Observou-se correlação de 0,63 entre a curvatura da vagem madura (CMV) e o comprimento da vagem (CMP), indicando que progênieis com vagens mais curvas tendem a ter vagens mais longas. O comprimento da vagem é importante para a seleção em programas de melhoramento genético (Oliveira et al., 2013; Santos et al., 2023; Teixeira et al., 2007).

**Figura 21** - Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progênieis de feijão-caupi método Bulk F<sub>3:4</sub> campo experimental da UFAC em 2023



Variáveis: CMV = curvatura média da vagem, CVM = cor da vagem madura, CMP = comprimento médio da vagem (cm), NMV = número médio de vagens, MMV = média da massa de vagem (g), MMG = média da massa grãos (g). \* e \*\* significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste de correlação de Pearson, respectivamente.

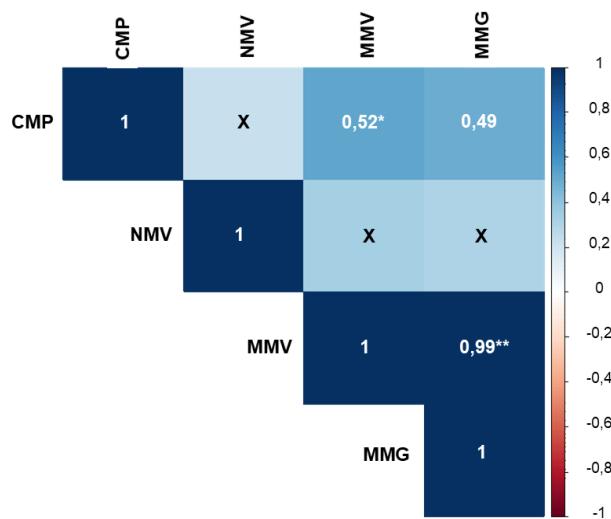
Além disso, a correlação moderada de 0,37 entre o comprimento da vagem (CMP) e a massa de grãos (MMG) sugere que vagens maiores estão associadas a maior produção de grãos. A correlação de 0,40 entre o número de vagens (NMV) e a massa de vagem (MMV) indica que o maior número de vagens pode aumentar a massa total das vagens (Owusu et al., 2021; Santos e Lima, 2015).

Esses resultados evidenciam a importância da seleção de características desejáveis no melhoramento do feijão-caupi. Focar no comprimento das vagens pode aumentar a produção de grãos, enquanto priorizar o número de vagens pode incrementar a massa total das vagens (Figura 21).

Nesse contexto, é importante ressaltar que correlações não implicam causalidade, pois as condições ambientais também podem influenciá-las. Cruz et al. (2012) ressaltam que entender as interações entre características agronômicas é essencial para o melhoramento genético. Portanto, ao considerar o melhoramento do feijão-caupi, deve-se analisar tanto as correlações quanto as interações entre diferentes características em diversas condições ambientais.

Na Figura 19, método Bulk geração F<sub>4:5</sub>, são apresentadas as correlações de Pearson entre características em progênie de feijão-caupi.

**Figura 22** - Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progênie de feijão-caupi método Bulk F<sub>4:5</sub> campo experimental da UFAC em 2024



Variáveis: CMP = comprimento médio da vagem (cm), NMV = número médio de vagem, MMV = média da massa de vagem (g), MMG = média da massa grãos (g). \* e \*\* significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste de correlação de Pearson, respectivamente.

A correlação de 0,99 entre a massa de vagens (MMV) e a massa de grãos (MMG) indica que vagens mais pesadas estão associadas a maior produção de grão (Figura 19). Portanto, selecionar plantas com vagens mais pesadas pode resultar em maior produção de biomassa total (Santos e Santos, 2004).

Adicionalmente, a correlação de 0,52 entre o comprimento da vagem (CMP) e a MMV sugere que vagens longas tendem a ser mais pesadas, embora essa relação seja menos intensa do que entre MMV e MMG (Benvindo et al., 2010). A correlação de 0,49 entre CMP e MMG mostra que vagens maiores contribuem para o aumento na produção total de grãos, mas a influência da massa de vagens é mais significativa (Souza et al., 2013).

A eficiência do método Bulk/F<sub>2</sub> ficou evidente ao longo das gerações. Na F<sub>2:3</sub>, correlações positivas entre vigor da planta, curvatura, número e comprimento da vagem indicaram progresso inicial na seleção. Enquanto F<sub>3:4</sub>, a forte correlação entre curvatura e comprimento da vagem mostrou maior precisão, enquanto a relação com a massa de grãos sugeriu aumento produtivo. Em F<sub>4:5</sub>, a elevada correlação entre massa de vagens e massa de grãos confirmou a eficácia do método, resultando em plantas mais produtivas e estáveis. Isso reforça a importância do método na obtenção de variedades superiores.

Os modelos preditivos apresentados na Tabela 7 indicam relações significativas entre características agronômicas do feijão-caupi ao longo das gerações do Bulk/F<sub>2</sub>.

**Tabela 7** - Modelos preditivos entre caracteres agronômicos de feijão-caupi avaliados pelo método Bulk/F<sub>2</sub> em três gerações

Modelos Preditivos	Valor F	R <sup>2</sup>	p
<b>Bulk F<sub>2:3</sub></b>			
<b>NMV = 4,52 + (-0,17 x MV) + (1,03 x CMP)</b>	4,47	0,69	<0,05
<b>MV = -2,95 + (0,84 x NMV) + (1,91 x CMP)</b>	7,01	0,67	<0,02
<b>Bulk F<sub>3:4</sub></b>			
<b>MV = 18,86 + (2,04 x NMV) + (1,15 x CMP)</b>	8,34	0,84	<0,05
<b>Bulk F<sub>4:5</sub></b>			
<b>MMG = 5,59 + (0,14 x NMV*) + (0,78 x MV**) + (0,26 x CMP**)</b>	1437,0	0,99	<0,001

Variáveis: Comprimento de Vagens (CMP), Massa de Vagens (MV); Número de Vagens (NMV) e Massa de Grãos (MMG).

Na geração F<sub>2:3</sub>, o número de vagens (NMV) e a massa de vagens (MMV) foram influenciados pelo comprimento de vagens (CMP), com coeficientes de determinação (R<sup>2</sup>) de 0,69 e 0,67, respectivamente, sugerindo boa explicação das variáveis.

Para geração F<sub>3:4</sub>, a MMV mostrou forte associação com NMV e CMP (R<sup>2</sup> = 0,84), indicando maior precisão na seleção. Enquanto na geração F<sub>4:5</sub>, a massa de grãos (MMG) apresentou alta correlação com NMV, MMV e CMP (R<sup>2</sup>=0,99; p<0,001), confirmando a eficácia do método na seleção de plantas mais produtivas.

Esses resultados corroboram estudos anteriores que destacam a eficiência de métodos de melhoramento, como o Bulk, na seleção de características desejáveis em feijão-caupi (Silva et al., 2013; Pontes Junior et al., 2011). Raposo et al. (2000) concluíram que métodos como o Bulk/F<sub>2</sub>, quando conduzidos adequadamente, permitem a obtenção de progêneres superiores, considerando estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, além da facilidade e flexibilidade de condução.

Moura et al. (2013) avaliaram a geração F<sub>2</sub> de cruzamentos de feijão-caupi visando a seleção para precocidade e identificaram cruzamentos promissores para a redução do ciclo da cultura. Isso evidencia a importância da seleção de características agronômicas específicas para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas.

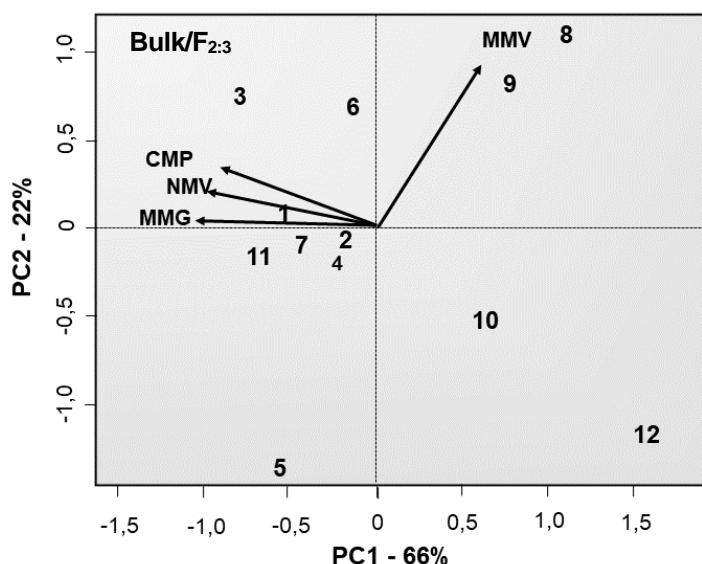
#### 4.2.4 Seleção de caracteres e análise de agrupamento

Na Figura 23, a análise de componentes principais (PCA), demonstrou a relação entre os caracteres agronômicos comprimento de vagens (CMP), número de

vagens (NMV), massa de grãos (MMG) e massa de vagens (MMV) nas progênies de feijão-caupi avaliadas pelo método Bulk/F<sub>2:3</sub>.

Os resultados da PCA mostraram que o primeiro componente principal (PC1) explicou 66% da variação total dos dados, enquanto o segundo componente (PC2) contribuiu com 22%, totalizando 88% da variabilidade explicada. Essa alta proporção indicou que os dois primeiros componentes foram eficientes na representação das relações entre as variáveis estudadas.

**Figura 23** - Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) método Bulk F<sub>2:3</sub> na UFAC em 2022



Observou-se que a massa de vagens (MMV) teve a maior influência no eixo PC1, destacando-se como o caráter importante para a separação das progênies 8 e 9, que apresentaram alta MMV. Essa evidência sugere que a seleção para esse caráter pode ser determinante para o aumento da produtividade nas progênies analisadas.

Além disso, os caracteres CMP, NMV e MMG mostraram vetores próximos no espaço dos componentes principais, indicando relação positiva entre eles. Isso implica que melhorias em um desses caracteres podem estar associadas a avanços nos outros, o que é relevante para estratégias de melhoramento genético.

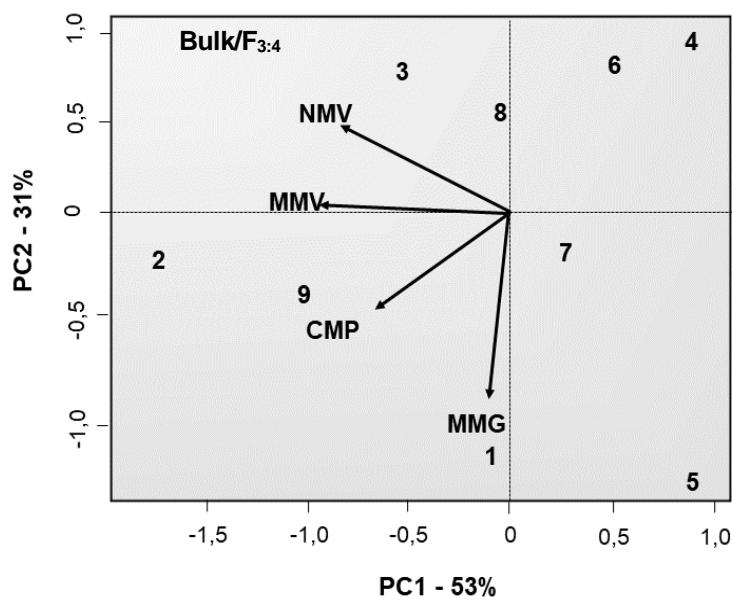
As progênies 12 e 10, por sua vez, se distanciaram das demais (Figura 23), sugerindo maior divergência genética. Essa informação permitiu identificar as progênies que apresentam características únicas e/ou superiores, potencialmente úteis para programas de melhoramento.

Nesse sentido, as progênies 5 e 3 apresentaram valores negativos tanto para PC1 quanto para PC2, indicando características agronômicas distintas em comparação às demais progênies avaliadas. Essa distinção pode ser explorada na identificação de progênies com potencial para adaptações específicas ou resistência a estresses ambientais (Figura 23).

Os resultados obtidos corroboram com estudos anteriores realizados por Freire Filho et al. (2012) e Santos et al. (2014), que enfatizam a importância do PCA como ferramenta na seleção de genótipos superiores em feijão-caupi. A utilização dessa técnica não apenas facilita a visualização das relações entre características agronômicas, mas também contribui para melhor entendimento da variabilidade genética disponível nas progênies estudadas (Bertini et al., 2010).

Na Figura 24, referente a geração F<sub>3:4</sub> os componentes principais 1 (53%) e 2 (31%) foram selecionados como suficientes e adequados para explicar os dados em cerca de 84% da variação total, além de apresentarem autovalores maior que 1 (2,13 e 1,23 para a CP1 e CP2, respectivamente).

