

POTENCIAL DE LINHAGENS DE FEIJÃO DE VAGEM NO SUL
CAPIXABA VIA ENSAIO DE VCU

MÁRIO EUCLIDES PECHARA DA COSTA JAEGGI

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
ABRIL – 2021

POTENCIAL DE LINHAGENS DE FEIJÃO DE VAGEM NO SUL
CAPIXABA VIA ENSAIO DE VCU

MÁRIO EUCLIDES PECHARA DA COSTA JAEGGI

Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutorado em Produção Vegetal

Orientador: Prof. Geraldo de Amaral Gravina

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
ABRIL – 2021

POTENCIAL DE LINHAGENS DE FEIJÃO DE VAGEM NO SUL
CAPIXABA VIA ENSAIO DE VCU

MÁRIO EUCLIDES PECHARA DA COSTA JAEGGI

Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutorado em Produção Vegetal

Aprovada em 01 de abril de 2021

Comissão Examinadora



Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF



Prof. Wallace Luís de Lima (D.Sc., Agronomia) – IFES



Prof. Fábio Cunha Coelho (D.Sc., Fitotecnia) – UENF



Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) – UENF
(Orientador)

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

J22

Jaeggi, Mário Euclides Pechara da Costa.

Potencial de linhagens de feijão de vagem no Sul Capixaba via ensaio de VCU / Mário Euclides Pechara da Costa Jaeggi. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

57 f.

Bibliografia: 36 - 46.

Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2021.

Orientador: Geraldo de Amaral Gravina.

1. *Phaseolus vulgaris* L.. 2. Produtividade . 3. Feijoeiro . 4. Material genético . 5. Fitomelhoramento. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 630

A Deus.

Aos meus pais...

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus em primeiro lugar, pois tudo que guardei em minhas mãos eu perdi, mas tudo que coloquei em Suas mãos, eu ainda possuo;

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, pela oportunidade de realizar o curso;

À minha linda família que sempre torceu por mim, o verdadeiro motivo do meu sucesso. A minha esposa Vanuza de Brito Martins e filha Mirelly Martins e aos meus pais Farati Pechara Jaeggi e Maria de Fátima da Costa Jaeggi;

Ao meu orientador Prof. Geraldo de Amaral Gravina por aceitar me orientar, pelo apoio, paciência, amizade e dedicação;

Ao coorientador Prof. Wallace Luis de Lima, pela orientação durante os meses de desenvolvimento do projeto no Instituto Federal do Espírito Santo;

A Israel Martins Pereira, por toda paciência e ajuda na elaboração do projeto e auxílio em todas as vezes que precisei coletar dados;

Aos meus cachorros Spike e Chitara pela companhia em todos os momentos passados;

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior-Brasil (CAPES), pela concessão da bolsa.

SUMÁRIO

RESUMO	v
ABSTRACT	vii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 Importância do feijão de vagem.....	4
2.2 Classificação botânica do feijão de vagem.....	5
2.3 Melhoramento genético do feijão de vagem.....	6
2.4 Avaliação do potencial produtivo das linhagens superiores	8
2.5 Precisão experimental e os ensaios de valor de cultivo e uso (VCU).....	9
3. MATERIAIS E MÉTODOS	11
3.1 Local do experimento	11
3.2 Material vegetal utilizado	11
3.3 Condução e manejo experimental	12
3.4 Delineamento experimental	13
3.5 Caracteres avaliados	14
3.6 Análises estatística	14
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	19
5. RESUMO E CONCLUSÕES	36
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	37

RESUMO

JAEGGI, Mário Euclides Pechara da Costa; D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Abril de 2021. Desempenho agrônômico de linhagem de feijão de vagem no Sul do Espírito Santo-ES. Orientador: Prof. Geraldo de Amaral Gravina.

Os objetivos deste trabalho foram avaliar o desempenho agrônômico, estimar parâmetros genéticos e as associações entre caracteres morfoagronômicos de feijão de vagem para a região Sul Capixaba. Foram utilizadas 10 linhagens de feijão de vagem promissoras do Programa de Melhoramento de plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e três cultivares testemunhas. O experimento foi instalado no campo, no delineamento de blocos ao acaso, com 13 genótipos de feijão de vagem e 4 repetições, nos anos de 2018 e 2019. Os caracteres agrônômicos avaliados foram: comprimento de vagem (COMPV); largura de vagem (LARGV); espessura de vagem (ESPV); número de grãos por vagem (NGV); produtividade de vagens (PRODV); número de vagens por planta (NVP) e peso de cem grãos (PSEM). Verifica-se que as variáveis utilizadas obtiveram coeficiente de determinação genótipo (R^2) confiáveis para os caracteres COMPV e NSV com valores de 87 e 88%. Pelo teste de médias da análise conjunta foi observado boa produtividade, destacando o genótipo 4 (UENF Goytacá') com maior produção. As variáveis explicaram 85% da variação da produção de vagens (R^2). A alta herdabilidade

estimada é um indicativo de possibilidades de elevados ganhos genéticos na seleção. Pela análise de trilha, apenas um caractere, (NVP) (0, 70), mostrou efeito direto na produção. Constata-se, portanto, que, apesar de a maioria dos caracteres apresentar altas estimativas de correlação, essas ocorreram por efeitos indiretos de outros caracteres. Portanto, para seleção direta, a característica NVP se torna eficiente para o aumento da produção de vagens. Vale salientar que Comprimento de vagens e número de sementes por vagens apresentaram maiores herdabilidades. A alta herdabilidade estimada é um indicativo de possibilidades de elevados ganhos genéticos na seleção.

ABSTRACT

JAEGGI, Mário Euclides Pechara da Costa; D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. April, 2021. Agronomic performance of beverage line in the south of Espírito Santo-ES. Advisor: Prof. Geraldo de Amaral Gravina.

The objective of this work was to analyze genetic parameters and trace analysis in morpho-agronomic traits of bean pod genotypes south of Capixaba. Ten promising strains of pigeon pea from the Universidade Estadual do Norte Darcy Ribeiro Plant Improvement Program and three control cultivars were used. The experiment was installed in the field, in a random block design, with 13 cowpea genotypes and 4 replicates, in the years 2018 and 2019. The agronomic traits evaluated were: pod length (COMPV); sheath width (LARGV); sheath thickness (ESPV); number of grains per pod (NGV); pod productivity (PRODV); number of pods per plant (NVP) and weight of seed per pod (PSV). It seems that the variables used obtained a reliable genotyping coefficient (R^2) for the COMPV and NSV characters with values of 87 and 88%. Through the means test of the joint analysis, it was noted that the effects of the environment in 2019 provided most of the strains with good productivity, highlighting genotype 4 (UENF Goytacá) with the highest production. The variables explained 85% of the variation in pod production (R^2). The high estimated heritability is indicative of the chances of high genetic gains in selection. Based on track analysis, only one character, (NVP) (0,

70), showed a direct effect on production. So, it seems that although most characters have high correlation estimates, these occurred due to indirect effects from other characters. Hence, for direct selection, NVP characteristics become efficient to increase pod production. It should be noted that the length of the pod and the number of seeds per pod showed greater heritability. The high estimated heritability is indicative of the chances of high genetic gains in selection.

1. INTRODUÇÃO

O feijão de vagem (*P. vulgaris*) ocupa o décimo lugar entre as hortaliças mais consumidas fresca em todo território nacional, segundo dados de pesquisa a produção foi de 56 Mil Toneladas (FAO, 2013). Porém, a produção de feijão de vagem em escala mundial na safra 2017 foi de 24,2 Milhões de Toneladas produzidos em 1,6 milhão de hectares (FAOSTAT, 2018). Os cultivos de feijão de vagem são realizados em vários países como Brasil, Estados Unidos, Canadá, Etiópia, China e Turquia totalizando 28 milhões de hectares (EX et al., 2016). Apesar de seu consumo imaturo, verde, fresco ele apresenta valor nutritivo no qual são encontrados altos teores de cálcio, ferro, fósforo, vitaminas A e as do complexo B e carboidratos (VENZON et al., 2007; FILGUEIRA, 2013; BORÉM et al., 2015).

Segundo Peixoto & Cardoso (2016), as vagens são semelhantes aos do feijão comum, porém se divergem pelo tamanho que normalmente são maiores e pelos baixos teores de fibras por serem consumidas imaturas, macias e suculentas, além disso, elas apresentam dupla aptidão. Quando secam, torna que as sementes sejam utilizadas na culinária como grãos para serem cozidos e consumidos. Em virtude disso, as vagens são ricas em vitaminas, minerais e antioxidantes (ABU-REIDAH et al., 2013; KÁRAS et al., 2014; SELAN et al., 2014; ZARGAR et al., 2017).

Na agricultura familiar a produção de feijão de vagem no Estado do Espírito Santo tende a crescer de acordo com a demanda de alimento no estado,

porém existe uma carência dos órgãos governamentais de incentivo e investimento aos produtores rurais que são basicamente os responsáveis pela economia do estado, a forma de ajuda seria a introdução de cultivares melhoradas e tolerantes a diversos fatores bióticos e abióticos por meio de parcerias com as Universidades e órgãos de pesquisa. No Espírito Santo, o quantitativo produzido, geral, para hortaliças considerando produtos levados ao mercado no ano de 2019, foi de mais de 496 toneladas, sem contar os que são produzidos nas comunidades e ficam comercializados entre a população local (CEASA/ES, 2020). Em virtude disso, no mesmo ano a produção de vagem nas terras Capixabas foi de 2,06 toneladas produzidas em 129 hectares. O município de Alegre contribuiu diretamente com o setor agropecuário cerca de 8,02% no ano recorrente (INCAPER,2019).

A maioria das regiões do Brasil possui boa adaptação para a espécie *Phaseolus vulgaris L.*, no qual seu potencial produtivo pode ser afetado pelos fatores ambientais locais, podendo apresentar produções distintas ao variar o local de plantio (PEREIRA et al., 2009; PEREIRA et al., 2009a; DOMINGUES et al., 2013; CORRÊA et al., 2016. Segundo BORÉM e MIRANDA, (2009). BERTOLDO et al. (2009) explicam que esta variação pode ser identificada devido à interação genótipo x ambiente, sendo que irá dificultar o programa de melhoramento em selecionar cultivares, portanto estuda-se a o valor de cultivo e uso (VCU).

Por exigências do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares - SNPC, do Ministério da Agricultura e Abastecimento, as empresas obtentoras devem anualmente registrar e gerir ensaios com intenção para fins de determinação do Valor de Cultivo e Uso - VCU, em que devem ser integradas cultivares comerciais já registradas e protegidas e, as linhagens que o pesquisador acredita que possuem potencialidades para comercialização futura (BRASIL 2006).

A avaliação final das linhagens pode ser testada em rede nacional, desde que estabeleça parcerias, por meio dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), que acatam aos Requisitos Mínimos para Determinação do Valor de Cultivo e Uso de feijão de vagem, para inscrição no Registro Nacional de Cultivares. Os VCU's proporcionam o lançamento de novas cultivares. Nos ensaios de VCU, os genótipos são submetidos a diversas condições ambientais, que possibilitam a avaliação de diversas características de interesse (EMBRAPA, 2012). Os

objetivos deste trabalho foram avaliar o desempenho agronômico, estimar parâmetros genéticos e as associações entre caracteres morfoagronômicos de feijão de vagem para a região Sul Capixaba.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importância do feijão de vagem

O feijão de vagem é uma boa alternativa para ser utilizada no período de entressafra de outras olerícolas, tanto em ambientes protegidos como em condição de campo, pois, além de aproveitar estruturas de tutoramento e a adubação residual de culturas anteriores, como, por exemplo, o tomate, serve para quebrar o ciclo de algumas doenças, constituindo uma boa alternativa para diversificação da produção (SANTOS et al., 2012).

