

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

RODRIGO CHIMENEZ FRANZON

Adaptabilidade e Estabilidade de Linhagens de Feijão Comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Maringá
2014

RODRIGO CHIMENEZ FRANZON

Adaptabilidade e Estabilidade de Linhagens de Feijão Comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia do Departamento de Agronomia, Centro de Ciências Agrárias da Universidade Estadual de Maringá, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Agronomia.

Área de concentração: Produção Vegetal

Orientador: Prof^a. Dr^a. Maria Celeste Gonçalves Vidigal

Maringá
2014

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(Biblioteca Central - UEM, Maringá, PR, Brasil)

F837a Franzon, Rodrigo Chimenez
Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) / Rodrigo Chimenez Franzon. -- Maringá, 2014.
60 f. : il. color. figs., tabs.

Orientadora: Prof.^a Dr.^a Maria Celeste Gonçalves Vidigal.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, 2014.

1. MHPRVG (Método estatístico) - Melhoramento genético. 2. REML/BLUP (Método estatístico) - Melhoramento genético. 3. *Phaseolus vulgaris* L. - Interação genótipos e ambientes - Estabilidade e adaptabilidade. 4. Feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) - Produtividade. I. Vidigal, Maria Celeste Gonçalves, orient. II. Universidade Estadual de Maringá. Centro de Ciências Agrárias. Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDD 21.ed. 635.651

AMMA-003371

FICHA DE APROVAÇÃO

RODRIGO CHIMENEZ FRANZON

Adaptabilidade e Estabilidade de Linhagens de Feijão Comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia do Departamento de Agronomia, Centro de Ciências Agrárias da Universidade Estadual de Maringá, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Agronomia pela Comissão Julgadora composta pelos membros:

COMISSÃO JULGADORA

Prof^a. Dr^a. Juliana Parisotto Poletine
Universidade Estadual de Maringá

Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli
Universidade do Estado de Mato Grosso

Prof^a. Dr^a. Maria Celeste Gonçalves Vidigal
Universidade Estadual de Maringá (Presidente)

Aprovada em: 21 de fevereiro de 2014.

Local da defesa: Bloco 05, sala 01, *campus* da Universidade Estadual de Maringá

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho a minha família, pessoas que acreditam que o amanhã sempre pode ser diferente.

DEDICO COM AMOR.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, pela vida, pela proteção, por permitir que eu me torne a cada dia uma pessoa melhor, e ter me concedido mais essa conquista.

À Universidade Estadual de Maringá (UEM), em especial ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia (PGA), pela oportunidade de realizar esse curso.

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior (CAPES), pela concessão de bolsa de estudos.

À Professora doutora Maria Celeste Gonçalves Vidigal, pela orientação, incentivo, amizade e apoio durante a realização desse trabalho.

Ao Professor Dr. Pedro Soares Vidigal Filho, pelas sugestões e colaboração durante esta pesquisa.

Às doutoras Giselly Figueiredo Lacanallo e Vanusa Martins Ramos da Silva pela ajuda na execução do trabalho.

Ao professor Marco Antonio Aparecido Barelli e Juliana Parisotto Poletine pela amizade, pela ajuda nos momentos de dúvidas.

Aos amigos do Núcleo de Pesquisa aplicada à Agricultura (NUPAGRI), por todos os momentos que passamos juntos.

Aos funcionários do NUPAGRI pela amizade, favores prestados e companheirismo.

Aos secretários do PGA, Érika Cristina Sato e Reinaldo Bernardo, pelos favores prestados, pela atenção, paciência e amizade.

A todos os amigos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

EPÍGRAFE

“O único homem que nunca comete erros é aquele que nunca faz coisa alguma. Não tenha medo de errar, pois você aprenderá a não cometer duas vezes o mesmo erro”.

(THEODORE ROOSEVELT)

BIOGRAFIA

RODRIGO CHIMENEZ FRANZON, filho de Valdomiro Humberto Franzon e Maria Lúcia Chimenez Franzon, nasceu em 9 de Novembro de 1985, em Tupãssi- PR.

Em 1992, ingressou na Escola Municipal Carlos Drummond de Andrade, no município de Tupãssi-PR, concluindo o Ensino Básico em 1995.

Em 1996, ingressou no Ensino Médio no Colégio Estadual Vinícius de Moraes, concluindo-o em 2002.

Em 2004, ingressou no curso Técnico Agrícola pelo Centro Federal de Educação Tecnológica do Paraná (CEFET-PR) no *campus* de Dois Vizinhos-PR.