**Figura 24** - Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) método Bulk F<sub>3:4</sub> na UFAC em 2023



Observa-se a proximidade dos vetores referentes ao número de vagens (NMV) e à massa de vagens (MMV), que apontam para a mesma direção (Figura 24). Essa relação entre esses dois caracteres sugere que o aumento no número de vagens pode estar associado à o aumento na massa das vagens, o que é relevante para estratégias de melhoramento visando à produtividade.

Por outro lado, a análise demonstrou que a massa de grãos (MMG) apresentou vetor em direção oposta ao comprimento de vagens (CMP), indicando relação negativa entre esses caracteres. Isso indica que a seleção para maior comprimento de vagens pode comprometer a produção de grãos, o que deve ser cuidadosamente considerado durante o processo de melhoramento (Figura 24).

As progênies 4 e 6 se destacaram por apresentarem valores positivos no primeiro componente principal (PC1), o que indica que essas progênies são influenciadas por características agronômicas favoráveis associadas a esse componente (Figura 24).

Essas características incluem o número de vagens (NMV) e massa de vagens (MMV), caracteres que contribuem significativamente para a produtividade das plantas. Assim, a seleção dessas progênies pode ser considerada vantajosa para no melhoramento do feijão-caupi.

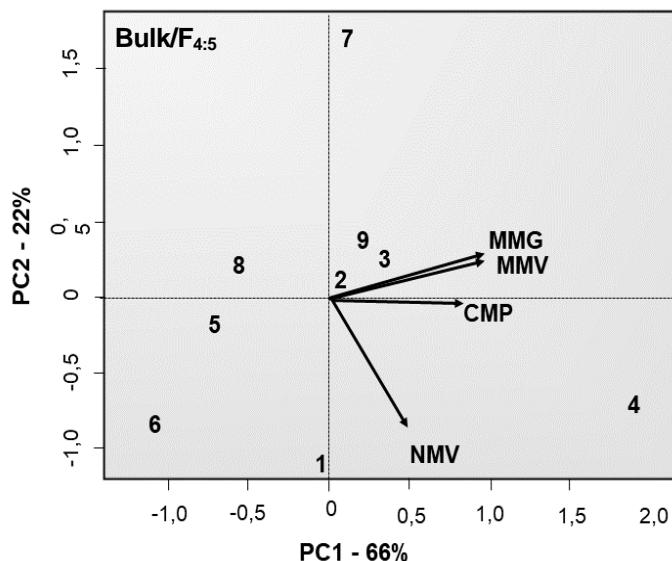
Por outro lado, as progênies 2 e 9 apresentaram valores negativos no PC1, sugerindo que elas possuem características menos desejáveis sob as condições avaliadas (Figura 24). Essa posição negativa pode estar relacionada ao menor número de vagens ou massa de vagens inferior, limitando assim o potencial produtivo. A identificação dessas progênies menos favoráveis é importante para direcionar os esforços de seleção em busca de progênies mais promissores.

Adicionalmente, a progénie 1 destacou-se especificamente no eixo referente à massa de grãos (MMG). Essa progénie apresentou influência nesse caráter, indicando potencial elevado para produzir mais grãos. A alta MMG é um indicador importante para a produtividade, sendo essencial considerar essa característica na seleção de novas variedades de feijão-caupi. Portanto, a combinação das informações obtidas por meio da PCA permitiu identificar quais progênies apresentam os melhores caracteres agronômicos (Figura 24).

Esses resultados corroboram a literatura referente a eficácia da PCA como ferramenta na seleção de progênies promissoras em feijão-caupi, conforme discutido por Silva Filho et al. (2013) e Gume de et al. (2022). O uso do PCA não apenas facilitou a identificação de relações complexas entre características agronômicas, mas também contribui para melhor entendimento da variabilidade genética disponível nas progênies analisadas (Medeiros et al., 2017; Aquino et al., 2021).

Na Figura 25, referente a geração F<sub>4:5</sub> os componentes principais 1 (66%) e 2 (22%) juntos explicam 88% da variação total dos dados.

**Figura 25** - Análise de PCA (matriz de correlação) para comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g) método Bulk F<sub>4:5</sub> na UFAC em 2024



Observou-se forte relação entre MMG (massa de grãos) e MMV (massa de vagens), indicando que plantas com mais vagens tendem a ter maior massa de grãos. Essa relação é fundamental para a selecionar progênies com potencial produtivo elevado (Medeiros et al., 2017). Por outro lado, o número de vagens (NMV) apresentou relação negativa com a massa de grãos (MMG) e a massa de vagens (MMV). Isso indica que, em algumas progênies, aumentar o número de vagens não resulta necessariamente em aumento na massa total de grãos ou vagens. É fundamental considerar essa relação ao selecionar progênies, pois focar apenas na quantidade de vagens não garante o aumento na produção total de grãos.

Estudos como de Silva et al. (2021) corroboram essa observação, enfatizando a importância de compreender as interações entre essas características para otimizar a produtividade do feijão-caupi. As progênies 4 e 7 destacaram-se positivamente no PC1, enquanto as progênies 6 e 1 apresentaram menor influência dos caracteres produtivos.

Esses resultados reforçam a eficácia do método de seleção utilizado (Pessoa et al., 2023) e ressaltam a importância da análise multivariada na identificação de progênies superiores. Os resultados demonstraram as características que mais influenciaram em cada geração. Na geração F<sub>2:3</sub>, o primeiro componente principal (CP1) explicou 66% da variância total. Conforme os resultados dos escores, as características massa de vagens (MMV), comprimento de vagens (CMP) e o número de vagens (NMV) foram os principais contribuintes para a variabilidade observada nesta geração.

Em  $F_{3:4}$ , o CP1 explicou 53% da variância total. Assim como na geração anterior, MMV, NMV e CMP se destacaram como os principais fatores de variação. Por sua vez para  $F_{4:5}$ , o CP1 explicou 66% da variância total. Nesta geração, as características massa de grãos (MMG) e o comprimento de vagens (CMP) foram os principais contribuintes para a variabilidade observada.

Os resultados obtidos estão em consonância com pesquisas anteriores que destacaram a massa de vagens e o número de vagens como componentes agronômicos que influenciam diretamente a produtividade de grãos no feijão-caupi (Andrade et al., 2021; Passos et al., 2007; Sobral et al., 2009).

Os componentes principais tem se mostrado ferramenta eficaz para avaliar a variabilidade genética e identificar características que mais influenciaram as progêniess de feijão-caupi, facilitando a seleção de progêniess superiores (Torres et al., 2012). Dessa forma, a massa de vagens (MMV), o número de vagens (NMV) e o comprimento de vagens (CMP) se destacam como características essenciais nas progêniess analisadas.

Na Tabela 10, a análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher demonstrou a estrutura genética das progêniess de feijão-caupi ao longo das gerações Bulk/ $F_2$ , considerando a distância Euclidiana média padronizada.

**Tabela 10** - Agrupamento de nove progêniess de feijão-caupi pelo método de otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana média padronizada, referente ao método Bulk/ $F_2$  em três gerações

Grupos	Progêniess	Distância média	
		Bulk/ $F_{2:3}$	
I	1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7	0,24*	
II	8, 9 e 10	0,48	
III	12	0,69	
Bulk/ $F_{3:4}$			
I	1 e 6	0,23*	
II	4 e 5	0,52	
III	3 e 8	0,57	
IV	2 e 9	0,38	
V	7	0,40	
Bulk/ $F_{4:5}$			
I	1, 2, 3, 5, 6, 7, 8 e 9	0,31*	
II	4	0,65	

Distância média entre progêniess dentro do mesmo grupo\*.

Na geração  $F_{2:3}$ , o Grupo I incluiu sete progêniess (1 a 7) com a menor distância média (0,24), indicando maior similaridade genética entre elas. O Grupo II, composto

pelas progênies 8, 9 e 10, apresentou distância média maior (0,48), sugerindo divergência genética mais acentuada. Por sua vez, a progênie 12 formou Grupo isolado (III) com a maior distância (0,69), evidenciando distinção genética significativa.

Avançando para a geração  $F_{3:4}$ , observou-se maior dispersão das progênies em cinco grupos, com distâncias variando entre 0,23 e 0,57. Nesse contexto, as progênies 1 e 6 mantiveram-se geneticamente próximas (0,23), enquanto as progênies 3 e 8 apresentaram a maior distância dentro dos agrupamentos (0,57), indicando aumento na diversidade genética (Tabela 10). Em  $F_{4:5}$  a maioria das progênies (1, 2, 3, 5, 6, 7, 8 e 9) foi agrupada no grupo I com distância de 0,31, sugerindo maior estabilidade genética em comparação com as gerações anteriores (Tabela 10).

Em contraste, a progênie 4 formou Grupo isolado (II) com a maior distância (0,65), destacando-se como geneticamente distinta e reforçando as tendências (aumento da diversidade  $F_{2:3}$ , estabilidade com avanço da geração  $F_{3:4}$  e isolamento de progênies distintas  $F_{4:5}$ ) observadas nas gerações anteriores.

Esses resultados indicam que o método Bulk/ $F_2$  foi eficaz na manutenção da variabilidade genética nas primeiras gerações, enquanto se observa tendência de maior estabilização e uniformidade nas gerações avançadas. Estudos como os de Freire Filho et al. (2023) e Sobral et al. (2009) corroboram a importância da análise de agrupamento na seleção de progênies promissores em feijão-caupi. No geral, os métodos de Tocher e da PCA mostraram semelhança no padrão de agrupamento das progênies.

#### 4.3 COMPARAÇÃO ENTRE OS MÉTODOS

A comparação da eficiência entre os métodos descendentes de uma única semente (SSD) e Bulk/ $F_2$  foi realizada com base nas características comprimento de vagens, número de vagens, massas de vagens e grãos, além dos resultados obtidos nas análises fenotípicas.

##### 4.3.1 Análise descritiva

Os resultados das análises descritivas e de variâncias para cada característica e método são apresentados na Tabela 11.

**Tabela 11** - Análise descritiva e de variâncias dos caracteres produtivos em nove progênies de feijão-caupi obtidas por dois métodos de condução de populações segregantes na UFAC em 2024

Métodos	Caracteres	$\bar{x}$	Mín.	Máx.	A	DP	QM	CV (%)
<b>SSD (F<sub>6</sub>)</b>	<b>CMV</b>	15,92	10,88	21,52	10,64	2,32	9,63*	11,58
	<b>NMV</b>	9,42	1,00	18,00	17,00	4,71	24,12 <sup>ns</sup>	49,06
	<b>MMV</b>	20,12	2,79	33,43	30,64	8,29	22,65 <sup>ns</sup>	47,30
	<b>MMG</b>	17,55	1,95	31,56	29,61	7,57	38,79 <sup>ns</sup>	46,35
<b>Bulk/F<sub>2</sub> (F<sub>4:5</sub>)</b>	<b>CMV</b>	15,79	12,00	19,75	7,75	3,10	3,72 <sup>ns</sup>	10,09
	<b>NMV</b>	13,00	9,00	21,00	12,00	8,00	14,91*	18,01
	<b>MMV</b>	24,68	2,02	57,75	55,73	163,95	180,57 <sup>ns</sup>	49,39
	<b>MMG</b>	18,85	1,37	42,53	41,16	93,95	99,54 <sup>ns</sup>	49,65

Símbolo F seguido de número indica gerações sucessivas. Média =  $\bar{x}$ , mínimo e máximo = Mín. e Máx., A = Amplitude, desvio padrão e variância, respectivamente = s e  $s^2$ . Quadrado médio da análise de variância = QM e coeficiente de variação experimental = (CV%). Variáveis: Comprimento médio de vagem = CMV (cm), Número médio de vagem = NMV, Média da massa de vagem = MMV (g) e Média de grãos = MMG (g).

Entre os métodos, observou-se diferença significativa ( $p<0,05$ ) apenas para o comprimento de vagens no método SSD F<sub>6</sub> e para o número de vagens no método Bulk/F<sub>4:5</sub>, conforme indicado pelo teste F a 5% de probabilidade (Tabela 11). Desse modo, existe diferença em relação as progênies avaliadas pelos dois métodos de melhoramento (SSD e Bulk/F<sub>2</sub>), com possibilidade de selecionar progênies superiores para esses caracteres.

Os métodos SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub> apresentaram variações nas características de produção do feijão-caupi, evidenciando diferenças entre as progênies e nas características das populações segregantes. Os caracteres avaliados permitem a identificação da variabilidade genética dentro das progênies obtidas pelos diferentes métodos, além de possibilitar a análise da relação entre essa variabilidade (Cruz et al., 2014; Dias et al., 2015).

O comprimento da vagem apresentou médias semelhantes entre os métodos SSD F<sub>6</sub> (15,92 cm) e Bulk/F<sub>4:5</sub> (15,79 cm), com valores mínimos e máximos próximos. O desvio-padrão foi maior no Bulk/F<sub>4:5</sub> (3,10) comparado SSD F<sub>6</sub> (2,32), indicando maior variabilidade dentro desse método. O método SSD F<sub>6</sub> demonstrou médias superiores no comprimento das vagens (15,9 g) e na massa (20,1 g), devido à seleção contínua de indivíduos com características específicas ao longo das gerações (Santos et al., 2023).