Embora algumas instituições brasileiras tenham desenvolvido, ao longo dos anos, trabalhos com feijão de vagem, essa cultura ainda necessita de ações de pesquisa, principalmente para incrementar sua produção, qualidade das vagens e resistência a estresses bióticos e abióticos (ABREU et al., 2004). No Brasil, tradicionalmente, pouca atenção tem sido dedicada ao melhoramento do feijão de vagem. Em geral, os agricultores têm sido os principais responsáveis pela seleção e manutenção de cultivares. Essas populações locais são, frequentemente, mantidas por eles mesmos e ou produzidas comercialmente por companhias de sementes (MALUF, 1994). Entretanto, o principal veículo de liberação de novas cultivares de feijão de vagem, no país, são as empresas privadas de produção de sementes, porém muitas dessas cultivares são importadas (RODRIGUES, 1997), o que encarece o custo das sementes.

2.2 Classificação botânica do feijão de vagem

O feijoeiro comum é classificado botanicamente pertencendo a ordem Rosales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, tribo Phaseoleae, gênero *Phaseolus* e espécie *Phaseolus vulgaris* L. (VILHORDO, 1996). Sua origem ainda é motivo de discussão, informações mais recentes, baseadas em padrões eletroforéticos de faseolina, que é a principal proteína de reserva do feijoeiro, sugerem a existência de três centros primários de diversidade: o mesoamericano, compreendendo a faixa entre o sudeste dos Estados Unidos e o Panamá; o sul dos Andes, que se estende do norte do Peru até o noroeste da Argentina; e o norte dos Andes, abrangendo a Colômbia e Venezuela até o norte do Peru (ZIMMERMANN; TEIXEIRA, 1996).

O número exato de exemplares de *Phaseolus* ainda é desconhecido. Segundo pesquisas do gênero, indicam um número que pode variar de 31 a 52 espécies, todas originárias do Continente Americano, sendo que somente cinco são cultivadas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray e *P. polyanthus* Greeman (DEBOUCK, 1991).

A subfamília Papilionoideae compreende, aproximadamente, 600 espécies que ocupam regiões de savana e cerrado (POLHILL 1981; CUCO et al., 2003), sendo a maior entre as leguminosas. Apresentam folhas trifolioladas, flores zigomorfas, pentâmeras, diclamídeas, hermafroditas, gamossépalas, dialipétalas, estames livres em número de dez ou nove soldados e um livre. Os frutos em geral são do tipo legume deiscente e raramente indeiscente.

A origem evolutiva do gênero *Phaseolus* e sua diversificação primária ocorreram nas Américas (VAVILOV, 1931), mas o local exato onde isto se deu é ainda motivo de controvérsia (GEPTS & DEBOUCK, 1991). Populações silvestres de feijão crescem, atualmente, desde o Norte do México até o Norte da Argentina, em altitudes entre 500 e 2.000 m, e não são encontradas naturalmente no Brasil (DEBOUCK, 1986).

O feijão de vagem assim como o feijão comum é uma espécie predominantemente autógama, domesticada há mais de sete mil anos em dois centros de origem: a Mesoamérica (México e América Central) e a Região Andina (KAPLAN, 1981). A espécie (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma planta anual diploide

($2n = 2x = 22$), originária das Américas, considerado como espécie não Cêntrica, com centros de domesticação independentes (HARLAN, 1971; 1975).

Segundo Castellane e Carvalho (1988), citados por Araújo (2011) apresentando caule volúvel, folhas trifolioladas, raízes superficiais e vagens alongadas.

Grande parte das características que distinguem o feijão de vagem do feijão comum está relacionada à ocorrência de mutações em locos que controlam características de qualidade das vagens, que foram selecionadas e recombinadas em hibridações na Europa e nos Estados Unidos há mais de 150 anos e, possivelmente, também na China (MARIGUELE, 2008).

O feijão de vagem é uma fabácea anual, herbácea, podendo apresentar dois hábitos de crescimento: o indeterminado, e o determinado. Porém, o ciclo fisiológico é de 120 dias para indeterminado e de 80 dias para o determinado (PEIXOTO & CARDOSO, 2016). Os frutos são vagens que apresentam polpa espessada e formato afilado, dentro das quais se desenvolvem as sementes. Neste caso, esta planta se destina ao consumo do fruto e semente, ou seja, das vagens (FILGUEIRA, 2000).

2.3 Melhoramento genético do feijão de vagem

Os programas de melhoramento genético da cultura de feijão de vagem foram conduzidos, sobretudo, a fim de desenvolver cultivares superiores para características como: resistência a patógenos e ao acamamento; teor de fibra e coloração da vagem (ACOSTA-GALLEGOS et al., 2007). Entretanto, pesquisas objetivando o incremento da produção fulcro à adaptação ao ambiente de cultivo, ainda são incipientes. No que tange ao melhoramento do feijão de vagem no Brasil, os agricultores têm sido os principais responsáveis pela seleção e manutenção de cultivares, realizando melhoramento de forma empírica. Já as cultivares disponíveis comercialmente são veiculadas por companhias de sementes, em geral, oriundas de programa de melhoramento fora do país, elevando o custo e restringindo o acesso à produção (RODRIGUES 1997; MALUF et al., 2002). O Programa de Melhoramento da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desempenhando um importante papel no desenvolvimento e seleção de genótipos adaptados às condições ambientais,

visando às regiões Norte e Noroeste Fluminense, além da contribuição com informações acadêmicas, para o avanço da cultura, e técnicas perspectivando maior competitividade de mercado aos agricultores.

Os estudos de divergência genética têm trazido benefícios de grande importância para os programas de melhoramento, pelo fornecimento de informações que permitiram a identificação de genitores por intermédio de parâmetros que possibilitam grande efeito heterótico na progênie, e maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas progênies (SILVA et al., 2008).

Outra vertente do melhoramento dessa cultura trata-se da qualidade nutricional dos frutos. As pesquisas, com esse intento, visam o aumento do teor de vitaminas e sais minerais e a redução do teor de fibras (SEBASTIÁ et al., 2001; LONDERO et al., 2006; RIBEIRO et al., 2010). Mesmo para a característica de qualidade mais investigada na cultura – teor de fibra nas vagens – ainda há carência de pesquisas (LONDERO et al., 2008).

A obtenção de informações a respeito do controle genético dos caracteres, auxilia os melhoristas na tomada de decisão sobre o procedimento de melhoramento mais adequado a ser adotado, para a obtenção dos mais efetivos ganhos por seleção. Não por acaso, o sucesso na implementação de programas de melhoramento com feijão de vagem é dependente do conhecimento dos efeitos gênicos de características da planta e da vagem e, não menos importante, da resistência a doenças e pragas (PEIXOTO et al., 2002; CRUZ et al., 2005).

Para a estimação dos efeitos gênicos, a análise de médias e variâncias a partir de ensaios com gerações – comumente envolvendo os progenitores, as gerações F_1 , F_2 e retrocruzamentos – permite identificar, na fração genética, quais as proporções atribuídas aos efeitos aditivos, dominantes e epistáticos, que são de primordial importância com o procedimento de melhoramento a ser adotado (Cruz et al., 2005).

A análise de gerações se baseia nas relações genéticas entre médias de famílias relativas aos progenitores, F_1 , F_2 e RC1 ($P_1 \times F_1$) e RC2 ($P_2 \times F_1$) e permite avaliar a adequabilidade do modelo aditivo-dominante a um determinado caráter (RAMALHO ET AL., 1993; BERNARDO E BOHN, 2007). É comumente utilizada em estudos de herança de características quantitativas. Essa análise fornece informações sobre a importância relativa de efeitos médios dos genes

(efeitos aditivos), desvios, dominância e efeitos devido às interações gênicas, na determinação de valores genotípicos dos indivíduos e, conseqüentemente, os valores médios das famílias e genotípicas gerações (VIANA, 2000).

Diversos trabalhos são reportados na literatura referentes ao estudo do modo de herança de caracteres agrônômicos do feijão comum; por outro lado, para a cultura do feijão de vagem, os registros encontrados são escassos (MARIGUELE et al., 2008).

Mariguele et al. (2008) avaliaram duas populações segregantes (F_2 e $F_{2:3}$) e as linhagens parentais (cultivar de feijão de vagem Conquista Rasteiro e cultivar de feijão comum H126), objetivando conhecer os tipos de ações gênicas responsáveis pela expressão genética de alguns caracteres da qualidade da vagem. Os caracteres avaliados foram: comprimento da vagem, largura entre as suturas, largura das valvas, formato da vagem e teor de fibra da vagem. Os efeitos não-aditivos destacaram-se como os mais importantes na expressão de todas as características avaliadas.

2.4 Avaliação do potencial produtivo das linhagens superiores

Em trabalhos conduzidos por Francelino (2009), observou-se a interação entre genótipo e ambiente composto por 30 linhagens selecionadas e duas localidades, sendo esses Campos dos Goytacazes e Bom Jesus do Itabapoana.

O município de Campos dos Goytacazes, situado ao Norte do Rio de Janeiro, encontra-se na $21^{\circ}45'$ de latitude sul e $41^{\circ}20'$ de longitude oeste, com altitude de 11 m, clima Aw com precipitação anual de 1023 mm e temperatura média anual de 23°C . Já, Bom Jesus do Itabapoana, a Noroeste do Rio de Janeiro configura-se a $21^{\circ}08'$ de latitude sul e $41^{\circ}40''$ de longitude oeste, com altitude de 88 m, clima 14 Aw, temperatura média anual de $23,6^{\circ}\text{C}$ e precipitação média anual de 1101 mm (CLIMATE-DATA, 2019).

Os experimentos instalados nas estações experimentais em ambos os municípios seguiram o delineamento em blocos casualizados com duas repetições, sendo cada repetição constituída por uma linha de 12 plantas, sendo 10 plantas avaliadas individualmente por linha.

Foram estudadas as 30 linhagens selecionadas por Vilela (2008) e contrastadas com as testemunhas Topseed blue line, Feltrin e UENF 1445.

Observaram-se as características relacionadas à produtividade e os aspectos morfológicos da vagem e a interação genótipo x ambiente.

As estimativas dos parâmetros genéticos estudados em conjunto com as análises de variância, possibilitaram concluir que o controle genético das variáveis avaliadas foi pouco influenciado pelo ambiente, devido à baixa variação ambiental.

2.5 Precisão experimental e os ensaios de valor de cultivo e uso (VCU)

O Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) realizou normas e protocolos para o registro de novas cultivares no país por meio da Lei de Proteção de Cultivares (Lei no 9.456/97), obtendo a necessidade de padronizar os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) para registro das novas cultivares de feijão junto ao Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC). As normas do VCU de feijão recomendam que os ensaios devem ser implantados em pelo menos três locais, no período de safras representativas de cada região, e durante dois anos (BRASIL 2007). Um primeiro questionamento é se essa quantidade de ambientes seria o ideal para se obter uma boa inferência estatística na predição real sobre os valores genéticos e estimar quantas repetições seriam adequadas para uma seleção mais segura das novas cultivares.

Para tentar descobrir o efeito da interação entre linhagens x ambientes a alternativa essencial é implantar ensaios de avaliação de linhagens na maior quantidade de ambientes. Desse modo, é possível diferenciar quais as linhagens mais adaptadas, com médias superiores e mais estáveis, isto é, que apresentem sempre desempenho acima da média. Inúmeros trabalhos já foram realizados visando identificar linhagens/cultivares que sejam mais adaptadas e estáveis (PEREIRA et al. 2009, ROCHA et al. 2010, BARILI et al. 2015, AZEVEDO et al. 2015).