Em 2006, iniciou o Curso Superior em Ciências Biológicas pela Faculdade de Ciências Humanas, Biológicas e da Saúde-Unicen em Primavera do Leste-MT, onde no ano de 2010, obteve o título de Bacharel em Ciências Biológicas.

Em março de 2012, iniciou o Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, junto ao Programa de Pós-graduação em Agronomia, pela Universidade Estadual de Maringá.

Adaptabilidade e Estabilidade de Linhagens de Feijão Comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

RESUMO

Este trabalho teve como objetivo avaliar a reação a doenças e identificar linhagens superiores de feijão comum quanto à produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade. Os experimentos foram conduzidos em blocos casualizados com três repetições em quatro ambientes no estado do Paraná. A análise de adaptabilidade e estabilidade para produtividade de grãos das linhagens foi verificada em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) nos ambientes Maringá/2012, Maringá/2013, Campo Mourão/2012 e Ponta Grossa/2012, utilizando o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) por meio do modelo misto REML/BLUP. Foi realizada avaliação das principais doenças de ocorrência natural no ambiente Maringá/2012 e Maringá/2013, através de uma escala de notas que variou de 1 (resistente) a 9 (suscetível). Os resultados mostram que houve baixa correlação entre os ambientes (0,13), evidenciando que a interação é do tipo complexa. A acurácia seletiva foi de ordem moderada (0,54) e, por se tratar de uma característica de natureza quantitativa, a herdabilidade no sentido amplo para a produtividade de grãos foi baixa (0,06). A média geral dos experimentos foi da ordem de 3108 kg ha⁻¹. Quanto aos ambientes, Ponta Grossa se destaca pelas maiores produtividades chegando aos patamares de 4500 kg ha⁻¹. Os genótipos de maior valor genotípico selecionados por BLUP individual foram: CNFP 10794, CHP 01-238, LP 09-40, C 4-7-8-1-2 e CHC 98-42, com produtividade média superior à média geral em até 5%. Em relação à estabilidade e adaptabilidade conforme a estatística MHPRVG, verificou-se que as linhagens CNFP-10794, CHP 01-238, CHC 98-42, C 4-7-8-1-2 e LP 09-40 apresentaram superioridade às demais, sendo promissoras para a recomendação como cultivares comerciais. As linhagens que se destacaram nas avaliações de doenças com menores notas foram: LP 09-192, LP 09-40, TB 02-23 e TB 03-13 em Maringá/2012 e FT 08-75 e LEC 01-11 (renomeada de Flor Diniz UEM) em Maringá/2013. A análise via modelos mistos permitiu identificar genótipos superiores de feijão comum quanto à sua adaptabilidade e estabilidade de maneira clara, além de fornecer os resultados na mesma escala dos dados coletados.

Palavras-chave: MHPRVG. REML/BLUP. *Phaseolus vulgaris* L.

Yield stability and adaptability of common bean lines (*Phaseolus vulgaris* L.)

ABSTRACT

This study aimed to evaluate the response to diseases and identify superior inbred lines of common bean for grain yield, adaptability and stability. The experimental design was a randomized complete block with three replications in four environments in Paraná state. The analysis of grain yield, adaptability and stability of genotypes in the environments: Maringa/2012 Maringa/2013, Campo Mourão/2012 and Ponta Grossa/2012, was performed by the harmonic mean of the relative performance of genotypic value (HMRPGV) method, through mixed model (REML/BLUP). Evaluation of the main diseases naturally occurring in the field was performed in Maringa/2012 and Maringa/2013 environments, using a scale for diseases ranging from 1 (resistant) to 9 (susceptible). The results showed low correlation between environments (0.13), demonstrating the presence of a complex type of interaction. The accuracy was moderate, and because the grain yield is a characteristic of quantitative nature, the heritability in the broad sense was low. The overall average of the experiments was approximately 3108 kg ha⁻¹. In relation to the environments, Ponta Grossa showed the highest grain yields reaching the levels of 4500 kg ha⁻¹. The genotypes with higher genotypic values selected by individual BLUP were: CNFP 10794, CHP 01-238, LP 09-40, C 4-7-8-1-2 and CHC 98-42 with averages 5% higher than the overall mean. Regarding to the grain yield, stability and adaptability, according to the HMRPGV statistic, has been found that lines: CNFP-10794, CHP 01-238, CHC 98-42, C 4-7-8-1-2 and LP 09-40, showed superiority to other lines, being promising candidates to become new cultivars recommended to the South region of Brazil. The lines that stand out in the diseases evaluations with low scores were: LP 09-192, LP 09-40, TB 02-23 and TB 03-13 in Maringá/2012, and FT 08-75 and LEC 01-11 (renamed Flor Diniz UEM) in Maringá/2013. The analysis via mixed models allowed us to identify superior genotypes of common beans according to their grain yield, adaptability and stability, giving the fact that the results are in the same magnitude of the original data.