Em contrapartida, o método Bulk/F<sub>4:5</sub> apresentou média maior na massa de vagens (24,68 g), evidenciando sua eficácia em aumentar a produtividade e a

qualidade das vagens colhidas, semelhante aos resultados de Carvalho et al. (2012) e Pontes Júnior et al. (2011) em populações segregantes de feijoeiro.

Para amplitude (diferença entre valores mínimos e máximos) que infere sobre a variabilidade genética das progênies, constatou-se variação, com potencial para seleção de progênies superiores (Tabela 11). O comprimento das vagens variou de 10,8 a 21,5 cm no método SSD F<sub>6</sub> e de 12,0 a 19,7 cm no Bulk/F<sub>4:5</sub>. Enquanto o número de vagens apresentou variações entre 1,0 e 18,0 (SSD F<sub>6</sub>) e entre 9,0 e 21,0 (Bulk/F<sub>4:5</sub>).

A maior amplitude na massa de vagens e massa de grãos observada no Bulk F<sub>4:5</sub> indica que esse método pode favorecer a identificação de progênies com alto potencial produtivo. No entanto, essa variabilidade pode resultar em respostas menos previsíveis sob diferentes condições ambientais, como variações no solo, regime hídrico ou temperatura. Por outro lado, o método SSD na geração F<sub>6</sub>, ao reduzir progressivamente a heterozigosidade, tende a ser mais eficiente na fixação de caracteres específicos, como produtividade, arquitetura de planta e uniformidade na maturação (Cruz; Carneiro e Regazzi, 2014).

A média da massa de grãos foi superior no Bulk/F<sub>4:5</sub> (18,8 g) em relação ao SSD F<sub>6</sub> (17,5 g). No entanto, a variabilidade foi maior no Bulk/F<sub>4:5</sub>, com desvio-padrão de 93,9 em relação a 7,57 no SSD F<sub>6</sub>. O coeficiente de variação foi elevado para ambos os métodos, com valores de 46,35% (SSD F<sub>6</sub>) e 49,65% (Bulk/F<sub>4:5</sub>), refletindo alta dispersão dos dados.

Conforme a classificação de Pimentel-Gomes e Garcia (2002) o coeficiente de variação (CV%) com valores entre 10 e 20% são considerados médios, 20 e 30% altos e acima de 30% muito altos, seguindo essa classificação, o comprimento das vagens no método SSD F<sub>6</sub>, assim como o comprimento e o número de vagens no Bulk/F<sub>4:5</sub>, apresentaram variações médias, indicando boa precisão experimental (Tabela 11).

Para massa de grãos, os valores oscilaram de 1,9 g a 31,5 g no SSD F<sub>6</sub> e de 1,3 g a 42,5 g no Bulk/F<sub>4:5</sub>. Ao comparar os métodos, o Bulk/F<sub>4:5</sub> apresentou amplitude superior na massa de vagens, atingindo 57,7 g, em contraste com o SSD F<sub>6</sub> (33,4 g). Essa diferença indica maior diversidade fenotípica entre as progênies selecionadas no Bulk/F<sub>4:5</sub>. Essa variabilidade é importante, porque facilita a identificação de progênies superiores do feijão-caupi (Tabela 11).

As variações observadas nas características como comprimento, número e massa de vagens, avaliadas podem ser resultados de fatores genéticos, ambientais ou de condução experimental (Acharjee e Sarmah, 2013; Públis Júnior et al., 2017).

Assim, como pela diversidade genética entre as progênies e das condições em que foram conduzidas, como afirmam Pereira et al. (2012) e Moreto et al. (2007).

Essa diversidade permite que diferentes progênies respondam de maneiras distintas às condições ambientais, resultando em altos coeficientes de variação (Tabela 9). Santos et al. (2023) e Santos e Vencovsky (1986) destacam que as interações entre genótipos e ambientes são determinantes para o desempenho das culturas, mencionando ainda que, a variabilidade permite a identificação de indivíduos com características promissoras que podem ser utilizados como base para novas gerações e com seleção adequada pode contribuir com desenvolvimento de variedades mais adaptadas e produtivas.

Os métodos de condução de populações segregantes, Bulk/F<sub>4:5</sub> e SSD F<sub>6</sub>, apresentam características distintas que influenciam os resultados conforme a característica avaliada. O método Bulk/F<sub>4:5</sub> resultou em médias superiores para número de vagens, massa de vagens e massa de grãos, além de apresentar menor coeficiente de variação para o número de vagens, o que sugere maior estabilidade genética para essas características. Por outro lado, o método SSD F<sub>6</sub>, com menor variabilidade dentro das progênies, mostrou-se mais adequado para a fixação de características específicas, como o comprimento da vagem, conforme apontado por Raposo et al. (2000) e Silva et al. (2013).

#### 4.3.2 Frequências relativas

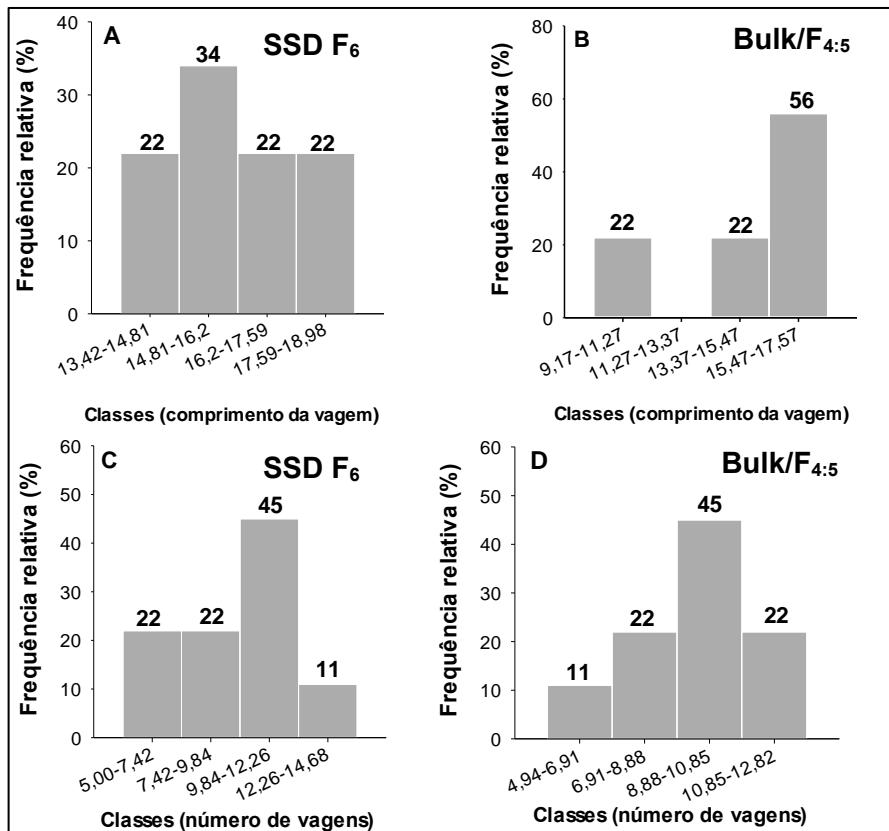
Na Figura 26 observa-se a distribuição de frequências relativas do comprimento e número de vagens comparados aos métodos SSD e Bulk/F<sub>4:5</sub>.

Observa-se que 22% das vagens analisadas pelo método SSD F<sub>6</sub> apresentaram comprimentos variando entre 13,4 e 18,9 cm, com distribuição uniforme e semelhantes entre as quatro classes (Figura 26A). De forma similar, 56% das vagens obtidas por meio do método Bulk/F<sub>4:5</sub> apresentaram comprimentos em torno de 15,4 e 17,5 cm, entretanto, com distribuição concentrada em uma única classe, indicando maior homogeneidade no comprimento das vagens em comparação com o SSD F<sub>6</sub> (Figura 26B).

Para o número de vagens no método SSD F<sub>6</sub> a maior frequência relativa (45%) concentra-se na classe intermediária variando de 9 a 12, enquanto as outras classes apresentam valores menores (Figura 26C). Em contrapartida, o Bulk/F<sub>4:5</sub> apresentou

distribuição bimodal, com picos nas classes intermediárias, indicando maior variabilidade no número de vagens comparado ao SSD F<sub>6</sub> (Figura 26D).

**Figura 26** - Distribuição de frequências relativas para o comprimento de vagens (A e B) e número de vagens (C e D) referentes aos métodos SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub>, respectivamente, obtidas em 2024



Observa-se que 22% das vagens analisadas pelo método SSD F<sub>6</sub> apresentaram comprimentos de vagens variando entre 13,4 e 18,9 cm, com distribuição uniforme e semelhantes entre as quatro classes (Figura 26A).

De forma similar, 56% das vagens obtidas por meio do método Bulk/F<sub>4:5</sub> apresentaram comprimentos em torno de 15,4 e 17,5 cm, entretanto, com distribuição concentrada em uma única classe, indicando maior homogeneidade no comprimento das vagens em comparação com o SSD F<sub>6</sub> (Figura 27B).

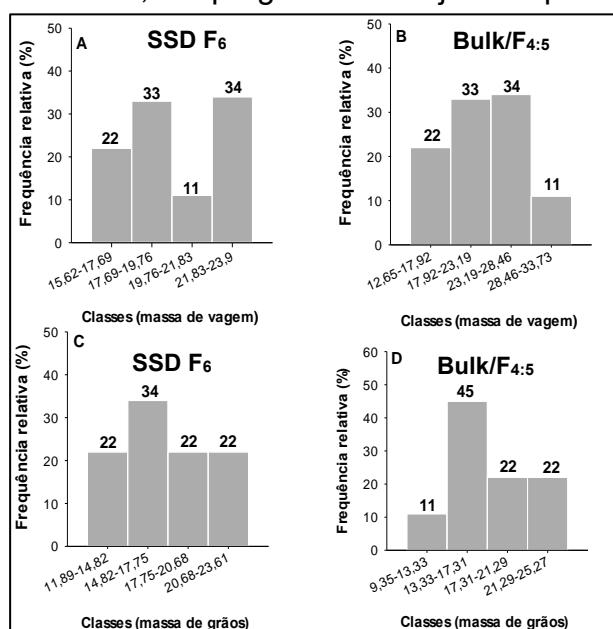
Para o número de vagens no método SSD F<sub>6</sub> a maior frequência relativa (45%) concentra-se na classe intermediária variando de 9 a 12, enquanto as outras classes apresentam valores menores. Em contrapartida, o Bulk/F<sub>4:5</sub> apresentou distribuição bimodal, com picos nas classes intermediárias, indicando maior variabilidade no número de vagens comparado ao SSD F<sub>6</sub>.

Existem diferenças nas características fenotípicas das vagens obtidas por meio dos dois métodos. O SSD F<sub>6</sub>, que se caracteriza por apresentar seleção mais criteriosa nas progênies, tende a reduzir a variabilidade nas características fenotípicas em comparação ao método Bulk/F<sub>4:5</sub>. Isso ocorre porque o SSD é mais seletivo, priorizando progênies com características desejáveis, o que resulta em vagens mais uniformes e homogêneas.

Por outro lado, o Bulk/F<sub>4:5</sub> por ser menos seletivo e mais intenso, pode manter maior variabilidade nas características devido à mistura de sementes de diferentes progênies. Essa diferença na abordagem de seleção influencia diretamente a variabilidade observada no comprimento e número de vagens, resultando em vagens com números e tamanhos mais variados. A falta de seleção rigorosa no Bulk/F<sub>4:5</sub> pode fazer com que vagens menores e maiores também sejam incluídas, resultando em médias e medianas mais baixas e menos consistentes em comparação ao SSD F<sub>6</sub>.

Na Figura 27, observa-se a distribuição das frequências relativas das massas de vagens e grãos.

**Figura 27** - Distribuição de frequências relativas para a massa de vagens (A e B) e massa de grãos, g (C e D) referentes aos métodos SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>2</sub>, respectivamente, em progênies de feijão-caupi obtidas em 2024



A massa de vagens no método SSD F<sub>6</sub> demonstrou distribuição mais concentrada com valores em torno de 21,8 a 23,8 g e frequência de 34% (Figura 27A). Já o Bulk/F<sub>4:5</sub> demonstrou distribuição bimodal, com picos em 17,9 a 23,1 g (33%) e 23,1 a 28,4 g (34%). As frequências nas extremidades também reduzidas (Figura 27B).

Para a massa de grãos, o SSD F<sub>6</sub> apresentou distribuição relativamente uniforme, com frequências próximas (22%) em três classes. Na classe de 17,7 a 20,6 g houve frequência ligeiramente superior (34%). Enquanto no Bulk/F<sub>4:5</sub> a distribuição foi assimétrica positiva, com pico proeminente na classe de 13,3 a 17,3 g (45%), com maior concentração de massa grãos nessa faixa.