Quanto à verificação da precisão e da qualidade experimental desses experimentos agrícolas, alguns parâmetros estatísticos têm sido indicados. O principal parâmetro empregado é o coeficiente de variação experimental (C_{Ve}), que deve estar em nível aceitável para a espécie e para o caráter avaliado, entretanto, tem sido questionado por não levar em consideração a cultura

estudada e, principalmente, o caráter considerado (Ramalho et al. 2000). Todavia, de acordo com Resende (2007) e Cargnelutti Filho e Storck (2007), o coeficiente de variação acima de 20% e um número menor que três repetições são inadequadas para certificar sobre a qualidade de ensaios cujo propósito é informar o valor de cultivo e uso (VCU) dos genótipos.

Além da utilização do coeficiente de variação outros parâmetros relacionados à precisão experimental são propostos. Parâmetros esses que consideram também, o número de repetições utilizadas na experimentação, além da variação de natureza residual e do valor do teste F, deste modo, são mais adequados para este fim, devendo ser empregados para inferir sobre a acurácia seletiva e a precisão em ensaios de VCU (RESENDE 2002, CARGNELUTTI FILHO AND STORCK 2007, PEREIRA ET AL. 2013).

Trabalhos relacionados ao estabelecimento de valores críticos de CVe para controle de qualidade de ensaios e novos critérios ou métodos de classificar a precisão de experimentos, com base nos CV de conjunto de ensaios semelhantes, têm sido desenvolvidos com diversas culturas, tipos de experimentos e caracteres (CLEMENTE e MUNIZ 2002, COSTA et al. 2002, CARVALHO et al. 2003, RESENDE 2002, 2007, CARGNELUTTI FILHO e STORCK 2007).

Esses ensaios de competição de cultivares requerem o cuidado de manutenção das condições experimentais do modo mais homogêneo possível, sendo a redução do erro experimental um objetivo comum de todos os pesquisadores, visando melhorar a precisão experimental e, por consequência, obter estimativas mais precisas da média ou de outros parâmetros (RAMALHO et al. 2000).

3. MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Local do experimento

Foram realizados dois experimentos em réplica nos anos de 2018 e 2019 a campo na Unidade experimental de olericultura do IFES – Campus de Alegre, localizado em Rive, distrito do município de Alegre, ES. O Campus está localizado na latitude 20°45' Sul, longitude 41°27' Oeste e altitude de 134 m. Segundo a classificação de Köppen, o clima da região é do tipo “Aw”, inverno seco e verão chuvoso, com temperatura anual média de 23°C e precipitação anual em torno de 1.200 mm (Köppen, 1936). O experimento de 2018 ocorreu no período de agosto a outubro, enquanto, o experimento de 2019 ocorreu no período de maio a agosto.

3.2 Material vegetal utilizado

Os materiais genéticos utilizados foram 10 linhagens de feijão de vagem promissoras do Programa de Melhoramento de plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e três cultivares testemunhas para fins de comparação (Tabela 1).

Tabela 1. Cultivares e Linhagens de feijão de vagem utilizadas no experimento

Código	Linhagens	Identificação UENF
1	L3	Top Seed Blue Line
2	L4	UENF 7-3-1
3	L5	UENF 7-4-1
4	L7	'UENF Goytacá'
5	L9	UENF 7-9-1
6	L10	'UENF Parapoana'
7	L11	UENF 7-12-1
8	L12	UENF 7-14-1
9	L13	UENF 7-20-1
10	L18	UENF 9-24-2
11	L21	UENF 14-4-3
12	L22	UENF 14-6-3
13	L31	UENF 14-23-4

Fonte: autor (2020).

3.3 Condução e manejo experimental

O preparo do solo foi pelo método convencional, fazendo-se uma aração e gradagem de maneira a proporcionar um solo sem torrão, facilitando, desta forma a abertura das covas propiciando maior germinação das sementes. Ao realizar o preparo do solo, foi instalada a irrigação pelo método de aspersão. As irrigações foram de acordo com a necessidade da cultura na área total do plantio.

Foram coletadas 20 amostras simples aleatoriamente e após coletadas foram inseridas em um recipiente de plástico e formada apenas uma composta em uma profundidade de 0-20 cm e enviadas para o laboratório de análise de química de fertilização de solo (LABOMINAS). Os resultados foram para 2018: M.O = 1,6 dag/dm³; pH em H₂O = 6,4; P = 212,1 mg dm⁻³; K = 190 mg dm⁻³; Ca = 4,5 cmol_c dm⁻³; Mg = 1,0 cmol_c dm⁻³; Al = 0,00 cmol_c dm⁻³; H+Al = 1,30 cmol_c dm⁻³; CTC (T) = 7,39 cmol_c dm⁻³; SB = 6,09 cmol_c dm⁻³; V = 82%; P-rem = 35,3 mg/L; S = 13 mg/dm³; Fe = 160 mg/dm³; Cu = 1,6 mg/dm³; Zn = 8,2 mg/dm³; Mn = 105,5 mg/dm³; B = 0,80 mg/dm³. E para 2019: M.O = 1,6 dag/dm³; pH em H₂O =

6,6; P = 345,7 mg dm⁻³; K = 172 mg dm⁻³; Ca = 4,2 cmol_c dm⁻³; Mg = 1,0 cmol_c dm⁻³; Al = 0,00 cmol_c dm⁻³; H+Al = 1,50 cmol_c dm⁻³; CTC (T) = 7,14 cmol_c dm⁻³; SB = 5,64 cmol_c dm⁻³; V = 79%; P-rem = 35,3 mg/L; S = 10 mg/dm³; Fe = 295 mg/dm³; Cu = 6,8 mg/dm³; Zn = 13,8 mg/dm³; Mn = 111,6 mg/dm³; B = 0,90 mg/dm³. A análise química foi completa contendo resultado de macronutrientes e micronutrientes com os devidos teores de nutrientes, posteriormente realizou-se a interpretação do resultado e a recomendação de acordo com a demanda da cultura do feijoeiro pelo manual de recomendações de fertilizantes e corretivos do estado do Espírito Santo (Prezotti et al, 2013).

De acordo com o manual de recomendações do estado do Espírito Santo (Prezotti 2013), não houve necessidade de adubação na semeadura, pois a fertilidade do solo estava dentro do nível ideal para a cultura do feijoeiro. Não foi realizada aplicação de calcário, pois as amostras apresentaram boas saturações de bases e boa relação cálcio e magnésio em ambos os casos. Levando em consideração as exigências da cultura de feijão de vagem.

Realizou-se semeadura direta com uma matraca manual colocando-se três sementes por cova em um espaçamento de 1,0 x 0,50 m. Aos quinze dias após a emergência das plântulas, quando elas emitiram o primeiro par de folhas, foi feito o desbaste deixando apenas uma plântula por cova para desenvolvimento para ser tutorada com bambu. O tutoramento foi feito com bambu e arame no sistema de vara cruzada, sendo os esteios com 2,5 (m) de altura e os bambus com 3 (m). Durante a condução do experimento, foram realizados os tratos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura, segundo Filgueira (2013).

3.4 Delineamento experimental

O experimento foi instalado no delineamento em blocos ao acaso, sendo constituído de 13 genótipos de feijão de vagem de crescimento indeterminado e 4 repetições. O experimento foi realizado em 2018 e repetido em 2019. Utilizou-se uma linhagem como bordadura geral para cada bloco, sendo as primeiras plantas de cada extremidade como quebra-vento ao redor do experimento. A área útil experimental foi constituída de 12 plantas.

3.5 Caracteres avaliados

Os caracteres agrônômicos avaliados foram: comprimento de vagem (COMPV) expresso em (cm); largura de vagem (LARV) expresso (mm); espessura de vagem (ESPV) expresso em (mm); número de sementes por vagem (NSV); produtividade de vagens (PROD) em kg ha⁻¹; número de vagens por planta (NVP); peso de cem grãos (PSEM) expresso em g. Os equipamentos utilizados para realizar a mensuração, foram o paquímetro digital configurado em (mm) e uma balança digital com precisão de 0,5 (g) e uma régua graduada.

3.6 Análises estatística

As características avaliadas foram submetidas às análises de variâncias individuais, conforme o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições, de acordo com o seguinte modelo estatístico (Hallauer e Miranda Filho, 1988):

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}.$$

Em que:

Y_{ij} : valor do genótipo i no bloco j ;

μ : média geral;

G_i : efeito do genótipo i ; $i = 1, 2, \dots, g$;

B_j : efeito do bloco j ; $j = 1, 2, \dots, b$;

ε_{ij} : erro experimental.

Após realizadas as análises de variâncias individuais e detectada a homocedasticidade das variâncias residuais, procedeu a análise de variância conjunta.

O modelo estatístico da ANOVA conjunta será expresso por:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{ij} + \varepsilon_{ij},$$

em que:

Y_{ijk} : o valor observado do genótipo i , no bloco j , no local k ;

μ : média geral;

G_i : efeito do genótipo i ; $i = 1, 2, \dots, g$;

A_j : efeito do local ou ambiente j ; $j = 1, 2, \dots, l$;

GA_{ij} : efeito do genótipo i com o ambiente j ;

B/A_{kj} : efeito do bloco k dentro do ambiente j ; $k = 1, 2, \dots, b$;

ε_{ij} : erro experimental.

As fontes de variação foram consideradas aleatórias, com exceção do genótipo. As análises estatísticas foram realizadas por meio do programa GENES (Cruz, 2006).

Tabela 2. Esquema de análise de variância individual

FV	GL	QM	E (QM)
Blocos	$b - 1$	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Genótipos (G)	$g - 1$	QMG	$\sigma^2 + b\theta_g$
Erro	$(b - 1)(g - 1)$	QMR	σ^2
Total	$bg - 1$		

Tabela 2.1. Esquema de análise de variância conjunta

FV	GL	QM	E (QM)
Blocos/Ambientes	$a(b - 1)$	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Genótipos (G)	$g - 1$	QMG	$\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2 + ar\theta_g$
Ambientes (A)	$a - 1$	QMA	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + gr\sigma_a^2$
G x A	$(g - 1)(a - 1)$	QMGA	$\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2$
Erro médio	$a(b - 1)(g - 1)$	QMR	σ^2
Total	$abg - 1$		

A partir das esperanças de quadrados médios, apresentadas nas tabelas 2, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância, a saber:

a) componente de variabilidade genotípica

$$\hat{\theta}_g = \frac{QMG - QMGA}{ar},$$

em que:

QMG = quadrado médio de genótipos;

QMGA = quadrado médio da interação de genótipos por ambiente;

a = ambiente; e r = repetição.

b) componente de variância da interação genótipos por ambiente

$$\hat{\sigma}_{ga}^2 = \frac{QMGA - QMR}{r},$$

em que:

QMGA = quadrado médio da interação genótipo x ambiente;

QMR = quadrado médio do resíduo;

r = repetição;

g = genótipo; e

a = ambiente.

A partir da análise de variância conjunta foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

Variância genotípica:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMGA}{ar}$$

em que: QMG = quadrado médio de genótipos; QMGA = quadrado médio da interação genótipos por ambiente; a = ambiente; r = repetição.

Variância da interação genótipos por ambiente:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QMGA - QMR}{r}$$

em que: QMGA = quadrado médio da interação genótipo x ambiente; QMR = quadrado médio do resíduo; r = repetição.

Variância residual entre parcelas:

$$\hat{\sigma}_e^2 = QMR$$

em que: QMR = quadrado médio do resíduo.

Coeficiente de variação genética:

$$CV_g(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\mu} * 100$$

em que: $\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica; μ = média geral.

herdabilidade individual no sentido amplo no bloco:

$$\tilde{h}_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

em que: $\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica; $\hat{\sigma}_f^2$ = variância fenotípica.