Keywords: HMRPGV. REML/BLUP. *Phaseolus vulgaris* L.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Características das cultivares e linhagens avaliadas nos experimentos de VCU.....	24
Tabela 2 Escala geral para avaliar a reação de linhagens de feijão para fungos e bactérias	27
Tabela 3 Notas médias das linhagens avaliadas em Maringá-PR, para as doenças antracnose (ANT), mancha angular (MA), crestamento bacteriano comum (CB) e fogo selvagem (FS) nos anos de 2012 e 2013	31
Tabela 4 Valores de AIC e teste F para o caráter produtividade de grãos (kg ha^{-1}) em quatro ambientes avaliados no estado do Paraná.....	33
Tabela 5 Estimativas dos componentes de variância (REML individual) para produtividade de grãos em 18 linhagens de feijão comum, avaliadas em quatro ambientes no estado do Paraná	35
Tabela 6 Estimativa dos componentes da média (BLUP individual) para produtividade de grãos de feijão comum	38
Tabela 7 Seleção de genótipos por ambientes, predições de efeitos ($g + ge$) e valores genéticos ($u + g + ge$) e ganhos genéticos para os 18 genótipos de feijão comum em quatro ambientes.....	41
Tabela 8 Estabilidade dos valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade dos valores genotípicos (PRVG), valores genotípicos médios capitalizados pela interação (PRVG*MG), estabilidade e adaptabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) e valores genotípicos médios nos ambientes (MHPRVG*MG) para produtividade de grãos de cultivares e linhagens de feijão comum avaliadas em quatro ambientes no Paraná nas safras de 2012 e 2013	45

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	10
2	REVISÃO DE LITERATURA	11
2.1	Classificação, domesticação e origem do feijão comum (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.).....	11
2.2	Importância socioeconômica e produção de feijão comum no Brasil.....	12
2.3	Principais doenças do feijão comum	13
2.4	Interação Genótipo × Ambiente (G×A).....	15
2.5	Adaptabilidade e Estabilidade	17
2.6	Modelo Linear Misto REML/BLUP	19
2.7	O uso de modelagem mista REML/BLUP na cultura do feijão comum.....	21
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	23
3.1	Material vegetal	23
3.2	Caracterização dos locais e instalação dos experimentos	23
3.3	Delineamento Experimental.....	27
3.4	Avaliação da incidência de doenças.....	27
3.5	Análise da adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos	28
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
4.1	Incidência de doenças.....	30
4.2	Adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos	32
5	CONCLUSÕES	46
6	REFERÊNCIAS	48

1 INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das culturas mais antigas do mundo. Esta leguminosa é considerada um dos alimentos básicos de maior importância para o consumo humano, devido ao fato de possuir componentes essenciais à dieta humana como carboidratos, vitaminas e minerais (ANGIOI et al., 2010). Cultivado em aproximadamente 100 países, os principais produtores de feijão comum são Myanmar, Índia, Brasil, China e Estados Unidos da América (FAO, 2013). O Brasil destaca-se como o maior consumidor de feijão comum (MAPA, 2013).

Esta cultura apresenta ampla adaptabilidade edafoclimática, sendo então passível de cultivo em múltiplos sistemas agrícolas, o que favorece a diversificação na produção (BROUGHTON et al., 2003; ELIAS et al., 2007; SILVA et al., 2003). Mesmo se destacando entre os principais produtores, a produtividade brasileira ainda é considerada baixa (910 kg ha⁻¹), devido a fatores abióticos e bióticos que afetam a cultura (BEEBE et al., 2013).

Um dos objetivos dos programas de melhoramento genético de feijão comum é a identificação de linhagens que apresentam alta capacidade produtiva. Assim, a identificação de linhagens com estabilidade e adaptabilidade ampla se torna uma alternativa viável e segura na indicação de novas cultivares (RIBEIRO et al., 2008).