Na comparação das frequências obtidas entre os métodos, foram observadas diferenças na variabilidade fenotípica, além de evidenciar como esses métodos influenciam a eficiência do melhoramento do feijão-caupi em diferentes contextos. A escolha do método mais adequado deve considerar os objetivos específicos do programa de melhoramento, priorizando a estabilidade genética para a manutenção de características desejáveis ao longo das gerações e a diversidade fenotípica para permitir a seleção de indivíduos com variações vantajosas (Raposo et al., 2000; Silva et al., 2013).

O método Bulk/F<sub>4:5</sub> permite investigação mais ampla do potencial genético disponível, o que pode ser particularmente valioso para o feijão-caupi em que a adaptação em diferentes ambientes é essencial. De acordo com Allard (1999), a variabilidade genética é um dos principais fatores que contribuem para a adaptação das plantas a condições ambientais diversas. A capacidade de selecionar indivíduos com características desejáveis com alta variabilidade possibilita o desenvolvimento de variedades mais robustas e resilientes.

Por outro lado, o SSD F<sub>6</sub>, embora resulte numa população mais homogênea, é frequentemente associado à redução da heterozigosidade (Ramalho et al., 2012). Como discutido por Duvick (1984), essa homogeneidade pode ser uma desvantagem se houver mudanças ambientais ou patógenos, porque populações homogêneas podem ser mais suscetíveis a incidência de fatores abióticos. Portanto, enquanto a homogeneidade é desejável para garantir a qualidade das vagens, é importante que os programas de melhoramento também considerem estratégias para manter equilíbrio adequado de diversidade genética. Estudo de Ceccarelli e Grando (2022) sugerem que a combinação dos métodos de melhoramento pode ser eficaz para o desenvolver variedades adaptadas às condições locais.

Portanto a escolha entre os métodos SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub> deve ser feita com base nos objetivos específicos do programa de melhoramento e nas condições ambientais em que as variedades serão cultivadas. Destacando a importância da diversidade genética como componente fundamental para o sucesso a longo prazo das práticas de melhoramento genético (Kumar et al., 2021; Salgotra e Chauhan, 2023).

#### 4.3.3 Parâmetros Genéticos

Na Tabela 12, são apresentados os parâmetros referentes as variáveis comprimento da vagem, número de vagens, massa de vagem e massa de obtidas pelos métodos SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub>. Verifica-se que as estimativas de herdabilidade e acurácia variaram entre os caracteres e métodos. A variabilidade entre as progêniess, independentemente do método utilizado para conduzir a população segregante, é confirmada pelas estimativas da variância genética e dos valores da herdabilidade média em sentido amplo (Tabela 12).

**Tabela 12** - Estimativa de variância fenotípica (V<sub>f</sub>), ambiental (V<sub>e</sub>) e genética (V<sub>g</sub>), herdabilidade no sentido amplo (h<sup>2</sup><sub>a</sub>), coeficiente de variação (CV<sub>g</sub>), razão entre o coeficiente de variação genético e ambiental (CV<sub>g</sub>/CV<sub>e</sub>) e acurácia (Ac) em nove progêniess de feijão-caupi obtidas pelos métodos de melhoramento SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub>, em 2024

Caracteres	Métodos	V <sub>f</sub> -	V <sub>e</sub> -	V <sub>g</sub> -	h <sup>2</sup>	CV <sub>g</sub> (%))	CV <sub>g</sub> /CV <sub>e</sub>	Ac -
CMV	SSD	3,36	1,19	2,17	64,65	9,26	0,79	0,80
	Bulk/F <sub>2</sub>	1,24	0,84	0,39	31,85	3,98	0,39	0,56
NMV	SSD	8,43	7,47	0,96	11,41	10,41	0,21	0,33
	Bulk/F <sub>2</sub>	4,97	1,82	3,14	63,22	13,63	0,75	0,79
MMV	SSD	7,91	31,68	0	0	0	0	0
	Bulk/F <sub>2</sub>	60,19	49,54	10,64	17,69	13,22	0,26	0,42
MMG	SSD	13,56	23,14	0	0	0	0	0
	Bulk/F <sub>2</sub>	33,18	29,21	3,96	11,95	10,56	0,21	0,34

Variáveis: Comprimento médio de vagem = CMV (cm), Número médio de vagem = NMV, Média da massa de vagem = MMV (g) e Média de grãos = MMG (g). Método descendente de uma única semente (SSD F<sub>6</sub>) e Método Bulk dentro de famílias F<sub>2</sub> (Bulk/F<sub>4:5</sub>).

De acordo com a classificação de Resende e Duarte (2007), a acurácia varia de 0 a 1, pode ser muito alta (Ac  $\geq$  0,90), alta (0,70  $\leq$  Ac  $<$  0,90), moderada (0,50  $\leq$  Ac  $<$  0,70) e baixa (Ac  $<$  0,50). Segundo Sebbenn et al. (2000), coeficientes de variação entre 7% e 15% são considerados médios, enquanto iguais ou superiores a 15% são considerados altos. O coeficiente de variação genética é fundamental para avaliar a variabilidade genética numa população, porque expressa a magnitude da variação em relação aos valores médios dos caracteres (Sabale et al., 2018).

Para o comprimento da vagem, o método SSD F<sub>6</sub> apresentou maior variância genética (2,17) e herdabilidade no sentido amplo (64,65%) em comparação ao método Bulk/F<sub>4:5</sub> (0,39; 31,85%, respectivamente). O coeficiente de variação genética foi mais elevado no SSD (9,26%) em relação ao Bulk/F<sub>4:5</sub> (3,98%), demonstrando que o SSD F<sub>6</sub>

é mais eficaz para melhorar o comprimento de vagem. A acurácia foi igualmente superior no SSD F<sub>6</sub> (0,80), indicando maior confiabilidade na seleção.

Para o número de vagens, observou-se contraste significativo entre os métodos. O Bulk/F<sub>4:5</sub> apresentou maior variância genética (3,14) e herdabilidade (63,22%) em relação ao SSD F<sub>6</sub> (0,96; 11,41%). O coeficiente de variação genético também foi maior no Bulk/F<sub>4:5</sub> (13,63%) comparado ao SSD F<sub>6</sub> (10,41%), evidenciando que este método proporciona maior variabilidade genética disponível para seleção. A acurácia no Bulk/F<sub>4:5</sub> (0,79) também se destacou em relação ao SSD F<sub>6</sub> (0,33), indicando maior eficiência do Bulk/F<sub>4:5</sub> na seleção para esse caráter (Costa et al., 2008; Resende, 2002).

Os resultados obtidos para massa de vagens demonstraram diferenças entre os métodos. No SSD F<sub>6</sub>, a variância genética foi nula (0), indicando ausência de variabilidade genética para seleção não sendo viável selecionar esse caráter por meio deste método. Já no Bulk/F<sub>4:5</sub>, a variância genética foi de 10,64 e a herdabilidade de 17,69%. O coeficiente de variação genético do Bulk/F<sub>4:5</sub> foi de 13,22%, enquanto o SSD F<sub>6</sub> apresentou valor nulo. A acurácia também foi maior no Bulk/F<sub>4:5</sub> (0,42), reforçando a superioridade deste método para essa característica (Tabela 12).

Verificou-se que a variância genética da massa de grãos obteve resultado similar ao da massa de vagens. O SSD F<sub>6</sub> apresentou variância genética iguais a zero, indicando ausência de variabilidade genética aproveitável, enquanto o Bulk/F<sub>4:5</sub> demonstrou variância genética e herdabilidade de 3,96 e 11,95%, respectivamente demonstrando possibilidade de melhorias nesta característica por meio desse método. O coeficiente de variação genético do Bulk/F<sub>4:5</sub> foi de 10,56%, enquanto no SSD F<sub>6</sub> foi nulo. A acurácia também foi maior no Bulk/F<sub>4:5</sub> (0,34), reforçando a maior eficiência deste método nesta característica (Tabela 12).

A acurácia entre os métodos variou significativamente, o SSD F<sub>6</sub> apresentou altas acurácia para comprimento de vagens (0,80) e moderadas para o número de vagens (0,33) enquanto o Bulk/F<sub>4:5</sub> obteve melhores acurácia em número de vagens (0,79) e baixas em massas de vagens e grãos.

O SSD F<sub>6</sub> mostrou-se superior para o comprimento da vagem, com maior variabilidade genética e herdabilidade favorável. Em contrapartida, o método Bulk/F<sub>4:5</sub> apresentou maior eficiência na seleção para o número de vagens, massa de vagens e massa de grãos, refletindo maior aproveitamento da variabilidade genética.

Dessa forma, a escolha do método deve ser orientada pelos objetivos do programa de melhoramento, considerando a característica de interesse e sua respectiva resposta ao processo seletivo. O método SSD F<sub>6</sub> pode ser preferível quando se busca seleção para caracteres específicos como comprimento de vagens, uniformidade de tamanho dos grãos, entre outros desejáveis, enquanto o Bulk/F<sub>4:5</sub> se destaca pela variabilidade disponível e na seleção para atributos produtivos.

Existem várias alternativas para avaliar a eficiência dos métodos de condução de populações segregantes. Uma delas é preservar a variabilidade genética até as avaliações em experimentos repetição (Raposo et al., 2000).

No método SSD, que utiliza progêneres obtidas a partir da geração F<sub>4</sub>, espera-se que a variabilidade seja maior inicialmente, pois, nessa fase, em média 87,5% dos locos já estão homozigotos e há liberação de 1,75 de variância genética aditiva. No entanto, uma das principais características do método SSD é a busca pela homogeneidade das progêneres, o que implica na redução da variabilidade genética ao longo das gerações. Isso permite a fixação de características desejáveis, como resistência a doenças ou uniformidade no tamanho dos grãos, mas pode reduzir a variabilidade para outros atributos que não são selecionados.

Como descrito por Allard (1999), a seleção descendente de uma única semente promove rápida fixação dos alelos, reduzindo a heterozigosidade e favorecendo a identificação de progenies superiores. Esse efeito foi observado principalmente na fixação de caracteres como comprimento de vagem (CMP) e massa de vagens (MMV), que apresentaram menores coeficientes de variação nas gerações avançadas. Por outro lado, no método bulk/F<sub>2</sub>, a variabilidade entre as progêneres é equivalente à da geração F<sub>2</sub>, resultando em variância genética aditiva.

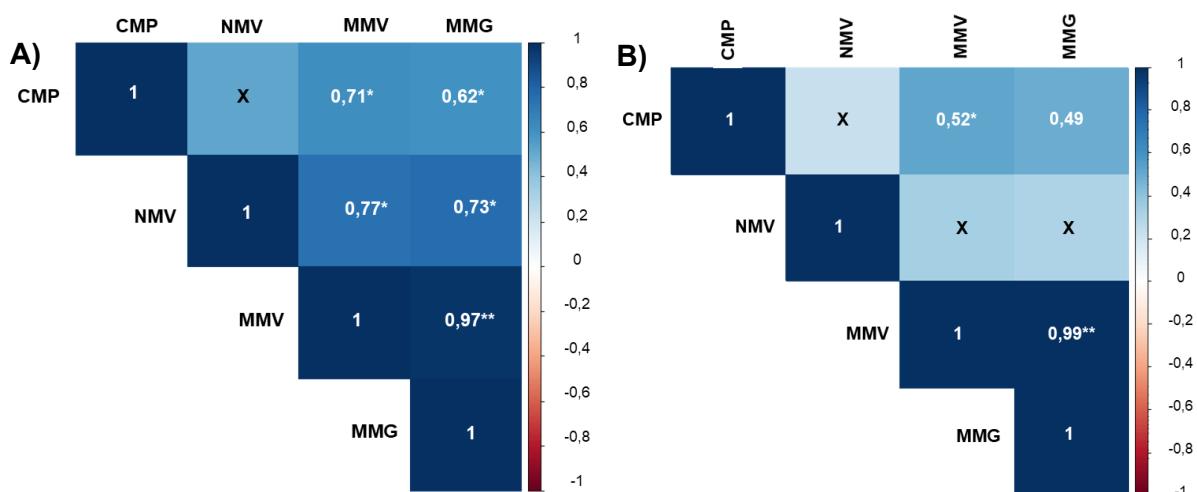
Nesse caso, a seleção é feita sem focar na homogeneidade, permitindo que a variabilidade genética seja mantida. Portanto, ao comparar esses métodos, é importante considerar tanto a homogeneidade promovida pelo SSD quanto a variabilidade preservada no bulk/F<sub>2</sub> (Ramalho et al., 2012).

De acordo com Sebbenn et al. (2000), coeficientes de variação entre 7% e 15% são considerados médios, enquanto iguais ou superiores a 15% são considerados altos. O coeficiente de variação genética é fundamental para avaliar a variabilidade genética numa população, porque expressa a magnitude da variação em relação aos valores médios dos caracteres (Sabale et al., 2018).

#### 4.3.4 Correlação entre caracteres

Na Figura 28, são apresentadas as correlações de Pearson entre os caracteres relacionados aos componentes de produção avaliados em ambos os métodos SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub> de populações segregantes.