Para as correlações foram utilizadas as seguintes expressões: correlações fenotípicas: $r_F = \frac{PMG_{XY}}{\sqrt{QMG_X QMG_Y}}$; Correlações genotípicas:

$$r_G = \frac{(PMG_{XY} - PMR_{XY})/r}{\sqrt{\hat{\Phi}_{g(X)} \hat{\Phi}_{g(Y)}}} = \frac{\hat{\Phi}_{g(XY)}}{\sqrt{\hat{\Phi}_{g(X)} \hat{\Phi}_{g(Y)}}} \text{ e correlações de ambiente: } r_F = \frac{PMG_{XY}}{\sqrt{QMR_X QMR_Y}}. \text{ Em}$$

que, PMG_x = produto médio entre os genótipos para os caracteres de X e Y; PMR_{xy} = produto médio entre os resíduos para os caracteres; QMG_x = quadrado médio entre os genótipos para o caráter X; QMG_y = quadrado médio entre os genótipos para o caráter Y; QMR_x = quadrado médio entre os resíduos para o caráter X; QMR_y = quadrado médio entre os resíduos para o caráter Y; $\hat{\Phi}_{g(XY)}$ = estimador da covariância genotípica; $\hat{\Phi}_{g(X)}, \hat{\Phi}_{g(Y)}$ = estimadores dos componentes quadráticos associados às variabilidades genotípicas para os caracteres X e Y, respectivamente.

Antes de proceder a análise de trilha, a matriz de correlação fenotípica foi testada, quanto à multicolinearidade, pelo número de condição da matriz (NC), proposto por Montgomery e Peck (1981), que consiste na razão do maior pelo menor autovalor da matriz. Em presença de multicolinearidade moderada ($100 < NC < 1000$), ou severa ($NC > 1000$), os coeficientes de trilha estimados não são confiáveis, em função das elevadas variâncias associadas aos seus estimadores (Carvalho & Cruz, 1996). No entanto, em presença de multicolinearidade fraca ($NC < 100$), não há problemas quanto à confiabilidade dos coeficientes de caminhamento.

A análise de trilha consistiu em estudar os efeitos diretos e indiretos das variáveis independentes explicativas acima referidas (X) na produtividade de vagens, variável dependente principal (Y). Como Y é considerado como uma característica complexa, resultando da ação combinada de outras características, é possível estabelecer o seguinte modelo: $Y = \beta_{1X1} + \beta_{2X2} + \dots + \beta_{nXn} + \varepsilon$, em que: X_1, X_2, \dots, X_n são as variáveis explicativas, e Y é a variável principal (ou variável dependente). Os efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas são estimados sobre a variável principal. Assim, $r_{iy} = p_i + \sum_{j \neq i}^n p_{ij} r_{ij}$ em que: correlação entre a variável principal (Y) e a i-ésima variável explicativa; p_i : efeito direto da variável i sobre a variável principal; e $p_j r_{ij}$: efeito indireto da variável i via variável j , sobre a variável principal.

Em seguida, realizou-se o desdobramento dos coeficientes de correlação simples em efeitos diretos e indiretos, dados pela análise de trilha. Todos os procedimentos estatísticos foram realizados por meio do *software* Genes® (Cruz, 2013).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância individual (Tabela 3) mostra que houve efeito significativo dos genótipos para todas as características observadas tanto no ano de 2018 quanto em 2019, demonstrando a existência de variabilidade genética nas linhagens estudadas, o que é fundamental para a seleção no programa de melhoramento desta espécie.

Observou-se precisão de média a alta no controle ambiental uma vez que os coeficientes de variação experimental (CV_e) foram abaixo de 12% para todos os caracteres, variando de 2,32% para o caráter produção de vagem (PROD) a 11,45% para espessura de vagem (ESPV) comparando os ambientes avaliados segundo a classificação proposta por Cruz e Carneiro, 2012.

A análise dos componentes da variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$) foi superior para o caractere produção de vagem (PROD) em ambos os anos com valores de 10430,98 e 15724,99, enquanto o caráter espessura de vagem (ESPV) com 0,11 para o ano de 2019 (Tabela 3). Segundo Correa et al. (2012), citados por Regis et al. (2014), o caráter PROD entre todos os caracteres estudados foi o que demonstrou maior variabilidade, sendo altamente promissor para a realização do processo de seleção.

As maiores estimativas de herdabilidade foram verificadas para características produção de vagens (PROD), número de vagens por planta (NVP) e peso de cem grãos (PSEM), nas duas épocas que variaram de 0,96 a 0,99.

Estimativas de maior magnitude de herdabilidade relacionadas à produção foram verificadas por vários autores, como Paula et al. (2020), Lobato et al. (2014) e Coelho et al. (2002).

Estimativas de herdabilidades maiores que zero, para todos os caracteres, foram em ambos os anos 2018 e 2019 ambientes. Tal fato, certamente, foi devido às condições ambientais mais favoráveis nestas épocas, isto é, baixa infestação por plantas daninhas e ausência de encharcamento do solo, o que diminuiu a variância devido ao meio e permitiu a obtenção de estimativas positivas para a variância genotípica. As menores estimativas de herdabilidade foram encontradas para espessura de vagem (ESPV) com (0,51) no ambiente 2019 e (0,69) para o caráter número de semente por vagens (NSV) no ambiente 2018 (Tabela 3).

As estimativas das herdabilidades, para esses caracteres podem estar relacionadas ao fato de a produção de vagens e os seus componentes primários serem poligênicos e, portanto, muito influenciados pelo ambiente (Lobato et al., 2014).

Tabela 3. Quadrados médios das análises de variância individuais e estimativas de parâmetros com QM da análise individual e estimativas de parâmetros genéticos, para as características fitotécnicas, de treze genótipos de feijão de vagem no município de Alegre – ES, nos anos de 2018 e 2019

F,V	COMPV		LARV		ESPV		NSV		PROD		NVP		PSEM	
	2018	2019	2018	2019	2018	2019	2018	2019	2018	2019	2018	2019	2018	2019
Genótipos	23,13**	9,77*	3,45**	5,15*	1,02*	0,92*	1,49*	1,96**	42446,27*	63134,52**	388,07*	908,63*	703,95*	351,52*
Resíduo	0,97	1,14	0,74	1,19	0,10	0,45	0,45	0,24	722,33	234,52	3,67	18,26	4,64	11,92
Média	16,95	13,85	11,65	9,53	6,41	6,07	7,71	7,30	530,63	659,38	61,71	117,94	67,75	64,11
CV%	5,82	7,72	7,43	11,45	5,03	11,04	8,78	6,73	5,06	2,32	3,10	3,62	3,18	5,38
$\hat{\sigma}_g^2$	5,54	2,15	0,67	0,99	0,23	0,11	0,25	0,43	10430,98	15724,99	96,09	222,59	174,82	84,90
\hat{h}_g^2	0,95	0,88	0,78	0,76	0,89	0,51	0,69	0,87	0,98	0,99	0,99	0,97	0,99	0,96

Ambiente= ano avaliado, Tratamento= genótipos, comprimento de vagem (COMPV) expresso em (cm); largura de vagem (LARV) expressa em (mm); espessura de vagem (ESPV) expressa em (mm); número de sementes por vagem (NSV); produtividade de vagens (PROD) em kg; número de vagens por planta (NVP); peso de cem grãos (PSEM) expresso em kg, CV%= coeficiente de variação, $\hat{\sigma}_g^2$ = componente quadrático genotípico, \hat{h}_g^2 = herdabilidade no sentido amplo.

Na avaliação da análise conjunta foi possível observar interação entre os genótipos e ambientes com ($P \geq 0,01$ e $P \geq 0,05$) para os caracteres COMPV, LARG, ESPV, PROD, NVP e PSEM exceto para NSV com efeito significativo somente para genótipos (tabela 4). Isso afirma que os genótipos responderam de maneira diferenciada aos ambientes, para a maioria das variáveis estudadas, com ranqueamento diferente considerando os dois ambientes (anos).

Tabela 4. Quadrados médios da análise de variância conjunta e estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres agrônômicos de treze genótipos de feijão de vagem, Alegre-ES, nos anos de 2018 e 2019

FV	COMPV	LARV	ESPV	NSV	PROD	NVP	PSEM
Gen	29,38**	6,29*	1,44*	3,09**	63477,36*	776,99*	689,26*
Amb	249,11**	116,43**	2,94*	4,24 ^{ns}	430990,62*	82209,38*	343,47**
GenxAmb	3,52**	2,32*	0,50**	0,36 ^{ns}	42103,43*	519,71*	366,22**
Residuo	1,06	0,97	0,27	0,35	478,43	10,97	8,28
Média	15,40	10,59	6,24	7,50	595,00	89,82	65,93
CV _e (%)	6,68	9,30	8,43	7,88	3,67	3,68	4,36
$\hat{\sigma}_g^2$	3,23	0,49	0,11	0,34	2671,74	32,15	40,38
$\hat{\sigma}_c^2$	0,56	0,31	0,05	0,00	9605,77	117,40	82,60
$\hat{\sigma}_e^2$	1,06	0,97	0,27	0,35	478,43	10,97	8,28
R ²	87,98	63,07	65,09	88,18	33,67	33,11	46,86
CV _g (%)	11,66	6,64	5,49	7,77	8,68	6,31	9,63
CV _g /CV _e	1,74	0,71	0,65	0,98	2,36	1,71	2,20

$\hat{\sigma}_g^2$ = componente quadrático genotípico; $\hat{\sigma}_c^2$ = componente de variância GxA; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual; R² = coeficiente de determinação genotípico (média) - %; (r) = correlação intraclasse; CV_g(%) = coeficiente de variação genético (%); Razão CV_g/CV_e, comprimento de vagem (COMPV) expresso em (cm); largura de vagem (LARV) expressa em (mm); espessura de vagem (ESPV) expressa em (mm); número de sementes por vagem (NSV); produtividade de vagens (PROD) em kg; número de vagens por planta (NVP); peso de cem grãos (PSEM) expresso em kg, Significativo em 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; ns: não-significativo.

A análise dos componentes da variância revelou que na composição da variância fenotípica, a variação genética foi superior em relação à variação ambiental, para principais características COMPV, PROD, NVP e PSEM. Este resultado indica maior influência dos fatores genéticos em relação aos componentes ambientais na expressão desses caracteres, o que vai facilitar a seleção dessas características estudadas e é evidenciado pela baixa diferença de valores entre CV_g/CV_e . Resultados semelhantes foram obtidos por Correa et al. (2015) e Júnior et al. (2018) com feijão caupi e Nagel et al. (2020) com feijão comum.

O conhecimento das estimativas dos parâmetros permite ao melhorista definir a melhor estratégia de seleção no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2012). Na Tabela 4, os valores de coeficiente de variação experimental (CVe) variaram de 3,67 a 9,30%, sendo valores cujas magnitudes se expressaram de boa precisão (Pimentel Gomes, 2002).

O coeficiente de variação genética (CVg) expressa a quantidade de variação genética existente e possibilita ao melhorista ter uma noção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção ao longo de um programa de melhoramento. Pode-se observar na Tabela 4 que o CVg para comprimento de vagem destacou-se com o valor de 11,66 para COMPV seguido da característica peso de cem grãos (PSEM) com 9,63 e PROD com 8,68, respectivamente. As estimativas encontradas estão de acordo com Correa et al. (2015) e indicam que entre todos os caracteres estudados esses foram os que apresentaram maiores variabilidades, sendo altamente promissores para realizar a seleção.

O feijoeiro possui estrutura genética particionada através de previsões de componentes médios e estimativas de componentes de variância (Souza et al., 2018), De acordo com Torres et al. (2015), esse conjunto de informações é de suma importância na orientação aos programas de melhoramento, contribuindo para a seleção de genótipos superiores.