Para tanto, a utilização da modelagem mista pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e pelo procedimento do Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP) tem demonstrado ser um importante método para avaliação da interação genótipo × ambiente (G×A), bem como nas estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos genotípicos.

Com o uso do REML/BLUP é possível gerar estimativas não tendenciosas dos parâmetros pelo REML, e prever valores genotípicos pelo procedimento BLUP, levando à maximização do ganho genético, por avaliar e ordenar as linhagens candidatas à seleção com maior precisão (RESENDE, 2002). Esta metodologia apresenta-se eficiente na predição de ganhos genéticos quando aplicada em experimentos em diversos locais (CHIORATO et al., 2008; RESENDE, 2002).

Diante o exposto, este trabalho teve por objetivo avaliar a adaptabilidade e estabilidade de linhagens que compõe o ensaio VCU Regional Sul com intuito de identificar linhagens superiores de feijão comum em relação à produtividade de grãos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Classificação, domesticação e origem do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

O feijão comum, *Phaseolus vulgaris* L., pertence à ordem Fabales, família Fabaceae (CRONQUIST, 1988). Esta família inclui mais de 19000 espécies, que se diferem quanto ao hábito de crescimento e ao potencial econômico explorado. O gênero *Phaseolus* compreende aproximadamente 55 espécies, sendo que apenas cinco são cultivadas, sendo elas: o feijão comum (*Phaseolus vulgaris*), feijão de lima (*P. lunatus*), o feijão ayocote (*P. coccineus*), feijão tepari (*P. acutifolius*) e o *P. polyanthus* (EMBRAPA, 2013).

O feijão comum, possivelmente, tem origem Mexicana (BITOCHI et al., 2013). Sua expansão para a América do Sul resultou no surgimento de dois principais *pools* gênicos distintos geograficamente. Sendo originário das Américas e domesticado inicialmente no período pré-colombiano por povos indígenas (MENSACK et al., 2010), a domesticação de *Phaseolus vulgaris* L. ocorreu independentemente nas regiões Andinas e Mesoamericanas, as quais deram origem aos dois centros primários de diversidade (ANGIOI et al., 2010).

O feijão comum foi domesticado há mais de 10000 anos, e, tanto sua origem quanto domesticação, podem ser explicadas por meio dos estudos de análises eletroforéticas de faseolina (proteína de reserva das sementes do feijão comum) e também por isoenzimas, marcadores RFLPs e DNA mitocondrial (GEPTS, 1988; SINGH et al., 1991a; KHAIRALLAH et al., 1992; HALEY et al., 1994; BURLE et al., 2010).

Os genótipos Mesoamericanos apresentam sementes pequenas e proteína faseolina do tipo S. Já os Andinos possuem sementes graúdas e proteína faseolina do tipo T, C, H e A (GEPTS, 1986).

Zhang et al. (2008) e Angioi et al. (2010) relataram a existência de centros de origem secundários. Estes ocorreram a partir da introdução de plantas pertencentes aos dois centros de origem principais, seguida de cruzamentos e isolamento geográfico em pequenas regiões, onde se praticava a agricultura por pequenos produtores.

Burle et al. (2010), em estudos com marcadores moleculares, observaram que o Brasil, apesar de não ser considerado como centro de origem, possui ampla variabilidade da espécie, justificada através da história da disseminação da cultura em épocas de pré e pós-colonização

européia. Esses autores relataram que o Brasil pode ser considerado um centro secundário de diversidade da espécie.

Os feijões pertencentes ao conjunto gênico Andino são subdivididos nas raças: Nova Granada, Peru e Chile, os quais apresentam grande diversidade de cores e formatos, mas são caracterizados principalmente por possuírem grãos graúdos. Os feijões pertencentes ao conjunto gênico Mesoamericano são subdivididos em: Durango, Jalisco e Mesoamerica, caracterizados pelo tamanho menor do grão (SINGH et al., 1991a; BEEBE et al., 2000; CHACÓN et al., 2005; CORTÉS et al., 2011; BEEBE et al., 2013).

Estudos realizados por Singh et al. (1991b) e Beebe et al. (2000) demonstram que o conjunto gênico Mesoamericano apresenta maior variabilidade genética quando comparado ao conjunto gênico Andino. Do mesmo modo, as variedades mesoamericanas destacam-se como as mais produtivas e resistentes a estresses bióticos e abióticos, apresentando maior qualidade comercial (SANTALLA et al., 2010).