**Figura 28** - Correlação de Pearson entre caracteres agronômicos em nove progênies de feijão-caupi nos métodos SSD F<sub>6</sub> (A) e Bulk/F<sub>4:5</sub> (B) na UFAC em 2024



Variáveis: Comprimento de Vagens (CMP), Massa de Vagens (MMV); Número de Vagens (NMV) e Massa de Grãos por Planta (MMG). \* e \*\* - significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste qui-quadrado, respectivamente.

A compreensão das correlações ajuda a identificar como a seleção de uma característica afeta outra e possibilita a seleção indireta de características que são difíceis de medir (Ramalho et al., 1993).

Embora a correlação simples quantifique apenas a relação linear entre pares de caracteres, sem indicar causa e efeito, o grau de associação é significativo, uma vez que a seleção de um caráter pode alterar o comportamento do outro (Cruz et al., 2014). As estimativas de correlações fenotípicas são úteis para a seleção indireta, especialmente quando a característica de interesse apresenta baixa herdabilidade ou dificuldades na avaliação (Cruz et al., 2012; Júnior et al., 2024).

Segundo Figueiredo Filho e Silva Júnior (2009), os coeficientes de correlação de Pearson medem a associação linear entre duas variáveis, podendo ser determinados pela distribuição de frequências ou pelo compartilhamento de variância. Cohen (1988) classifica esses coeficientes da seguinte forma: a) pequenos (0,10 - 0,29), b) médios (0,30 - 0,49) e c) grandes ( $\geq 0,50$ ).

Neste contexto, houve correlações positivas significativas e de alta magnitude entre pares de caracteres. No método SSD F<sub>6</sub>, observou-se forte correlação entre o comprimento da vagem (CMP) e a massa de vagens (MMV) (0,71). Além disso, a correlação entre comprimento da vagem (CMP) e a massa de grãos (MMG) foi significativa (0,62) (Figura 28A). Conforme os resultados, pode-se inferir que plantas com vagens mais longas tendem a apresentar maior massa nas vagens e maior produção de grãos, indicando que vagens maiores podem apresentar número maior de grãos.

O número de vagens demonstrou correlações significativas com a massa de vagens (0,77) e a massa de grãos (0,73), sugerindo que aumento no número de vagens está associado a maior produção de biomassa e grãos (Figura 28A). A correlação mais expressiva foi observada entre massa de vagens e massa de grãos (0,97), com associação extremamente forte entre esses caracteres. Este resultado sugere que o aumento na massa das vagens impacta diretamente na produtividade total da planta.

Por outro lado, o método Bulk/F<sub>4:5</sub> houve correlações relativamente mais fracas, ainda assim significativas, em comparação ao SSD F<sub>6</sub>. A relação entre o comprimento da vagem (CMP) e a massa de vagens (MMV) foi de 0,52, enquanto a correlação entre comprimento da vagem (CMP) e massa de grãos (MMG) foi de 0,49 (Figura 28B). Esses resultados podem indicar maior influência de fatores ambientais ou variação genética mais acentuada entre as progêniens nesse método.

Entretanto, é importante ressaltar que mesmo com essas correlações reduzidas, a relação entre massa de vagens e massa de grãos (0,97) permaneceu excepcionalmente forte (0,99), enfatizando a relevância deste caráter na predição da produtividade (Figura 28B). Essa constância reforça a importância da massa das vagens como um caráter chave para o melhoramento genético.

Tais correlações eram esperadas, uma vez que o aumento na massa de vagens pode ser consequência do aumento no comprimento, número de grãos, massa de grãos ou vice-versa. Santos e Santos (2004), Alencar et al. (2021) e Carvalho et al. (2012) também encontraram resultados semelhantes para esses pares de caracteres.

Cruz et al. (2004) explicam que isso ocorre devido ao pleiotropismo ou ao desequilíbrio de ligação gênica entre pares de caracteres, o que permite a seleção simultânea de dois ou mais caracteres ao selecionar apenas um deles. No entanto, segundo os autores é necessário cuidado porque ao selecionar um caráter pode resultar numa seleção indesejada de outro.

A correlação entre a massa de vagens e a massa de grãos foi forte em ambos os métodos, indicando que a seleção de vagens mais pesadas afeta diretamente a produção total da planta.

No entanto, no método Bulk/F<sub>4:5</sub>, as correlações entre o comprimento das vagens e outros caracteres produtivos foram mais fracas do que no SSD F<sub>6</sub>, mostrando maior influência de fatores ambientais na expressão dessas características. Dentre as progêneres avaliadas, as progêneres 2, 5 e 8 se destacaram no Bulk/F<sub>4:5</sub>, enquanto as progêneres 3, 6 e 9 demonstraram maior estabilidade genética no SSD F<sub>6</sub>.

A importância das correlações entre os caracteres estudados não apenas valida as relações esperadas com base no conhecimento existente, mas também fornecem subsídios para o desenvolvimento de estratégias eficazes de seleção em programas de melhoramento. A escolha do método pode influenciar os resultados obtidos, no entanto, ambos os métodos destacaram a importância da massa das vagens como preditor confiável da produção do feijão-caupi.

Na Tabela 13 são apresentados modelos preditivos entre caracteres agronômicos de feijão-caupi avaliados pelos métodos SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub>. Os modelos preditivos apresentaram diferenças significativas entre os métodos, demonstrando diferentes interações entre os caracteres nos dois métodos de melhoramento.

**Tabela 13** - Modelos preditivos entre caracteres agronômicos de feijão-caupi avaliados pelos métodos SSD (F<sub>6</sub>) e Bulk/F<sub>2</sub> (F<sub>4:5</sub>) na UFAC, 2024

Modelos Preditivos	Valor F	R <sup>2</sup>	p
<b>SSD (F<sub>6</sub>)</b>			
<b>MMG</b> = 0,56 + (0,14 x NMV) + (0,82 x <b>MMV**</b> ) + (0,88 x CMV)	94,11	0,94	<0,001
<b>MMV</b> = -0,01 + (1,02 x <b>NMV**</b> ) + (0,67 x MMG)	10,80	0,53	<0,001
<b>NMV</b> = 0,17 + (-2,63 x MMV) + (0,05 x <b>MMG**</b> ) + (0,18 x <b>CMV**</b> )	36,31	0,85	<0,001
<b>Bulk/F<sub>2</sub> (F<sub>4:5</sub>)</b>			
<b>MMG</b> = 5,59 + (0,14 x <b>NMV*</b> ) + (0,78 x <b>MMV**</b> ) + (0,26 x <b>CMV**</b> )	1437,0	0,99	<0,001

Variáveis: Comprimento médio de vagem = CMV (cm), Número médio de vagem = NMV, Média da massa de vagem = MMV (g) e Média de grãos = MMG (g).

No método SSD F<sub>6</sub>, a massa de grãos (MMG) foi fortemente influenciada pela massa de vagens (MMV) ( $p<0,001$ ) e pelo comprimento de vagens (CMP). A equação preditiva apresentou coeficiente de determinação elevado ( $R^2=0,94$ ), indicando que o modelo explica grande parte da variação observada. Para a massa de vagens (MMV) ( $R^2=0,85$ ), foi influenciada principalmente pelo número de vagens (NMV), com

$R^2=0,53$ , enquanto o número de vagens (NMV) foi influenciado pela massa de vagens (MMV), massa de grãos (MMG) e comprimento de vagens (CMP).

No Bulk/F<sub>4:5</sub>, a predição da massa de grãos (MMG) também foi significativamente influenciada pela massa de vagens (MMV) ( $p<0,001$ ) e pelo comprimento de vagens (CMP), porém com  $R^2$  ainda mais elevado (0,99) e modelo mais robusto para este método (Tabela 9). O número de vagens (NMV) também apresentou influência significativa sobre massa de grãos (MMG), reforçando sua importância na produtividade do feijão-caupi.

Montgomery, Peck e Vining (2012) destacam que boa modelagem permite identificar os principais fatores que influenciam o rendimento e/ou produtividade. Draper e Smith (1998) enfatizam a importância da seleção criteriosa das variáveis para evitar sobre ajuste.

Miller (2002) argumenta que técnicas de regressão múltipla, quando aplicadas de forma adequada, podem otimizar modelos e melhorar a predição de resultados. Por isso é importante avaliar a relevância prática das variáveis selecionadas dentro do contexto específico do cultivo, garantindo que as escolhas feitas contribuam efetivamente para a melhoria da produtividade e da qualidade das plantas. Os modelos preditivos forneceram indícios do desempenho esperado para a seleção de caracteres, o que permite inferir que a progênie em estudo são promissoras para seleção dos caracteres supracitados.

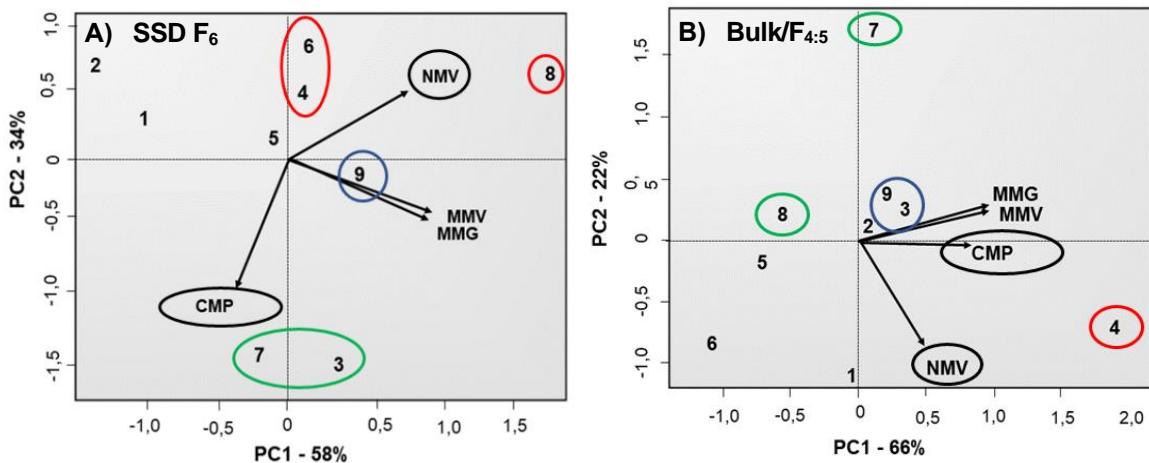
#### 4.3.5 Seleção de caracteres e análise de agrupamento

Na Figura 29, os dois primeiros componentes explicam variância acumulada de 92% a 88% a da variação total, SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub>, respectivamente.

Para o SSD F<sub>6</sub> as variáveis que mais contribuíram para o componente principal 1 foram as características massa de vagens (31,21%) e massa de grãos (30,64%), sendo responsáveis por 61,85% da variação total do componente 1. Enquanto que o comprimento de vagens (41,83) e o número de vagens (23,11%) contribuíram com 64,94% da variação total do componente 2 (Figura 29A).

No Bulk/F<sub>4:5</sub> as variáveis que mais contribuíram para o componente principal 1 foram as características massa de vagens (30,05%) e massa de grãos (29,52%), sendo responsáveis por 59,57% da variação total do componente 1. Enquanto que o número de vagens contribuiu com 62,20% da variação total do componente 2 (Figura 29B).

**Figura 29** - Análise de componentes principais em nove (1-9) progênies de feijão-caupi, referentes ao comprimento de vagens (CMP, cm), massa de vagens (MMV, g); número de vagens (NMV) e massa de grãos (MMG, g), provenientes dos métodos SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub> na UFAC em 2024



Torres et al. (2012) avaliaram linhagens de feijão-caupi por meio da análise de componentes principais e constataram que todas as variáveis de produção influenciaram significativamente a variabilidade entre as linhagens. O componente principal 1 explicou quase toda a variabilidade, atingindo 99,2%.

A PCA, não apenas reduz a dimensionalidade dos dados, mas também identifica padrões de agrupamentos e variabilidade das características que mais contribuem para a variação total dos dados (Jolliffe, 2002).

A análise PCA demonstrou padrões distintos na relação entre as variáveis nos dois métodos (Figuras 29A e 29B). No SSD F<sub>6</sub>, o comprimento de vagens (CMP) foi oposto às demais variáveis (MMV, NMV e MMG), o que sugere que as progênies com vagens mais curtas tendem a ter maiores valores nas características de produção. No entanto, a variação explicada pelo PC1 é maior no método Bulk/F<sub>4:5</sub> (66%) em comparação ao SSD F<sub>6</sub> (58%). Isso indica que o método Bulk/F<sub>4:5</sub> pode ser mais eficiente em reter a variabilidade entre as progênies, especialmente em relação à produção.

A menor explicação da variância pelo PC2 no método Bulk/F<sub>4:5</sub> (22%) sugere que, embora haja distância entre as progênies, essa diferença é menos acentuada quando comparada ao SSD F<sub>6</sub>. Isso pode indicar que o método SSD F<sub>6</sub> é mais sensível na identificação de diferenças entre as progênies em relação às características produtivas, permitindo melhor agrupamento.