Um das principais ferramentas utilizadas pelo melhorista são as estimativas do coeficiente de herdabilidade, sendo de suma importância para a escolha de uma estratégia eficaz de seleção. De acordo com Regis et al. (2014), quando no modelo estatístico adotado os genótipos são considerados de efeito

fixo, como neste trabalho, a herdabilidade é denominada de coeficiente de determinação genotípica (R^2).

Embora não possa ser considerado um indicador preciso de ganho genético esperado pela seleção, o coeficiente de determinação genotípica fornece, contudo, indícios do desempenho esperado de uma dada população na seleção de caracteres. Estimativas elevadas de R^2 (acima de 75%) indicam que a população é promissora para a seleção do caráter em estudo (Correa et al., 2012).

Observa-se que a estimativa do coeficiente de determinação genotípica (R^2) foi alta magnitude, sendo superior a 75% para os caracteres COMPV e NSV com 88,98 e 88,18, respectivamente (Tabela 4) evidenciando maiores facilidades na seleção desses caracteres. Já os caracteres LARG e ESPV oscilaram entre 63,07 e 65,09% e os demais caracteres abaixo de 50%. Neste último caso é expressiva a participação da variância ambiental na expressão fenotípica destes caracteres, o que reduz significativamente o ganho genético esperado por seleção e torna a população pouco promissora para a seleção dos mesmos (Tabela 4).

De acordo com Velho et al. (2017), os baixos valores de coeficiente de determinação estão interligados com os fatores ambientais, competição intraespecífica, bem como mecanismos fisiológicos que envolvem os fatores fenotípicos da planta. Andrade et al. (2010) citados por Nagel et al. (2020), afirmam que caracteres que apresentam maiores coeficientes de determinação possibilitam o aumento da produtividade através da seleção direta.

Esses resultados encontrados para COMPV e NSV corroboram com Gomes (2017) trabalhando com feijão de vagem na região norte e noroeste fluminense-RJ, em que os coeficientes de determinações genotípicos encontrados foram superiores, com magnitudes de 80%, aos encontrados por esse trabalho. Marcondes et al. (2012) consideram a herdabilidade o melhor parâmetro para fazer qualquer inferência sobre o sucesso do melhoramento em um caráter.

Estimativas de $CV_g/CV_e \geq 1,0$, indicam possibilidade de sucesso na seleção do caráter de acordo com a interpretação de Vencovsky (1978) para este parâmetro, já estimativas abaixo de 1, indicam maiores dificuldades na seleção, pelo fato da maior interferência do ambiente.

As estimativas para os caracteres variaram de 0,65 para o caráter ESPV a 2,36 para o caráter "PROD". Estimativas de quociente superiores a 1 foram

encontradas apenas para os caracteres COMPV (1,74), NVP (1,71), PROD (2,36) e PSEM 2,20, indicando situações favoráveis à seleção para esses caracteres (Tabela 4).

Nos ensaios de VCU foi significativo a 1% de probabilidade pelo teste F, nos ambientes avaliados o coeficiente de variação (CV) abaixo de 12%, evidenciando a facilidade da condução dos experimentos de feijão de vagem, CV abaixo de 20%, que é o limite postulado pela Portaria no 294 (Lei de Proteção de Cultivares).

Analisando a tabela 5, na análise do genótipo x ambiente nota-se que para a característica COMPV o ambiente 2018 formou cinco grupos pelo teste de Scott e Knott. Dentre esses grupos pode destacar o grupo 1 (um) composto pelo genótipo 9 e 12 com maiores médias para o ano de 2018. Para o ambiente 2019 foi observada a formação de três grupos distintos, sendo o primeiro grupo composto pelos genótipos 6, 9 e 12 diferindo estatisticamente dos demais grupos encontrados (Tabela 5). Em análise do ambiente, pode observar que o ambiente 2018 proporcionou melhor crescimento para todos os genótipos em relação a 2019, no entanto pode-se verificar que os genótipos 9 e 12 foram um pouco semelhantes para COMPV em ambos os ambientes (Tabela 5).

No caráter de largura de vagem (LARV) os genótipos que se destacaram para o ano 2018 foram 3, 4, 6, 7, 8, 9,10 e 11 não diferindo estatisticamente entre eles, respectivamente (Tabela 5). No ano de 2019 foi observado que os genótipos 2, 5, 6, 8, 9, 10 e11 se sobressaíram em relação aos demais. Vale ressaltar que entre os ambientes avaliados, os genótipos que se mantiveram estáveis foram 6, 8 9, 10 e 11 em relação aos demais estudados. Em análise do ambiente, o ano de 2018 foi promissor para todos os genótipos em relação a 2019 para essa característica (Tabela 5).

Para a espessura de vagem (ESPV), em avaliação do ano de 2018, os genótipos 1, 11 e 13 foram os mais promissores diferindo estatisticamente dos demais, já para o ano de 2019 apenas o genótipo 13 obteve o melhor desempenho. Em relação aos ambientes o ano de 2018 foi melhor, promovendo melhor desempenho para os genótipos (Tabela 5).

No caráter de número de semente por vagem (NSV) foi avaliado de forma isolada para efeito de genótipo devido à não significância do ambiente e da interação entre genótipo e ambiente, na tabela 5 é observado a formação de três

grupos. O primeiro formado pelos genótipos 1, 4, 6, 7, 8, 9, 11 e 12 com maiores médias, diferindo estatisticamente dos demais grupos formados.

Estes resultados evidenciam que apesar dos genótipos avaliados neste experimento já serem considerados promissores, pois já passaram por processo de seleção, ainda existe variabilidade genética entre eles, o que poderá levar o melhorista a selecionar os melhores genótipos dentro deste grupo, para a região sul capixaba. De acordo com os resultados obtidos por Araújo (2011), em todas as características avaliadas, exceto altura de plantas, houve diferenças significativas entre os materiais genéticos estudados, evidenciando a variabilidade existente.

Os resultados encontrados nesses estudos para comprimento de vagem (COMPV) corroboram com os de Sant'anna (2019), em que a linhagem indicada foi o genótipo 9 L13 (UENF 7-20-1). Quanto às características de largura, espessura e forma estão situadas nos grupos indicados por Sant'anna (2019), podendo inferir quanto ao grupo ao qual pertencem, todas que se enquadram no grupo manteiga.

Dentre as características relacionadas à vagem, o comprimento, espessura e número de semente são bastante relevantes para sua qualidade comercial, sendo um diferencial na aceitação do produto ao mercado consumidor (Almeida et al., 2014). Além do comprimento da vagem, descritores como forma da seção, largura e espessura de vagens determinam a classificação do grupo ao qual a cultivar se insere. No Brasil, os principais grupos comerciais são do tipo macarrão ou manteiga (Filgueira, 2013).

Tabela 5: Médias das sete características morfoagronômicas avaliadas em 13 genótipos feijão de vagem no município de Alegre – ES

Gen	COMPV		LARV		ESPV		NSV	PROD		NVP		PSEM		
	ANO	2018	2019	2018	2019	2018		2019	Amb	2018	2019	2018	2019	2018
1		17,58Ca	13,69Bb	10,43Ba	7,70Bb	7,28Aa	5,93Cb	8,37A	24,28Aa	20,20Db	84,75 Ab	113,00Da	96,00 Aa	54,75 Eb
2		16,82Da	14,30Bb	10,71Ba	9,85Aa	6,17Ba	6,50Ba	7,00B	17,12Ca	14,37Fb	64,25 Cb	86,50Fa	74,75Ba	72,25Ba
3		16,18Da	12,35Cb	11,59Aa	8,55Bb	6,16Ba	5,48Ca	6,87C	18,52Bb	22,96Da	65,00 Cb	130,25Ba	61,75Ca	54,25 Eb
4		19,17Ba	14,09Bb	11,75Aa	8,13Bb	6,56Ba	6,10Ca	7,62A	17,97Bb	26,32Aa	72,00 Bb	137,50Aa	62,75 Ca	65,75 Ca
5		17,25Ca	14,45Bb	10,87Ba	9,80Aa	6,42Ba	6,03Ca	7,15B	17,62Ca	18,47 ^a	65,50 Cb	119,75Ca	92,25Aa	74,25 Bb
6		19,88Ba	16,65Ab	13,02Aa	10,77Ab	6,56Ba	6,36Ba	8,12A	16,85Cb	22,46Ca	55,50 Db	128,75Ba	74,75 Bb	87,00 Aa
7		16,23Da	13,78Bb	12,64Aa	8,99Bb	5,71Ba	5,59Ca	7,62A	13,77Db	22,86Ca	54,25 Db	113,75Da	62,50 Ca	64,75 Ca
8		15,85Da	14,53Ba	12,27Aa	10,59Ab	5,88Ba	5,38Ca	7,75A	14,68Db	23,31Ba	56,00 Db	114,75Da	65,00 Ca	67,00 Ca
9		20,89Aa	20,98Aa	11,73Aa	11,48Aa	5,83Ba	6,35Ba	7,50A	14,48Da	14,78Fa	54,75 Da	55,45Da	55,00 Da	56,50 Ea
10		13,02Ea	11,00Cb	12,70Aa	10,48Ab	6,14Ba	6,17Ca	6,12C	10,85Eb	14,63Fa	46,25 Eb	96,50Ea	65,00 Ca	56,25 Eb
11		18,80Ba	13,87Bb	12,47Aa	9,80Ab	6,92Aa	6,04Cb	7,62A	17,52Cb	23,41Ba	64,50Cb	115,25Da	56,00 Db	60,50 Da
12		20,98Aa	16,30Ab	10,90Ba	8,40Bb	6,41Ba	5,80Ca	8,37A	14,02Db	23,92Ba	54,00 Db	131,00Ba	58,25 Da	60,75 Da
13		15,74Da	13,17Cb	10,32Ba	9,34Ba	7,25Aa	7,19 Aa	7,25B	17,90Bb	22,68Ca	65,50 Eb	132,50Ba	56,75 Da	59,50 Da
Média		16,95	13,85	11,95	9,53	6,41	6,07	7,71	16,58	20,60	61,71	117,94	67,75	64,11
CV %		3,10	3,62	3,18	5,38	5,82	7,72	9,44	5,03	11,04	8,78	6,73	5,06	2,32

Ambiente= ano avaliado, Tratamento= genótipos, comprimento de vagem (COMPV) expresso em (cm); largura de vagem (LARV) expressa em (mm); espessura de vagem (ESPV) expressa em (mm); número de sementes por vagem (NSV); produtividade de vagens (PROD) em kg ha⁻¹; número de vagens por planta (NVP); peso de cem grãos (PSEM) expresso em g. Médias seguidas com a mesma letra maiúscula na coluna e minúscula na linha não diferem estatisticamente pelo teste de Scott e Knott em nível de 5% de probabilidade.

Na análise dos caracteres voltados para produção de vagens (PROD) e número de vagens (NVP) o genótipo 1 (Top Seed, Feltrin) se destacou ficando isolado do demais genótipos como foi observado no ano de 2018 (Tabela 5). Diferente de 2018, o ambiente 2019 aumentou o número de vagens para vários genótipos, inclusive o genótipo 4 (L7) que obteve a maior média de produção e se tornando um grupo isolado (Tabela 5).

Abreu et al. (2004) avaliando a diversidade genética entre acessos de feijão de vagem de hábito de crescimento indeterminado, utilizando análise multivariada, concluíram que o caráter número de vagens por plantas (NVP) foi o de maior contribuição relativa para o agrupamento dos acessos, estando diretamente associado à produtividade, logo possibilitando os estudos da diversidade genética.

Os resultados encontrados na região Sul Capixaba (Tabela 5) divergem dos obtidos por Francelino et al. (2011), de Araújo et al. (2012) e de Araújo (2015), em que os genótipos promissores para região norte e noroeste fluminense com boas produtividades para as condições de Bom Jesus do Itabapoana, verificaram que os acessos mais produtivos foram o 9 (UENF 7-20-1) e o 1 (Top Seed, Feltrin).