A análise de componentes principais mostrou que a massa de vagens e a massa de grãos são os principais determinantes da produtividade, enquanto o comprimento

da vagem teve impacto menor, principalmente no Bulk/F<sub>4:5</sub>. Esse resultado reforça a importância de selecionar progênies com maior produção de biomassa. Esses resultados ressaltam a importância de escolher o método de seleção apropriado com base nas características interesse. O SSD F<sub>6</sub> pode ser mais adequado para identificar diferenças sutis em características produtivas, enquanto o Bulk/F<sub>4:5</sub> oferece análise mais robusta da variabilidade entre as progênies.

Os resultados indicam que, no método SSD F<sub>6</sub>, a produtividade esteve mais associada ao número de vagens e à massa de grãos, enquanto no Bulk/F<sub>4:5</sub>, os principais determinantes foram a massa de vagens e de grãos. A análise de componentes principais evidenciou diferenças entre os métodos, destacando que o Bulk/F<sub>4:5</sub> tem maior variância proporcionada pela massa de vagens e grãos, enquanto o SSD F<sub>6</sub> enfatiza a importância do número de vagens na produtividade.

Na Tabela 14 ao utilizar o método de otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana média, as progênies foram alocadas em diferentes grupos em relação aos métodos estudados. No SSD F<sub>6</sub>, as progênies foram distribuídas em quatro grupos distintos, indicando maior diferenciação genética.

**Tabela 14** - Agrupamento de nove progênies de feijão-caupi pelo método de otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana média padronizada, nos métodos SSD F<sub>6</sub> e Bulk/F<sub>4:5</sub>

Grupos	Progênies	Distância média
		SSD (F <sub>6</sub> )
I	1, 4, 5, 6 e 9	0,31*
II	3 e 7	0,42
III	2	0,67
IV	8	0,87
BulkF <sub>2</sub> (F <sub>4:5</sub> )		
I	1, 2, 3, 5, 6, 7, 8 e 9	0,31*
II	4	0,65

Distância média entre progênies dentro do mesmo grupo\*.

O método de otimização de Tocher agrupa indivíduos assegurando que as distâncias dentro dos grupos sejam menores do que entre os grupos (Tabela 10). O método de Tocher proporcionou discriminação mais objetiva em comparação à PCA, que não demonstrou padrões de agrupamento evidentes. Enquanto a PCA permitiu visão geral, o método de Tocher reuniu as progênies em grupos distintos entre os métodos, tornando as duas técnicas complementares.

O primeiro Grupo (I) reuniu a maioria das progênies (1, 4, 5, 6 e 9) com distância média de 0,31, demonstrando maior similaridade genética entre elas. O segundo Grupo (II), formado pelas progênies 3 e 7, apresentou distância média de 0,42, evidenciando dissimilaridade intermediária. As progênies 2 e 8 foram alocadas em Grupos isolados (III e IV), com distâncias médias 0,67 e 0,87, respectivamente, o que indica maior divergência genética dessas progênies em relação às demais (Tabela 14).

Em contrapartida o método Bulk/F<sub>4:5</sub> apenas dois grupos foram formados, indicando menor diferenciação genética entre as progênies nesse método em comparação com ao SSD F<sub>6</sub>. O primeiro Grupo (I) demonstrou a maioria das progênies com distância média de 0,31, evidenciando maior homogeneidade genética dentro desse agrupamento (Tabela 14). A progénie 4 foi alocada no Grupo II, com distância média de 0,65, apresentando maior divergência genética em relação às demais progênies analisadas.

O método SSD F<sub>6</sub> houve formação de mais grupos, permitindo a identificação de progênies geneticamente distintas (como as progênies 2 e 8) (Tabela 14). Isso sugere que esse método pode ser mais eficiente na preservação da variabilidade genética ao longo das gerações.

Por outro lado, o Bulk/F<sub>4:5</sub>, resultou em agrupamentos mais homogêneos, possivelmente devido a mistura de progênies ao longo das gerações. A exceção foi a progénie 4, que se destacou por sua maior divergência genética. A menor distância média nos Grupos I de ambos os métodos (0,31) sugere a presença de progênies geneticamente similares, enquanto as progênies alocadas isoladamente (nos Grupos III e IV do SSD F<sub>6</sub> e no Grupo II do Bulk/F<sub>4:5</sub>) são potenciais fontes de variabilidade para programas de melhoramento genético (Tabela 14). O método SSD F<sub>6</sub> demonstrou maior diversidade genética entre as progênies em comparação com o Bulk/F<sub>4:5</sub>, indicando que a escolha do método pode impactar na variabilidade.

Conforme os resultados o Bulk/F<sub>4:5</sub> é mais eficiente na seleção de caracteres relacionados à produtividade, enquanto o SSD F<sub>6</sub> é mais adequado para a fixação de características específicas. A escolha do método depende do equilíbrio entre variabilidade genética e estabilidade fenotípica.

Os métodos de melhoramento Bulk/F<sub>2</sub> e SSD apresentam vantagens distintas, e a escolha entre eles deve considerar o objetivo do melhoramento. O Bulk/F<sub>2</sub> se destaca na seleção de progênies com maior potencial produtivo devido à sua

variabilidade genética superior. Em contraste, o SSD é mais adequado para a seleção precisa e estável de características específicas.

Os resultados mostraram que o método Bulk/F<sub>2</sub> obteve médias superiores para o número de vagens, massa das vagens e massa de grãos, além do coeficiente de variação menor no número de vagens, sugerindo maior estabilidade genética. Já o SSD apresentou menor variabilidade dentro das progênies, proporcionando homogeneidade entre os indivíduos selecionados e sendo ideal para atributos mais estáveis.

A análise dos modelos preditivos revelou que a relação entre os caracteres agronômicos varia conforme o método utilizado. O Bulk/F<sub>2</sub> demonstrou modelo mais robusto com maior coeficiente de determinação ( $R^2$ ), indicando sua eficácia na previsão da produtividade do feijão-caupi.

Além disso, a análise dos componentes principais mostrou que a variância entre as progênies é explicada de maneira distinta por cada método. Portanto, a escolha do método deve ser orientada pela característica de interesse e sua resposta ao processo seletivo. O SSD é recomendado para características mais específicas, enquanto o Bulk/F<sub>2</sub> é preferível para atributos relacionados à produção.

Assim, a seleção do método deve considerar as exigências do melhoramento genético e os objetivos do estudo. Ambos são fundamentais para avanços na produtividade e qualidade do feijão-caupi.

## 5 CONCLUSÕES

O Bulk/F<sub>2</sub> é mais eficiente na obtenção de progêniens superiores de feijão-caupi.

A seleção de progêniens com base no desempenho produtivo é mais eficiente quando realizada com o método Bulk/F<sub>2</sub>.

O método SSD proporcionou maior homogeneidade entre as progêniens, sendo mais indicado para a seleção de caracteres estáveis ao longo das gerações.

## REFERÊNCIAS

- ACHARJEE, S.; SARMAH, B. K. Biotechnologically generating 'super hickpea' for food and nutritional security. **Plant Science**, v. 207, p. 108-116, jun. 2013.
- ACQUAAH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. Oxford: Wiley, 2012.
- 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.
- ALMEIDA, W. S. de; FERNANDES, F. R. B.; TEÓFILO, E. M.; BERTINI, C. H. C. de M. Correlation and path analysis in components of grain yield of cowpea genotypes. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 4, p. 726-736, out.-dez. 2014.
- ALMEIDA, A. L. G.; MINGOTTE, F. L. C.; COELHO, A. P.; LEMOS, L. B.; MELO, F. de B.; PRADO, R. de M. Agronomic performance of cowpea cultivars (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) under application of limestone doses. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 16, n. 2, p. 1-10, mar. 2021.
- ALIYU, O. M.; TIAMIYU, A. O.; USMAN, M.; ABDULKAREEM, Y. F. Variance components, correlation and path analyses in cowpea (*Vigna unguiculata* L., Walp). **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 25, p. 173–182, Oct. 2022.
- ANDRADE JÚNIOR, A. S. de; SANTOS, A. A. dos; SOBRINHO, C. A.; BASTOS, E. A.; MELO, F. de B.; VIANA, F. M. P.; FREIRE FILHO, F. R.; CARNEIRO, J. da S.; ROCHA, M. de M.; CARDOSO, M. J.; SILVA, P. H. S. da; RIBEIRO, V. Q. **Cultivo do Feijão-caupi (*Vigna Unguiculata* (L.) Walp)**. PI. Teresina: EMBRAPA-Centro de Pesquisa agropecuária do meio norte, 2002. 108 p. (Embrapa Meio-Norte. Sistemas de produção: 2).
- ANDRADE, F. N.; ROCHA, M. de M.; GOMES, R. L. F.; SILVA, L. R. A. da; SILVA, K. J. D. e; FREIRE FILHO, F. R. Análise de trilha em linhagens de feijão-caupi de tegumento e cotilédone verdes avaliadas para feijão verde: caracteres agronômicos. In: III CONAC CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 2013, Recife, PE. **Anais...Recife**, 2013.
- 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**, v. 40, n. 2, p. 656-667, 2021.
- AQUINO, D. A. L. de; SANTOS, C. A. F.; SILVA, D. O. M. da. Phenotypic variability of cowpea genotypes for immature seed harvesting. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 51, p. 1-8, nov. 2021.
- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2. ed. New York: John Wiley, 1999. 254 p.

ARAÚJO, L. B. R.; PINHEIRO, M. S; FIEGE, L. B. C.; BERTINI, C. H. C. M.; DOVALE, J. C. Potenciais agronômicos e diversidade genética de vestígios de cowpea do estado do Ceará. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 32, n. 3, p. 698 -708, jul.-set., 2019.

BONETT, L. P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SCHUELTER, A. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONELA, A.; LANCANALLO, G. F. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 27, n. 4, p. 547-560, out./dez. 2006.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora da UFV, 1997. 547p

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2013. 523 p.

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

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCH-NETO, R. Melhoramento de plantas. **Oficina de Textos**, 2021.

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.

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.

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.

BERTINI, C. H. C. M.; ALMEIDA, W. S. de; SILVA, A. P. M. da; SILVA, J. W. L.; TEÓFILO, E. M. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010.

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.

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

CAVALCANTE, R. R.; SOUSA, T. I. L. de, COSTA, P. F.; NASCIMENTO, I. R. do, SILVA, K. J. D. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de feijão-caupi no Estado de

Tocantins. **Revista Tecnologia e Ciência**, João Pessoa, v. 11, n. 6, p. 49-55, dez., 2017.

CECCARELLI, S.; GRANDO, S. Return to Agrobiodiversity: Participatory Plant Breeding. **Diversity**, v. 14, p. 126, Feb. 2022.

CONCEIÇÃO, C. G. da; PARIZI, A. R. C.; GOMES, A. C. dos S.; BITENCOURT, G. B. de; CONCEIÇÃO, J. A. da. Influência de lâminas de irrigação sobre a produção do feijão comum conduzido na 2ª safra. **Revista Brasileira de Agricultura Irrigada**, v. 11, n. 6, p. 1876-1883, jun. 2017.

COHEN, J. **Statistical power analysis for the behavioral sciences**. 2nd ed. Hillsdale, NJ: Erlbaum. 1988. 590p

COSTA, J. G. C., ZIMMERMANN, F. J. P. Comparação da eficiência de métodos de seleção em gerações segregantes de feijoeiro-comum considerando a resistência à antracnose. **Ciência Agronômica**, Lavras, v. 26, n. 2, p. 244-251, 2002.

COSTA, M. M. et al. Analysis of direct and indirect selection and indices in soybean segregating populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 47-55, 2008.

CUNHA, S. D.; ALVES, A. J. D. A.; ARCANJO, A. J. M.; RIBEIRO, R. P. R.; DANTAS, M. R.; FINOTO, E. L.; SANTOS, M. P. H. Caracterização de plantas daninhas em área rotacionada de milho e feijão-caupi em plantio direto. **Scientia Agropecuária**, v. 9, n. 1, p. 7-15, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004, 480 p.

CRUZ, C. D., REGAZZI, A.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4 Edição, Editora UFV, Viçosa, 2012, 514 p.

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.; CARNEIRO, P. C. S. REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Editora UFV, 2014. v. 2, 668p.

COELHO, C. M. M.; ZILIO, M.; SOUZA, C. A.; GUIDOLIN, A. F.; MIQUELLUTI, D. J. Características morfo-agronômicas de cultivares crioulas de feijão comum em dois anos de cultivo. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 31, n. 1, p. 1177-1186, maio. 2010.

DIAS, F. T. C.; BERTINI, C. H. C. DE M.; SILVA, A. P. M. DA; CAVALCANTI, J. J. V. Variabilidade genética de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce analisada por marcadores RAPD e ISSR. **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, p. 563–572, 2015.

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.

DRAPER, H.R.; SMITH, H. Applied Regression Analysis. 3rd Edition, John Wiley & Sons Inc., New York, 713, 1998.

DUVICK, D. N. Genetic diversity in major farm crops on the farm and in reserve. **Economic Botany**, v. 38, p. 161-178, out. 1984.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Meio Norte. **FeijãoCaupi/Estatísticas de produção**. 20, dez. 2021. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao-caupi>>. Acesso em: 20 nov. 2021.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS)**. 12-29, set. 2023. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/objetivos-de-desenvolvimento-sustentavel-ods>>. Acesso em: 23 nov. 2024.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Meio Norte. **FeijãoCaupi/Estatísticas de produção**. 20, dez. 2021. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao-caupi>>. Acesso em: 20 nov. 2023.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow, Essex, UK: Addison Wesley Longman, 1996.

FAO - Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura, 2016. **O Estado da Alimentação e da Agricultura - Alterações Climáticas, Agricultura e Segurança Alimentar**. FAO, Roma. Itália, pp. 24. Acesso em: 21 out. 2024.

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.; 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.; 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.; CARDOSO, M. J.; SANTOS, A. A. DOS; NOGUEIRA, M. DO S. DAR.; VIEIRA, P. F. DE M. J.; ROCHA, M. DE M.; SILVA, K. J. D. Cruzamentos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L) Walp.] realizados na Embrapa Meio-Norte, no período de 1982 a 2012. **Documentos**, 119 p. 2014.

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.; RODRIGUES, J. E. L. F.; JUNIOR, R. A. G.; RIBEIRO, V. Q.; BOARI, A. de J.; AZEVEDO, R.; BENCHIMOL, R. L.; HUSNY, J. C. E.; CARVALHO, A. V.; RODRIGUES, M. C. S. F.; AMARAL, T.; MESCOUTO, L. F. de L.; SILVA, R. C. da; SOARES, A. S. **Melhoramento genético do feijão-caupi na Embrapa Amazônia Oriental: período de 2013 a 2022**. Brasília, DF: Embrapa, 2023.

FISSEHA, Z.; TESFAYE, K.; DAGNE, K.; BLAIR, M. W.; HARVEY, J.; KYALLO, M.; GEPTS, P. Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm of Ethiopia as revealed by microsatellite markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 15, n. 52, p. 2824-2847, 2016.

FONSECA, J. R.; MARQUES, E. M. G.; VIEIRA, E. H. N.; da SILVA, H. T. Algumas características do germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) coletado no Espírito Santo. **Ceres**, v. 54, n. 314, p.358-362, 2015.

GONÇALVES, A.; GOUFO, P.; BARROS, A.; DOMINGUEZ-PERLES, R.; TRINDADE, H.; ROSA, E. A.; FERREIRA, L.; RODRIGUES, M. Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp), a renewed multipurpose crop for a more sustainable agri-food system:

GOMES, A. M. F.; DRAPER, D.; TALHINHAS, P.; SANTOS, P. B.; SIMÕES, F.; NHANTUMBO, N.; MASSINGA, R.; RAMALHO, J. C.; MARQUES, I.; RIBEIRO-BARROS, A. I. Genetic diversity among cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) landraces suggests central Mozambique as an important hotspot of variation. **Agronomy**, v. 10, p. 1-15, Nov., 2020.

GUMEDE, M. T.; GERRANO, A. S.; AMELEWORK, A. B.; MODI, A. T. Analysis of Genetic Diversity and Population Structure of Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) Genotypes Using Single Nucleotide Polymorphism Markers. **Plants**, v. 12, n. 11, p. 1-13, Dec. 2022.

LABHYA, G. R.; PARTHA, B. P.; NAYANMONI, B.; RAMENDRA, S. N. Genetic Variability and Correlation Studies for Yield and Yield Attributing Traits in Mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek]. **Legume Research**, v. 47, p. 1851-1857, nov., 2024.

HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E. **Multivariate Data Analysis**. 7. ed. New York: Pearson, 2010.

HALLAVER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. de. Quantitative genetics in maize breeding, **Springer Science & Business Media**, v. 6, 2010.

INMET. Instituto Nacional de Meteorologia. **Banco de Dados Meteorológicos**. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=bdmep/bdmep>. Acesso em: 10 jul. 2024.

JOLLIFFE, I. T. Principal Component Analysis and Factor Analysis. In: Principal Component Analysis. Springer Series in Statistics. **Springer**, New York, NY. p. 338-372, 2002.

JUNIOR, R. A. G.; BOARI, A. de J.; PEIXOTO, M. A. de A.; BENCHIMOL, R. L.; CUNHA, B. P. de O.; SOUSA, N. L. de; SILVA, J. P. A. da; SILVA, R. T. da; SOUSA, E. R. M. de. Seleção preliminar de linhagens de segundo ciclo de melhoramento de feijão-caupi do tipo manteiguinha na Amazônia Oriental, **Documentos**, p. 1-17, maio. 2024.

KALAMBE, A. S.; WANKHADE, M. P.; DESHMUKH, J. D.; CHAVAN, B. R.; SHINDE, A. V. Correlation studies in cowpea (*Vigna unguiculata* L.). **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, v. 8, n. 3, p. 321-323, 2019.

KHERADNAM, M.; NIKNEJAD, M. Crossing technique in cowpeas. **Iranian Journal of Agricultural Research**, Haryana, v. 1, n. 1, p. 57-58, 1971.

KUMAR, A.; BOHRA, A.; MIR, R. R.; SHARMA, R.; TIWARI, A.; KHAN, M. A.; VARSHNEY, R. K. Next generation breeding in pulses: Present status and future directions. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, p. 1-22, Aug. 2021.

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.

LOPES, M. L.; SOUSA, H. A.; SANTOS, B. V.; SILVA, N. G.; ABREU, O. A. Development rates of *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera: Chrysomelidae) in landrace cowpea varieties occurring in southwestern Amazonia, **Journal of Stored Products Research**, v. 76, p. 111-115.2018.

LOKESH, G. Y.; NIRANJANA, M. Correlation and Path Analysis Studies in F2 Population of Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) **International Journal of Pure & Applied Bioscience**, v. 6, p. 279-283, Jan.-Feb., 2018.

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.

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

MARINHO, J. T. de S.; LESSA, L. S.; COSTA, C. R. da. Agronomic performance of cowpea genotypes in southwestern Brazilian Amazon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 56, p. 1-9, 2021.

MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A.; VINING, G. G. **Introduction to Linear Regression Analysis**. 4. ed. Hoboken: John Wiley e Sons, v. 821, 2012.

MOHAMMED, A.; FIKRE, A. Correlation and path coefficient analysis among seed yield and yield related traits of Ethiopian chickpea (*Cicer arietinum* L.) landraces. **Acta Agriculturae Slovenica**, v. 3, p. 661–670, 2018.

MEIRA, A. L.; SANTANA, T. M.; AMARAL, C. L. F.; MIGUEL, D. L.; SANTOS JÚNIOR, N. S. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em feijão-caupi sob estresse hídrico severo. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 13, n. 1, p. 1-7, 2017.

MEDEIROS, R. D. de; QUEIROZ, F. B. D. de; QUEIROZ, R. D. D. de. Produtividade e eficiência de uso da água de cultivares de feijão-caupi no Cerrado em Roraima. Boa Vista: Embrapa Roraima, 2017. 11 p. Embrapa Roraima. **Documentos**, 63, 2017.

MELO, N. C.; ALMEIDA, R. F. de; ALVES, V. F.; FERREIRA, R. L. da C.; VALENTE, G. F. Análise multivariada no crescimento e nodulação de feijão caupi com doses de nitrogênio. **Enciclopédia Biosfera**, Centro Científico Conhecer - Goiânia, v. 11 n. 21; p. 2015 142, jul. 2015

MENDONÇA, M. S. de; GOMES, L. P.; ARAÚJO, A. M. de; SANTOS, V. B. dos. Parâmetros genéticos em genótipos do feijão-caupi de porte semi-prostado em Rio Branco, AC. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃOCAUPI (CONAC), 5, 2016, Sorriso. **Resumos...** Brasília: Embrapa, 2016.

MENDONÇA, M.S. de; BEBER, P.M.; NASCIMENTO, F.S.S. do; SANTOS, V.B. dos; MARINHO, J.T. Importance and correlations of characters for cowpea diversity in traditional varieties. **Revista Ciência Agronômica**, v. 49, p. 267-274, 2018.

MEHTA, D.; ZAVERI, P. Perda de plantas durante esquema SSD em feijão-caupi. **Agricultural Science Digest**, v. 20, p. 24-26, 2000.

MELO, P.C.T. **Melhoramento genético do tomateiro**. Campinas: Asgrow do Brasil, 55p. 1989.

MILLER, A. **Subset Selection in Regression** (2 ed.). Chapman and Hall/CRC, 2002.

MILLAWITHANACHCHI, M. C.; SUMANASINGHE, V. A.; BENTOTA, A. P.; ABEYSIRIWARDENA, S. de Z. Performance of different breeding methods in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) improvement programmes. **Tropical Agricultural Research**, v. 26, p. 294-302, 2015.

MILLAWITHANACHCHI, M. C.; SUMANASINGHE, V. A.; BENTOTA, A. P.; SAMARANAYAKE, B. N.; PRATHAPASINGHE, N. T. A. comparison between farmers' and breeders' varietal selection for cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) improvement. **Tropical Agricultural Research**, v. 27, n. 3, p. 229-240, 2016.

MIQUELONI, D. P.; SANTOS, V. B. dos; LIMA, S. R.; MESQUITA, D. N.; FURTADO, S. da S. F. Descrição e discriminação de variedades crioulas de feijão-caupi na Amazônia Ocidental brasileira. **Acta Iguazu**, Cascavel, v.7, n.5 (Suplemento), p. 49-61, 2018.

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.

MORETTIN, P. A.; SINGER, J. M. **Introdução à Ciência de Dados: fundamentos e aplicações**. São Paulo: Departamento de Estatística, USP, p. 249, ago. 2019.

MOURA, R. M.; RIBEIRO, V. Q.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. de A.; BERNARDO, K. A. da S.; SANTOS, T. P. da S. Avaliação da geração F<sub>2</sub> de cruzamentos de feijão-caupi visando a seleção para precocidade. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO CAUPI, 2013, Recife. **Anais...** Recife: [s.n.], 2013.

MUKAKA, M. M. Statistics corner: A guide to appropriate use of correlation coefficient in medical research. **Malawi Medical Journal**, v. 24, n. 3, p. 69–71, 2012.

NASCIMENTO, F. S. S. do; SIVIERO, A.; BORGES. V dos; MARINHO, J. T. de S. PEREIRA, A. A. A.; MATTAR, E. P. L.; OLIVEIRA, E. de. Caracterização de sementes de variedades locais de feijão-de-corda (*Vigna unguiculata*) do Acre. In: **Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos**, 2, Anais... Belém, SBRG: 2012. CD-Rom.

NASCIMENTO, F. S. do. et al. Contribuição relativa de caracteres para diversidade de Feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) tradicionais do Acre. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI (CONAC), 5, 2016, Sorriso. **Resumos...** Brasília: Embrapa, 2016.

NASCIMENTO, R. M. do. de. **Valor nutricional de sete variedades de feijão-caupi (*vigna unguiculata* (L.) walp.) do acre**. 2017. 30 p. Monografia - Agronomia - Curso em Bacharelado em Engenharia Agronômica, Universidade Federal do Acre, 2017.

NASCIMENTO, S. S. do F.; SOUZA, do N. G.; SANTOS, B. dos V.; REIS, S. de O. S.; SOUZA, da S. C.; PETERS, P. L.; SILVA, K. de A. da B. Estimativa da diversidade de variedades tradicionais de feijão-caupi do Acre com marcadores SSR. **Scientia Naturalis**, v. 5, n. 1, p. 287-302, 2023.

NKHOMA, N.; SHIMELIS, H.; LAING, M. D.; SHAYANOWAKO, A.; MATHEW, I. Assessing the genetic diversity of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] germplasm collections using phenotypic traits and SNP markers. **BMC Genetics**, v. 21, n. 110, p. 1-16, set. 2020.

ONDER, M.; KAHRAMAN, A.; CEYHAN, E. Correlation and path analysis for yield and yield components in common bean genotypes (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ratarstvo i povrtarstvo**, v. 50, n. 2, p. 14-19, Jan. 2013.

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 Agronômico 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 Amazônica, Manaus, v. 45, n. 5, p. 243-254, 2015.

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.

OLIVEIRA, I. J. de; FONTES, J. R. A.; DIAS, M. C.; BARRETO, J. F. Recomendações técnicas para o cultivo de feijão-caupi no estado do Amazonas. **Circular Técnica**, n. 71. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental, 2019.

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. **Helijon**, Cambridge, v. 7, n. 9, p. 1-9, Sep. 2021.

PADI, F.; EHLERS, J. Effectiveness of Early Generation Selection in Cowpea for Grain Yield and Agronomic Characteristics in Semiarid West Africa. **Crop Science**, v. 48, p. 533-540, Mar. 2008.

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.