Para o desempenho do peso de cem grãos (PSEM) foram identificados quatro grupos distintos pelo teste de Scott-Knott em que o primeiro grupo foi formado pelo genótipo 1 e 5 isolado, com maior média em 2018 e diferindo estatisticamente dos demais. Para o ano seguinte foram observados cinco grupos, sendo o primeiro formado pelo genótipo 6 diferindo dos demais avaliados com maior média (Tabela 5). Em relação aos anos pode averiguar que o ambiente 2018 foi promissor para a maioria dos genótipos, exceto para 6 e 11. Já para o ambiente 2019 pode destacar os genótipos 1, 3, 5 e 10 que declinaram as médias em relação ao ano anterior, e os demais genótipos mantiveram as médias não diferindo o peso de cem grãos em relação ao ambiente (Tabela 5).

Em muitos trabalhos, com feijão e também com outras leguminosas, o número de vagens por planta é uma característica importante, pois está correlacionada com a produtividade de vagens e de grãos. Abreu et al. (2004) avaliaram a diversidade genética entre acessos de feijão de vagem de hábito de crescimento indeterminado utilizando análise multivariada e encontraram que dentre as características avaliadas, o número médio de vagens por parcela foi o

de maior contribuição relativa para o agrupamento dos acessos, sendo esta uma característica de grande importância nos estudos da diversidade genética, pois influencia na produtividade.

Na análise de correlação, as estimativas encontradas para correlação fenotípica (r_f) e ambiental (r_a) entre COMP x LARG foram de magnitudes baixas mostrando não obter significância uma sobre a outra, o que não ocorre com correlação genotípica (r_g) em que houve significância em 5% com magnitudes negativas de -0,54 tabela 6. As correlações fenotípicas foram selecionadas para serem utilizadas visto que, geralmente, se usa o fenótipo como base para a seleção. As variáveis que se correlacionam fenotipicamente apresentaram seleção visto que possuem alto componente genético em suas expressões fenotípicas, resultando na obtenção de ganhos via seleção visual (ANDRADE et al., 2010, SILVA et al 2016).

Correlações significativas de magnitudes negativas foram observadas entre espessura de vagens (ESPV) e largura de vagens (LARG) com (-0,84), já para número de grão por vagens (NSV) x comprimento de vagem (COMPV) as magnitudes foram positivas e significativas com 0,73 e 0,84 para a correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) (Tabela 6).

De acordo com Nogueira et al. (2012), na interpretação de correlações, três aspectos devem ser considerados: a magnitude, a direção e a significância. Estimativa de coeficiente de correlação positiva indica a tendência de uma variável aumentar quando a outra também aumenta, e correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui.

Quanto à produção (PROD) as magnitudes foram altas, significativas e positivas para COMPV de 1,24 e de 0,98 para NSV ambas associações genotípicas, porém com magnitudes negativas para LARG com (-0,54) fenotípica e (-0,69) genotípica.

Ao analisar a associação entre número de vagens por planta (NVP) entre COMPV ESPV, NSV e PROD os valores foram de altíssimas magnitudes com mg significância de (0,001%), os valores encontrados foram de (0,73) a (1,15) para r_g , no entanto para as associações com LARG as magnitudes foram negativas com (-1,02) (Tabela 6).

Segundo Cruz e Carneiro (2012), quando um caráter se correlaciona positivamente com alguns e negativamente com outros, há a indicação de se ter

um cuidado adicional, aumentar enquanto a outra diminui, pois, ao selecionar um determinado caráter, pode-se provocar mudanças indesejáveis em outros. Esses resultados demonstram que se pode obter plantas com maior comprimento de vagens, com maior número de grãos por meio da seleção indireta. No entanto, deve-se atentar para as correlações negativas existentes entre produção de vagens e número de vagens por plantas em associação com LARG. Nesse caso, embora se selecione plantas com maior produção de vagens e número de vagens, essas podem apresentar menor largura nas vagens.

Para peso cem sementes (PSEM) foi observado efeito entre as associações positivas com magnitudes significativas a (0,001%) para COMPV com magnitudes de (0,63) e com magnitudes negativas para NVP com valores de (-0,75) e (-0,62), os demais caracteres não influenciaram na discrepância dos resultados para essa característica mostrando magnitudes nulas (Tabela 6).

Deste modo, fica evidente a necessidade do desdobramento das correlações, em efeitos diretos e indiretos, para avaliar o grau de importância de cada uma das variáveis explicativas em relação à variável principal ou básica (Entringer et al 2015).

Tabela 6. Correlações fenotípica (r_f), genotípica (r_g) e ambiental (r_e), entre sete características fitotécnicas, de treze genótipos de feijão de vagem, no município de Alegre – ES, em dois anos de cultivo, 2018 e 2019

Variáveis	Correlações	LARV	ESPV	NGV	PROD	NVP	PSEM
COMPV	(r_f)	- 0,2689 ^{ns}	0,1296*	0,7329*	0,6181**	0,4557 ^{ns}	0,4196 ^{ns}
	(r_g)	- 0,5445**	-0,01 ^{ns}	0,8438**	1,2428*	0,9416*	0,6313*
	(r_e)	0,385 ^{ns}	0,5367**	0,4225 ^{ns}	-0,073 ^{ns}	0,1295 ^{ns}	- 0,1285 ^{ns}
LARV	(r_f)	-	- 0,3331 ^{ns}	- 0,2715 ^{ns}	-0,5458**	- 0,5963**	- 0,0484 ^{ns}
	(r_g)	-	-0,8457**	- 0,2459 ^{ns}	-0,6953*	- 1,0233**	- 0,1115 ^{ns}
	(r_e)	-	0,3981 ^{ns}	0,031 ^{ns}	-0,0356 ^{ns}	- 0,0025 ^{ns}	-0,055 ^{ns}
ESPV	(r_f)		-	0,0765 ^{ns}	0,3034 ^{ns}	0,3403 ^{ns}	0,1064 ^{ns}
	(r_g)		-	0,2108 ^{ns}	0,6874*	0,7342*	0,2006 ^{ns}
	(r_e)		-	0,1326 ^{ns}	-0,0484 ^{ns}	0,0611 ^{ns}	-0,238 ^{ns}
NSV	(r_f)			-	0,6492*	0,4835 ^{ns}	0,2713 ^{ns}
	(r_g)			-	0,9833*	0,8022*	0,4077 ^{ns}
	(r_e)			-	-0,08 ^{ns}	0,0033 ^{ns}	- 0,0221 ^{ns}
PROD	(r_f)				-	0,8849*	0,1553 ^{ns}
	(r_g)				-	1,1544*	-0,6217*
	(r_e)				-	0,0629 ^{ns}	- 0,1428 ^{ns}
NVP	(r_f)					-	0,0502 ^{ns}
	(r_g)					-	-0,759*
	(r_e)					-	- 0,0324 ^{ns}

comprimento de vagem (COMPV) expresso em (cm); largura de vagem (LARV) expressa em (mm); espessura de vagem (ESPV) expressa em (mm); número de sementes por vagem (NSV); produtividade de vagens (PROD) em kg; número de vagens por planta (NVP); peso de cem grãos (PSEM) expresso em kg. ns, * e ** para não significativo, significativo em 5% e em 1%, respectivamente, pelo teste t de Student.

Para maior confiabilidade dos resultados da análise de trilha, a matriz de correlação fenotípica entre os caracteres foi testada, quanto à multicolinearidade,

pelo número de condições proposto por Montgomery e Peck (1981). A matriz de correlação apresentou multicolinearidade fraca ($NC=39,79$) não influenciando na matriz de correlação.

O grau de multicolinearidade ocorre quando as observações amostrais das variáveis explicativas, ou suas combinações lineares, são correlacionadas (FERRARI, 1989). Resultados encontrados por CARVALHO (1995) e CARVALHO et al. (1999), observaram que o efeito da multicolinearidade, devido às variâncias associadas aos estimadores dos coeficientes de trilha pode alcançar valores demasiadamente elevados, tornando-os pouco confiáveis. Além disso, as estimativas dos coeficientes de trilha podem assumir valores absurdos ou sem nenhuma coerência com o fenômeno biológico estudado.

Os coeficientes de trilha, das variáveis consideradas como primárias, encontram-se na Tabela 7. Verifica-se que as variáveis utilizadas explicaram 85,05% da variação total dos caracteres (R^2).

Pela análise de trilha, apenas um caráter apresentou efeito direto na produção de vagens, com NVP (0,70) por apresentar efeito direto superior à variável residual. Nos efeitos indiretos de todos os caracteres foram abaixo do valor do efeito residual.

Segundo Entringer et al. (2015), se os efeitos de uma variável não forem equivalentes aos efeitos diretos e indiretos, essa variável pode não favorecer os ganhos em produção em um processo de seleção simultânea.

Tabela 7. Efeitos diretos e indiretos de variáveis agrônômicas de feijão de vagem, a partir de treze genótipos, no município de Alegre – ES, em dois anos de cultivo, 2018 e 2019

Variável	Efeito	Via	Coef.	Variável	Efeito	Via	Coef.
COMPV	Direto	PROD	0,1449	NSV	Direto	PROD	0,1940
	Indireto	LARV	0,0078		COMPV	0,1062	
		ESPV	0,0027		LARV	0,0079	
		NSV	0,1422		ESPV	0,0016	
		NVP	0,3190		NVP	0,3384	
		PSEM	0,0012		PSEM	0,00081	
Total		0,6181	Total		0,6492		
LARV	Direto	PROD	-0,0293	NVP	Direto	PROD	0,7000
	Indireto	COMPV	-0,0389		COMPV	0,0660	
		ESPV	-0,0071		LARV	0,0175	
		NSV	-0,0526		ESPV	0,0073	
		NVP	-0,4174		NSV	0,0938	
		PSEM	-0,00014		PSEM	0,00015	
Total		-0,5458	Total		0,8849		
ESPV	Direto	PROD	0,0214	PSEM	Direto	PROD	0,0030
	Indireto	COMPV	0,0187		COMPV	0,0608	
		LARV	0,0097		LARV	0,0014	
		NSV	0,01484		ESPV	0,0022	
		NVP	0,2382		NSV	0,0526	
		PSEM	0,00031		NVP	0,0351	
Total		0,3034	Total		0,1553		
Coeficiente de determinação				0,8580			
Efeito da variável residual				0,3767			

COMPV – comprimento de vagem; LARV – largura de vagem; ESPV – espessura de vagem; NSV – número de semente por vagem; NVP – número de vagens por planta; PSEM – peso de cem grãos.

Apesar do modelo de trilha ter um bom ajuste ($R^2=0,85$), somente NVP apresentou influência direta sobre a produção, pois seus efeitos diretos foram superiores ao efeito da variável residual. Este resultado evidencia como o estudo de correlações pode levar ao erro, e também corrobora a afirmativa sobre quão

importante é fazer o desdobramento das correlações em efeitos diretos e indiretos. Neste caso, a melhor estratégia seria a seleção desses caracteres, cujos efeitos diretos são maiores.

Contudo, as características com COMPV e NSV com 88,98% e 88,18% apresentaram maiores valores de coeficiente de determinação genotípico, quando comparados com PROD com 33,67, respectivamente. Os altos valores de herdabilidade estimados permitem o uso de estratégias de seleção mais simples (Borém & Miranda, 2013) e contribuem para maiores ganhos genéticos. Assim, o melhorista poderia selecionar genótipos com maior produção, comprimento e número de grãos, que, indiretamente, estaria selecionando os que proporcionariam maior produtividade de vagens.