PESSOA, A. M. dos S.; BERTINI, Cândida H. C. de M.; CASTRO, É. B. de L.; FREITAS, L. M. de.; ARAÚJO, L. B. R.; Parâmetros genéticos e índices de seleção de genótipos de feijão-caupi para produção de grãos verdes. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 36, n. 2, p. 310 -319, abr. jun., 2023.

PEREIRA, H. S.; ALMEIDA, V. M. DE; MELO, L. C.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C. DE; PELOSO, M. J. D.; MAGALDI, M. C. DE S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude, **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 2, p. 165-172, 2012.

PEREIRA, H. S.; MOTA, A. P. S.; RODRIGUES, L. A.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C. Genetic diversity among common bean cultivars based on agronomic traits and molecular markers and application to recommendation of parent lines. **Euphytica**, v. 215, p. 1-16, 2019.

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.

PONTES JÚNIOR, V. A.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; DÍAZ, J. L. C.; BASSINELLO, P. Z.; WENDLAND, A.; PAIVA, B. A. R. Comparação de métodos de condução de populações segregantes para teor de fibra em feijoeiro-comum. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., 2011, Búzios.

**Anais...** Panorama atual e perspectivas do melhoramento de plantas no Brasil. Búzios: SBMP, 2011.

PÚBLIO JÚNIOR, E.; MORAIS, O. M.; ROCHA, M. de M.; PÚBLIO, A. P. B.; BANDEIRA, A. da S. Características agronômicas de genótipos de feijão-caupi cultivados no sudoeste da Bahia. Científica, Jaboticabal, v. 45, n. 3, p. 223-230, fev. 2017.

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.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.). Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.201-230.

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, 2012. 522p.

RAMALHO, M; ABREU, Â. F. B. OBTENÇÃO DE CULTIVARES. In: CARNEIRO, José Eustáquio; JÚNIOR, Trazilbo José de Paula; BÓREM, Aluízio. **Feijão: do plantio à colheita.** Viçosa, MG. Universidade Federal, 2015. p. 96-111

RANALLI, P.; RUARO, G.; R. E, P.; FAETI, V. Comparison of Early generation yield testing and a single seed descent procedure in two bean (*Phaseolus vulgaris* L.) crosses. **Journal of Genetics & Breeding**, v. 50, p. 103-108, 1996.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Comparação de métodos de condução de população segregantes na cultura do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p.1991-1997, 2000.

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1999. p.589-647.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística: no melhoramento de plantas perenes.** Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

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

RIBEIRO, V. Q. (Ed.). **Cultivo do feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp).** Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2002. 108 p. (Embrapa Meio-Norte. Sistemas de Produção, 2).

ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D.; FREIRE FILHO, F. R.; MENEZES JUNIOR, A. N., RIBEIRO, V. Q. Melhoramento genético do feijão-caupi no Brasil. In: JORNADA

TECNOLÓGICA INTERNACIONAL SOBRE EL FRIJOL CAUPI, 1., 2013, Monteria, Colômbia. **Memorias...** Montería, Colômbia: Universidade de Córdoba, 2013.

TEIXEIRA, P. C.; DONAGEMMA, G. K.; FONTANA, A. I.; TEIXEIRA, W. G. **Manual de métodos de análise de solo.** Embrapa Solos, 3 ed. Rio de Janeiro, RJ, 2017. 573 p.

ROCHA, M. de M.; SILVA, K. J. D. e; MENEZES JUNIOR, J. A. de. Importância econômica. In: BASTOS, E. A. (ed.). **Cultivo de feijão-caupi.** 2. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2017. Versão eletrônica. (Embrapa Meio-Norte. Sistema de produção, 2; Embrapa Amazônia Ocidental. Sistema de produção, 2; Embrapa Agrobiologia. Sistema de produção, 4).

ROCHA, H. G. da S.; CASTRO, H. de S.; FREITAS, J. R. B. Resposta de feijão-caupi à inoculação com estirpe de rizóbio. **Revista Mundi, Meio Ambiente e Agrárias**, v. 4, n. 2, p. 123-134, jul./dez. 2019.

SALGOTRA, R. K.; CHAUHAN, B. S.; Genetic Diversity, Conservation, and Utilization of Plant Genetic Resources. **Genes**. v. 14, p. 174. Jan. 2023.

ROY S.; ROY, M. M. **R Core Team R: a language and environment for statistical computing.** R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em:<<https://www.R-project.org/>> 2020.

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.

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.

SANTANA, S. R. A. de; SANTANA, J. T. da S.; MEDEIROS, J. É. de; COSTA, K. D. da S.; SILVA, J. W. da. BASTOS, G. Q.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; COSTA, A. F. da. Correlações em componentes de produção de feijão-caupi cultivado em ambiente de sequeiro na Zona da Mata Norte de Pernambuco. **Brazilian Journal of Development**, Curitiba, v. 8, n. 11, p. 73414-73425, nov. 2022.

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.

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

SANTOS, J. B. dos; VENCOVSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns

caracteres agronômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Prática**, Lavras, v. 10, n. 3, p. 265-272, set./dez. 1986.

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, H. G. dos; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H.C. dos; OLIVEIRA, V. A.; LUMBRERAS, J. F.; COELHO, M.R.; ALMEIDA, J. A.; CUNHA, T.J.F.; SANTOS, J. F.; GRANGEIRO, J. I.; CARDOSO, M. J.; BASTOS, E. A. Desempenho produtivo de cultivares de feijão-caupi no agreste paraibano. In: III CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI. **Resumo**. Recife: Instituto Agronômico de Pernambuco, 2013, 4 p.

SANTOS, D. P.; LIMA, L. K. S. Avaliação agronômica de variedades de feijão-caupi em cultivo de sequeiro no município de Coremas-PB. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, Pombal, PB, v. 10, n.1, p. 218-222, jan./mar. 2015.

SANTOS, S. P. dos; ARAÚJO, M. dos S.\*; ARAGÃO, W. F. L. de; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. de M. Genetic analysis of yield component traits in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 24, n. 1, p. 1-8, nov. 2024.

SILVA, G.; MELO, P.; MELO, L.; BASSINELLO, P.; PELOSO, M.; FARIA, L. Eficiência de métodos para condução de populações segregantes no melhoramento de feijão comum para qualidade de proteína. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 149-154, 2008.

SILVA, A. C. F.; PATRÍCIA MELO, G. S.; MELO, L. C.; BASSINELLO, P. Z.; PEREIRA, H. S. Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progêneres de feijoeiro comum. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 4, p. 326-331, nov., 2013.

SILVA, G.; MELO, P.; MELO, L.; BASSINELLO, P.; PELOSO, M.; FARIA, L. Efficiency of methods for conducting segregating populations in the breeding of common beans for protein quality. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, n. 2, p. 149-154, June. 2008.

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, A. C. F.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; BASSINELLO, P. Z.; PEREIRA, H. S. Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progêneres de feijoeiro comum. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 4, p. 326-331, nov. 2013.

SILVA FILHO, A. J. R.; ANTONIO, R. P.; SILVA, P. S. L.; SILVEIRA, L. M.; ALBURQUERQUE, L. B. Avaliação morfológica e agronômica de sementes de

acessos de caupi coletados no Rio Grande do Norte. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 9, n. 4, p. 102-106, 2013.

SILVA, M. B. de O.; CARVALHO, A. J. de; ROCHA, M. de M.; BATISTA, P. S. C.; SANTOS JÚNIOR, P. V.; OLIVEIRA, S. M. Desempenho agronômico de genótipos de feijão-caupi. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 41, n. 4, p. 1059-1066, 2018.

SILVA, J. A.; COSTA, A. F.; BENKO-ISEPPON, A. M.; GUIMARÃES, L. M. P.; HUGGINS DE SÁ LEITÃO, D. A.; NICOLI, A. Inheritance of cowpea resistance to Cowpea aphid-borne mosaic virus. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 56, p. 1-4, Dec. 2021.

SILVA, V. M.; NARDELI, A. J.; MENDES, N. A. de C.; ROCHA, M. de M.; WILSON, L.; YOUNG, S. D.; BROADLEY, M. R.; WHITE, P. J.; Reis, A. R. dos. Agronomic biofortification of cowpea with zinc: Variation in primary metabolism responses and grain nutritional quality among 29 diverse genotypes. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 162, p. 378-387, May. 2021.

SILVA, S. A. DE ARAÚJO e; SANTOS, V. B. dos. SELEÇÃO COMBINADA EM PROGÊNIES DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE FEIJÃO-CAUPI NO ACRE.. In: **Anais III** Curso de Verão em Genética da Universidade Federal de Goiás. Anais...Goiânia (GO) Universidade Federal de Goiás, 2020. Disponível em: <https://www.even3.com.br/anais/cvgufg3/237944-SELECAO-COMBINADA-EM-PROGENIES-DE-VARIEDADES-TRADICIONAIS-DE-FEIJAO-CAUPI-NO-ACRE.> Acesso em: 13/04/2025.

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 Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 3, p. 702-713, jul./set. 2011.

SINGH, B. D. **Plant breeding**: principles and methods. New Delhi: Kalyani Publishers, 2001.

SINGH, B. B.; EHLERS, J. D.; SHARMA, B.; FREIRE FILHO, F. R. Recent progress in cowpea breeding. In: FATOKUN, C. A.; TARAWALI, S. A.; SINGH, B. B.; KORMAWA, P. M.; TAMÒ, M. (Ed.). Challenges and opportunities for enhancing sustainable cowpea production. Ibadan: International Institute of Tropical Agriculture (IITA), 2002. p. 22-40.

SIVIERO, A.; SANTOS, V. B. dos; dos SANTOS, R. C.; 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. Ed. IFAC, 336 p. Rio Branco, 2017.

SOUSA, S. M. S. de. **Variabilidade morfoagronômica de variedades tradicionais de feijão-caupi do acre**. 2016. 69 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Federal do Acre, 2016.

SOUZA, P. J. O. P.; FARIAS, V. D. S.; LIMA, M. J. A.; RAMOS, T. F.; SOUSA, A. M. L. Cowpea leaf area, biomass production and productivity under different water regimes in Castanhal, Pará, Brazil. **Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 748-759, 2017.

SOBRAL, P. V. C.; ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D.; FREIRE FILHO, F. R.; BARROS, F. R.; RODRIGUES, E. V. **Divergência genética entre acessos e cultivares de feijão-caupi com base em descritores quantitativos.** In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 2., 2009, Belém, PA. Da agricultura de subsistência ao agronegócio: anais. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, p. 496-501, 2009.

SOUZA, V. S.; ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D.; OLIVEIRA, M. B.; LACERDA, M. L.; CARVALHO, A. J. Número de dias para o início do florescimento de linhagens de feijão-caupi de porte ereto e semiereto no Norte de Minas Gerais. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI. 4. 2013, Recife, PE. **Resumo...** Recife: Instituto Agronômico de Pernambuco, 2013.

SOUZA, R. R.; OLIVEIRA, D. G.; ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D.; SOUSA, J. L. M.; COSTA, M. M. Variabilidade genética e potencial agronômico de genótipos de feijão caupi de porte semiereto/ereto no município de Teresina, PI. In: III CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI. **Resumo.** Recife: Instituto Agronômico de Pernambuco, 2013. 5p

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

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.

STURGES, H. A. The choice of a class interval. **Journal of the american statistical association**, New York, v. 21, n. 153, p. 65–66, 1926.

SNEATH, P. H., SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification.** San Francisco: W. H. Freeman, 1973. 573 p.

SUSMITHA, T.; SEENIVASAN, N.; NAGARAJU, K.; SAIDAIYAH, P.; PANDRAVADA, S. R. Correlation and path analysis studies in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] genotypes. **The Pharma Innovation Journal**, v. 12, n. 2, p. 957-962, 2023.

TAIZ, L.; ZEIGER, E.; MØLLER, I. M.; MURPHY, A. **Fisiologia e desenvolvimento vegetal.** 6. ed. Porto Alegre: Artmed. 2017. 888 p.

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.

TSEHAYE, A.; FIKRE, A.; BANTAYHU, M. Genetic variability and association analysis of Desi-type chickpea (*Cicer arietinum* L.) advanced lines under potential environment in North Gondar, Ethiopia. **Cogent Food and Agriculture**, v. 6, p. 45–68, 2020.

TORRES, M. H. R. M.; SOUSA, C. C. de; SILVA, J. D. L. da; PIRES, C. de J.; SOUSA, M. B.; SILVA, K. J. D. e; ROCHA, M. de M. Análise de componentes principais entre os caracteres quantitativos de linhagens de feijão-caupi subclasse comercial fradinho. In: III CONGRESSO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2012, Belém. **Anais...Belém**, 2012.

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

URREA, C. A.; SINGH, S. P. Comparison of mass, F2-derived family, and single-seed-descent selection method in an interracial population of common bean. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 74, p. 461- 464, 1994.

ZANDALINAS S. I.; MITTLER R.; BALFAGÓN D.; ARBONA V.; GÓMEZCADENAS A. Plant adaptations to the combination of drought and high temperatures. **Physiologia Plantarum**, v.162, p. 2-12, 2018.