É importante salientar, também, que o sucesso da seleção é diretamente proporcional ao aumento da herdabilidade, ou seja, quanto maior for a estimativa da herdabilidade, maior será a probabilidade de se realizar uma seleção eficaz (Cruz et al., 2004).

5. RESUMO E CONCLUSÕES

Os genótipos de feijão de vagem se comportaram de maneira diferenciada frente aos ambientes avaliados, implicando variabilidade genética entre eles e forte interação dos genótipos por ambientes. Os genótipos que se destacaram foram a L1 (Top Seed Blue Line) no ano de 2018 e a L4 (Uenf Goytacá) no ano de 2019. Logo, as duas podem ser recomendadas para a região do Caparaó-ES. O ano de 2019 foi mais promissor para as linhagens em estudos, podendo se destacar o genótipo 4 (UENF Goytacá') com maior produção. Os genótipos de feijão de vagem apresentam variabilidade para os caracteres número de vagens por planta e produção de vagens ao longo dos anos estudados. As variáveis comprimento de vagens e número de semente por vagens e número de vagens por planta são as que mais contribuem para o aumento da produtividade. Por não apresentar altos valores de herdabilidade, a seleção simultânea fica restrita nas variáveis COMPV e NSV. Pela análise de trilha a variável que poderia ser utilizada na seleção indireta para a produção de vagens foi o NVP, única com efeito direto significativo para a PRODV.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F. B., Leal, N. R., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A. T. D., da Silva, D. J. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, 22(3), 547-552.
- Abu-Reidah, I. M.; Arráez-Román, D.; Lozano-Sánchez, J.; Seguracarretero, A.; Fernández-Gutiérrez, A. (2013) Phytochemical characterisation of green beans (*Phaseolus vulgaris* L.) by using high-performance liquid chromatography coupled with time-of-flight mass spectrometry. *Phytochemical Analysis*, 24(2), 105-116.
- Acosta-Gallegos, J. A., Kelly, J. D., Gepts, P. (2007) Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. *Crop Science*, 47:44.
- Almeida, S. N. C., Thiebaut, J. T. L., Gravina, G. D. A., Araújo, L. C., Daher, R. F. (2014) Avaliação de características morfológicas e agronômicas de linhagens de feijão-de-vagem em Bom Jesus do Itabapoana-RJ, com potencial de recomendação. *Vértices*, 16.
- Andrade, F. N., Rocha, M. D. M., Gomes, R. L. F., Freire Filho, F. R., Ramos, S. R. R. (2010) Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi avaliados para feijão fresco. *Revista Ciência Agronômica*, 41(2), 253-258.

- Araujo, L. C. Avaliação de Linhagem Melhoradas de Feijão de Vagem em Bom Jesus do Itabapoana-RJ. (2011) Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal). Campos dos Goytacazes–RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense. 44p.
- Araújo, L.C. (2015) Valor de cultivo e uso (VCU) de linhagens F₉₋₁₀ de feijão-de vagem em Bom Jesus do Itabapoana e Cambuci-RJ. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 80p.
- Araújo, L. C. D., Gravina, G. D. A., Marinho, C. D., Almeida, S. N. C. D., Daher, R. F., Amaral Júnior, A. T. D. (2012) Contribution of components of production on snap bean yield. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12(3), 206-210.
- Azevedo, C. V. G., Ribeiro, T., Silva, D. A. D., Carbonell, S. A. M., Chiorato, A. F. (2015) Adaptabilidade, estabilidade e resistência a patógenos em genótipos de feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 50(10), 912-922.
- Barili, L. D., Vale, N. M. D., Amaral, R. D. C., Carneiro, J. E. D. S., Silva, F. F., Carneiro, P. C. S. (2015) Adaptabilidade e estabilidade e a produtividade de grãos em cultivares de feijão preto recomendadas no Brasil nas últimas cinco décadas. *Ciência Rural*, 45(11), 1980-1986.
- Bernardo, R., Bohn, M. O. (2007) Plant Breeding in Times of Change. *Crop Science*. 47(3): 2-3.
- Bertoldo, J. G, Coimbra, J. L. M, Nodari, R. O, Guidolin, A. F (2009) Stratification of the state of Santa Catarina in macroenvironments for bean cultivation. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 9: 335-343.
- Borém, A., Miranda, G. V. (2009) Melhoramento de plantas. 5th edn, *Editora UFV*, Viçosa. 529p.
- Carneiro, J. D. S., Paula Júnior, T. D., Borém, A. (2015). Feijão: do plantio à colheita. *UFV*, Viçosa, 384p.
- Brasil (2007) Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento. Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão (*Phaseolus vulgaris*), para inscrição no registro nacional de cultivares – RNC. Informe Técnico, Anexo IV, Brasília, 18p.
- Brasil (2015) Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Proteção de Cultivares no Brasil / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento.

Secretaria de Desenvolvimento Agropecuário e Cooperativismo
Disponível

em:<http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumosagropecuarios/insumo_sagricolas/protecao-de-cultivar/agricolas>. Acesso em janeiro de 2021.

- Brito, R., Lopes, H. M., Fernandes, M. C. A., Aguiar, A.A., Ceará, P.S. (2013) Avaliação da qualidade fisiológica e sanitária de sementes de feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) produzidas sob manejo orgânico e submetidas ao congelamento. *Revista Brasileira de Agroecologia*, Rio de Janeiro, 8 (3): 131- 140.
- Cargnelutti, Filho. A., Storck, L. (2007) Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 42: 17-24.
- Carvalho, C. G. P., Arias, C. A. A., Toledo, J. F. F., Almeida, L. A., Kiihl, R. A. S., Oliveira, M. F., Hiromoto, D. M., Takeda, C. (2003) Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 38: 187-193.
- Carvalho, C. G. P. D., Oliveira, V. R., Cruz, C. D., Casali, V. W. D. (1999) Análise de trilha sob multicolinearidade em pimentão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 34(4), 603-613.
- Carvalho, S.P. de. (1995) Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção sob multicolinearidade. Editora UFV, Viçosa. 163p.
- Castellane, P. D.; Vieira. R. F.; Carvalho. N. M. (1988) Feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.): cultivo e produção de sementes. Jaboticabal: FUNEP/FCAV-UNESP. 60 p.
- Ceasa (2020) - Prohort - Programa Brasileiro de Modernização do Mercado de Hortigranjeiro. <http://www.ceasa.gov.br/precos.php>. Página mantida pelo CEASA
- Clemente, A. L., Muniz, J. A. (2002) Avaliação do coeficiente de variação em experimentos com gramíneas forrageiras. *Ciência e Agrotecnologia*, 26(1), 197-203.
- Climate-Data. (2019) Temperatura, tempo e dados. <https://pt.climatedata.org/america-do-sul/brasil/rio-de-janeiro/bom-jesus-do-itabapoana33706/> Acesso em fevereiro de 2019

- Coelho, A. D. F, Cardoso, A. A, Cruz, C. D, Araújo, G. A. A, Furtado, M. R. Amaral, L. F. A. (2002) Heritabilities and correlations of common bean yield and its primary components, in the spring-summer and summer-fall cultivation seasons. *Ciência Rural*, 32: 211- 216.
- Corrêa A.M, Teodoro P.E, Gonçalves M.C, Barroso L.M. (2016) Artificial intelligence in the selection of common bean genotypes with high phenotypic stability. *Genética Molecular. Res.* 15:
- Correa, A. M., Ceccon, G., Correa, C. M. A., Delben, D. S. (2012) Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. *Revista Ceres*, 59: 88-94.
- Correa, A. M., Braga, D. C., Ceccon, G., de Oliveira, L. V. A., de Souza Lima, A. R., Teodoro, P. E. (2015) Variabilidade genética e correlações entre caracteres de feijão-caupi. *Revista Agro@mbiente On-line*, 9(1), 42-47.
- Costa, N. H. A. D, Seraphin, J. C, Zimmermann, F. J. P. (2002) Novo método de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 37: 243-249.
- Cruz, C. D. (2013) GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics, *Acta Scientiarum, Agronomy* 35: 271-276,
- Cruz, C.D., Regazzi, A. J. Carneiro, C. S. (2004) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3ª ed. *Viçosa, UFV*. 479p.
- Cruz, C. D. (2005) Princípios de genética quantitativa. *Viçosa: UFV*, 394 p.
- Cruz, C. D. Carneiro, P. C. S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. *Viçosa: Editora UFV*, (2) 514p.
- Cuco, S. M., Mondin, M., Vieira, M. L. C., Aguiar-Perecin, M. L. (2003) Técnicas para a obtenção de preparações citológicas com alta frequência de metáfases mitóticas em plantas: *Passiflora* (Passifloraceae) e *Crotalaria* (Leguminosae). *Acta Botanica Brasílica*, 17(3), 363-370.
- Debouck, D. G. (1986) *Phaseolus* germplasm exploration. In: GEPTS, P. (Ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans. Dordrecht: Kluwer, 3-29.
- Debouck, D. G. (1991) Systematics and morphology. In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Ed.). Common beans: research for crop improvement. Cali: CIAT. 55-118.

- Domingues, L. S., Ribeiro, N. D., Minetto, C., de Souza, J. F., Antunes, I. F. (2013) Metodologias de análise de adaptabilidade e de estabilidade para a identificação de linhagens de feijão promissoras para o cultivo no Rio Grande do Sul. *Semina: Ciências Agrárias*, 34(3), 1065-1076.
- Embrapa, (2012) Empresa Brasileira de Pesquisa agropecuária- Regionalização dos testes de Valor de Cultivo e Uso e da indicação de cultivares de soja - http://www.cnpso.embrapa.br/download/Doc_330-OL.pdf.
- Entringer, G. C., Santos, P. H. A. D., Vettorazzi, J. C. F., Cunha, K. S. D., Pereira, M. G. (2014) Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. *Revista Ceres*, 61(3), 356-361.
- Ex, M. K., Gupta, S. K., Mittal, T. C., Sharma, S. R. (2016) Influence of storage temperatures on the protein content of French beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *Asian J Dairy Food Res*, 35(2), 164-167.
- Fao, (2013) Faostat, Database results. Disponível em: <http://faostat3.fao.org/home/index.html#DOWNLOAD> Acesso em janeiro de 2021.
- Faostat. (2019) Faostat, Database results disponível em:< <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>> Acesso em fevereiro. 2021.
- Ferrari, F. (1989) Estimadores visados para modelos de regressão em presença de multicolinearidade. Piracicaba: USP-ESALQ, 127p.
- Filgueira, F.A.R. (2013) Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. Viçosa: UFV, 421 p.
- Francelino, F. M. A. (2009) Ensaio de competição de linhagens promissoras de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) para Regiões Norte e Noroeste Fluminense. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro -UENF, 56p.
- Francelino, F. M. A., Gravina, G. A., Manhães, C.M.C., Cardoso, P.M.R., Araújo, L.C. (2011) Avaliação de linhagens de feijão-de-vagem para as regiões Norte e Noroeste Fluminense. *Revista Ciência Agronômica*, Ceará, 42 (2): 554-562.
- Gepts, P., Debouck, D. G. (1991) Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: SCHOONHOVEN, A. van;

- VOYSEST, O. Common beans: research for crop improvement. Cali: CIAT, p.7-53.
- Gomes, A. B. S. (2017) Ganhos genéticos e diversidade genética entre genótipos de feijão-de-vagem. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 86p.
- Hallauer, A., Miranda Filho, J. D. (1988) Quantitative genetics in maize breeding. Ames. *Iowa State University Press*, 10, 468.
- Harlan, J. R. (1971) Agricultural origins: centers and noncenters. *Science*, 174(4008), 468-474.
- Harlan, J. R. (1975) Geographic patterns of variation in some cultivated plants. *Journal of Heredity*, 66(4), 182-191.
- Incaper. Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (2019) O Boletim da Conjuntura Agropecuária Capixaba é uma publicação trimestral do INCAPER. Vitória/ES. Ano III. Nº 12. dezembro de 2019. Disponível em:<<https://biblioteca.incaper.es.gov.br/digital/bitstream/123456789/2976/1/Boletim-Conjuntura-Agropecuaria-out-dez-2019.pdf>>. Acesso em: fevereiro 2021
- Júnior, E. P., Guimarães, D. G., Públio, A. P. P. B. Souza, U. O., Amaral, C. L. F. (2018) Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão frade, *Revista de Ciências Agrárias*, 41(3), 806-814.
- Kaplan, L. (1981) What is the origin of the common bean. *Economic Botany*, 35 (2),40-257.
- Karaś, M., Jakubczyk, A., Szymanowska, U., Materska, M., Zielińska, E. (2014) Antioxidant activity of protein hydrolysates from raw and heat-treated yellow string beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *Acta Scientiarum Polonorum Technologia Alimentaria*, 13(4), 385-391.
- Koppen, W. D. (1936) Das geographische system der klimat. *Handbuch der klimatologie*, 46.
- Lobato AKS, Gonçalves-Vidigal MC, Vidigal Filho PS, Ramos VMS, Poletine JP, Bastos CAA (2014) Parâmetros genéticos da produção de grãos e seus componentes em feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) sob estresse hídrico. *Austrian Journal Crop Science*, (8), 1152–1159

- Lobo, V, L, S, Giordano, L, B, Lopes, C, A, (2005) Herança da resistência à mancha-bacteriana em tomateiro, *Fitopatologia Brasileira*, (30) 343-349.
- Londero, P. M. G., Ribeiro, N. D., Cargnelutti Filho, A., Rodrigues, J. de A., Antunes, I. F. (2006) Herdabilidade dos teores de fibra alimentar e rendimento de grãos em populações de feijoeiro. *Pesq. agropec. bras.* 41:(1) 51-58.
- Londero, P. M. G., Ribeiro, N. D., Cargnelutti Filho, A. (2008) Teores de fibra e rendimento de grãos em populações de feijão. *Ciência e Agrotecnologia*, 32(1), 167-173.
- Maluf, W.R. (1994) Melhoramento do Feijão-vagem: melhoramento de hortaliças. Lavras: UFLA (Apostila).
- Maluf, W. R., Barbosa, M. L., Resende, M. R. R., Costa, H. S. C. (2002) A Cultura do feijão-de-vagem. *Boletim técnico de hortaliças*, 65.
- Marcondes, M. M., Neumann, M., Marafon, F., do Rosário, J. G., Faria, M. V. (2012) Aspectos do melhoramento genético de milho para produção de silagem. *Applied Research Agrotechnology*, 5(2), 173-192.
- Mariguele, K. H., Maluf, W. R., Gomes, L. A. A., Lopes, M. J. C., Melo, O. D. D. (2008) Controle genético da qualidade da vagem em cruzamento de feijão-vagem e feijão-comum. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43(1), 47-52.
- Meziadi, C., Richard, M. M., Derquennes, A., Thareau, V., Blanchet, S., Gratiás, A., Geffroy, V. (2016) Development of molecular markers linked to disease resistance genes in common bean based on whole genome sequence. *Plant Science*, 242, 351-357.
- Montgomery, D.C.; Peck, E.A. (1981) Introduction to linear regression analysis. New York: J. Wiley, 504p.
- Nagel, A. L., Nagel, P. L., Nagel, S. D. S. A., dos Santos, C. M. G., dos Santos Silva, J. A., Capristo, D. P., de Oliveira, O. H. (2020) Desempenho agrônômico de genótipos de feijão comum do grupo carioca no ecótono Cerrado-Pantanal. *Research, Society and Development*, 9(8), e149985465-e149985465.
- Nemati, A., Sedghi, M., Sharifi, R. S., Seiedi, M. N. (2009) Investigation of correlation between traits and path analysis of corn (*Zea mays* L.) grain

- yield at the climate of Ardabil region (Northwest Iran) *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 37(1), 194-198.
- Nogueira, A. P. O., Sedyama, T., de Sousa, L. B., Hamawaki, O. T., Cruz, C. D., Pereira, D. G. (2012) Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. *Bioscience Journal*, 28(6).
- Paula, L. S., Guedes, F. R. C. M., da Silva Lobato, S. M., Lima, M. D. R., Pereira, T. S., da Silva Lobato, A. K. (2020) Genetic parameters related to gas exchange and production components in cowpea populations under drought. *Vegetos*, 33(2), 335-344.
- Peixoto, N., Braz, L. T., Banzatto, D. A., Oliveira, A. P. (2002) Adaptabilidade e estabilidade em feijão-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, 20(4), 616-618.
- Peixoto, N., Cardoso, A.I.I. (2016) Cultura do feijão-vagem In: Nascimento, W.M. (Ed.). Hortaliças Leguminosas. Brasília: Embrapa, 102-126.
- Pereira, H. S., da Costa, A. F., Melo, L. C., Del Peloso, M. J., de Faria, L. C., Wendland, A. (2013) Interação entre genótipos de feijoeiro e ambientes no Estado de Pernambuco: estabilidade, estratificação ambiental e decomposição da interação. *Semina: Ciências Agrárias*, 34(6), 2603-2613.
- Pereira, H. S., Melo, L. C., Faria, L. C. D., Del Peloso, M. J., Costa, J. G. C. D., Rava, C. A., Wendland, A. (2009) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(1), 29-37.
- Pereira, H. S., Melo, L. C., de Faria, L. C., Cabrera Diaz, J. L., Del Peloso, M. J., da Costa, J. G. C., Wendland, A. (2009) Stability and adaptability of carioca common bean genotypes in states of the central South Region of Brazil. *Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
- Petry, N., Boy, E., Wirth, J. P., Hurrell, R. F. (2015) The potential of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) as a vehicle for iron biofortification. *Nutrients*, 7(2), 1144-1173.
- Pimentel-Gomes, F., Garcia, C. H. (2002) Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos. Piracicaba: Fealq .309p.

- Polhill, R. M. (1981). Evolution and systematics of the Leguminosae. *Advances in Legume Systematics.*, 1, 1-26.
- Prezotti, L. C., Oliveira, J. A., Gomes, J. A., Dadalto, G. G. (2013) Manual de recomendação de calagem e adubação para o Estado do Espírito Santo: 5ª aproximação.
- Ramalho, M. A. P., Ferreira, D. F., Oliveira A. C. (2000) Experimentação em genética e melhoramento de plantas. *Editores UFLA*, Lavras, MG, 326p.
- Ramalho, M.A.P; Santos, J.B.; Zimmermann, M.J.O. (1993). Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 271 p.
- Regis, J. A. V. B., da Silva Molinas, V., Dos Santos, A., Correa, A. M., Ceccon, G. (2014) Estimativas de parâmetros genéticos em Genótipos de feijão-caupi de porte ereto e semiereto. *Agrarian*, 7(23), 11-19.
- Resende M. D. V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. *Embrapa Florestas*, Informação Tecnológica, Brasília. 975p.
- Resende M. D. V. (2007) Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. *Embrapa Florestas*, Colombo. 435p.
- Rocha, V. P. C., Moda-Cirino, V., Destro, D., Júnior, N. D. S. F., Prete, C. E. C. (2010) Adaptabilidade e estabilidade da característica produtividade de grãos dos grupos comerciais carioca e preto de feijão. *Semina: Ciências Agrárias*, 31(1), 39-53.
- Rodrigues, R. (1997) Análise genética da resistência ao crescimento bacteriano comum e outras características agrônômicas em *Phaseolus Vulgaris* L. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 103p.
- Sant'anna, C. Q. da S. S. (2019) Análise de Distingibilidade, Homogeneidade, Estabilidade e GT biplot na proteção de novas linhagens de feijão-de-vagem para o Norte e Noroeste Fluminense. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 78p.
- Santos, D., Haesbaert, F. M., Lúcio, A. D. C., Lindolfo, S., Cargnelutti Filho, A. (2012) Tamanho ótimo de parcela para a cultura do feijão-vagem. *Revista Ciência Agronômica*, 43(1), 119-128.

- Sebastiá, V., Barberá, R., Farré, R., Lagarda, M. J. (2001) Effects of legume processing on calcium, iron and zinc contents and dialysabilities. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 81(12), 1180-1185.
- Selan, M., Kastelec, D., Jakopič, J., Veberič, R., Mikulič-Petkovšek, M., Kacjan-Maršič, N. (2014). Hail net cover, cultivar and pod size influence the chemical composition of dwarf French bean. *Scientia Horticulturae*, 175, 95-104.
- Silva, C. A., Schimdt, E. R., Schimdt, O., Alexandre, R. S., Cattaneo, L. F., Ferreira, J. P., Nascimento, A. L. (2016) Correlações fenotípicas e análise de trilha em caracteres morfoagronômicos de mamoeiro. *Revista Agro@ambiente On-line*, 10(3), 217-227.
- Silva, G. O. D., Pereira, A. D. S., Souza, V. Q. D., Carvalho, F. I. F. D., Oliveira, A. C. D., Bertan, I., Fritsche Neto, R. (2008) Importância de caracteres na dissimilaridade de progênies de batata em gerações iniciais de seleção. *Bragantia*, 67(1), 141-144.
- Souza, Y. P. D., Santos, P. R. D., Nascimento, M. R., Costa, K. D. D. S., Lima, T. V., Oliveira, T. R. A. D., Silva, J. W. D. (2018) Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. *Ciência Rural*, 48(7).
- Torres, F. E., Teodoro, P. E., Sagrilo, E., Ceccon, G., Correa, A. M. (2015) Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. *Bragantia*, 74(3), 255-260.
- Vavilov, N.I. (1931) Linnaeus species as a system. *Bulletin Applied Botanic Genetic*, 26(3), 109-134.
- Velho, L. P. S., Gemeli, M. S., Trevisani, N., Pereira, T. C. V., Cerutti, P. H., Melo, R. C. D., Corrêa, S. C. (2017) Correlação fenotípica e efeitos diretos e indiretos de componentes da parte aérea com a distribuição radicular de feijão-comum. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 52(5), 328-334.
- Vencovsky R. (1978) Herança quantitativa. In: Patterniani E. (Coord) *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba, Marprint. 122-201.
- Venzon, M.; Paula Júnior, T. J. (2007) *Culturas – Manual de tecnologia agrícolas*. Belo Horizonte: EPAMIG –Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, 359p.

- Viana, J., Soriano, M. (2000) Generation mean analysis in relation to polygenic systems with epistasis and fixed genes. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 35(6), 1159-1167.
- Vilela, F.O. (2008) Melhoramento genético de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.): avanço de gerações via SSD, uso de índices de seleção e estatística P1 na identificação de genótipos superiores. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 145p.
- Vilhordo, B. W., Mikusinski, O. M. F., Burin, M. E., Gandolfi, V. H. (1996) Morfologia. In: Araújo, R. S., Rava, C. A., Stone, L. F., Zimmermann, M. J. De O. (Coord.). Cultura do feijoeiro comum no Brasil. Piracicaba: *Potafos*, 71-99.
- Zargar, S. M., Mahajan, R., Nazir, M., Nagar, P., Kim, S. T., Rai, V., Masi, A., Ahmad, S. M., Shah, R. A., Ganai, N. A., Agrawal, G. K., Rakwal, R. (2017) Common bean proteomics: Present status and future strategies. *Journal of proteomics*, 169, 239-248.
- Zimmermann, M. J. de O., Teixeira, M. G. (1996) Origem e evolução. In: Araújo, R. S., Rava, C. A., Stone, L. F., Zimmermann, M. J. de O. (Coord.). Cultura do feijoeiro comum no Brasil. Piracicaba: *Potafos*. 57-70.