A ocorrência do fluxo gênico dentro e entre os conjuntos gênicos resulta em fenótipos que se distanciam de uma única raça ou um único centro de origem. Este fato leva à necessidade de mais estudos da estrutura genética populacional e suas relações com os conjuntos Andino e Mesoamericano, colaborando assim com os programas de melhoramento genético de feijão comum (ASFAW et al., 2009; BLAIR et al., 2010).

2.2 Importância socioeconômica e produção de feijão comum no Brasil

A cadeia produtiva do feijão comum, desde o preparo do solo para semeadura até o produto embalado nas prateleiras do mercado, gera ocupação e renda principalmente para a classe menos favorecida, tornando o feijão comum um dos produtos agrícolas de maior importância socioeconômica (GONÇALVES et al., 2010). Além disso, é considerado um dos alimentos mais tradicionais na dieta alimentar humana, por ser uma excelente fonte de proteínas, ferro, cálcio, magnésio, zinco, vitaminas do complexo B, carboidratos, lisina e fibras (MESQUITA et al., 2007; ANGIOI et al., 2010).

Entre os maiores produtores mundiais, o Brasil destaca-se como sendo o terceiro maior produtor (FAO, 2013) e o maior consumidor de feijão comum (MAPA, 2013). De acordo com os dados da FAO (2013), a produção brasileira totalizou 2,83 milhões de toneladas na safra 2012/2013. Estima-se que o consumo médio do grão pelo brasileiro seja de 17 quilos por ano (WANDER e FERREIRA, 2013).

Aproximadamente 85% da produção nacional de feijão comum se concentra em oito estados produtores: Paraná, Minas Gerais, Mato Grosso, São Paulo, Goiás, Bahia, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, onde são realizadas até três safras anuais: 1ª safra ou “das águas” que compreende os meses de Agosto a Dezembro nas regiões Sul, Sudeste e sul da Bahia; a 2ª safra ou “da seca” nos meses de Janeiro a Julho para todas as regiões brasileiras; e a 3ª safra ou “de inverno” que pode ser irrigado ou sequeiro, podendo ser implantada entre os meses de Maio a Agosto concentrando-se nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Goiás e Bahia (LOLLATO et al., 2001).

A região Sul do Brasil, constituída pelos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, é a maior região produtora, contribuindo com aproximadamente 31% da produção nacional. Dentre estes estados, o Paraná destaca-se como principal produtor nacional, contribuindo aproximadamente com 23% da produção brasileira em área total de 480 mil hectares, onde foram produzidas 658,4 mil toneladas de feijão na safra 2012/2013, alcançando rendimento médio de 1372 kg ha⁻¹ (CONAB, 2013).

Segundo dados da Conab (2013), as regiões Sudeste e Centro-Oeste contribuem com 29 e 20% da produção Nacional, respectivamente. Na região Centro-Oeste, o estado do Mato Grosso destaca-se como maior produtor, atingindo produção de 285,9 mil toneladas em uma área plantada de 205,4 mil hectares, resultando em uma produtividade de 1.392 kg ha⁻¹, posicionando-se como o terceiro maior produtor nacional. Na região sudeste o destaque em produção de grãos é para Minas Gerais com 564,8 mil toneladas, seguido de São Paulo com 244,4 mil toneladas.

Sartorato et al. (1991) e Maringoni et al. (1994) ressaltam vários fatores podem interferir na obtenção da produtividade elevada, tais como: má correção da acidez do solo, sucessão de culturas, adubação desordenada, manejo fitossanitário inadequado, utilização de sementes com baixa sanidade, estresse hídrico (excesso ou falta de água) e principalmente pela diversidade de agentes patogênicos que atacam a cultura do feijão.

2.3 Principais doenças do feijão comum

Entre os fatores responsáveis por ocasionar prejuízos e perdas na produção de feijão comum estão as doenças, responsáveis pela redução da qualidade fisiológica, sanitária, nutricional e comercial da cultura (ALZATE-MARIN et al., 2005). Bianchini et al. (1989)

apontam como causas dessas doenças: os fungos, bactérias, nematoides e vírus, o que limita sua produção.

A antracnose, cujo agente causal é o *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magnus) Briosi & Cavara, é considerada a principal doença fúngica, uma vez que sob condições ambientais favoráveis pode ocasionar perdas elevadas na produtividade (ADAM-BLONDON et al., 1994). Além disso, conforme afirmam Souza et al. (2007), apresenta ampla variabilidade patogênica, constatada pela ocorrência de várias raças nas regiões de cultivo do feijão comum no mundo, o que dificulta a durabilidade da resistência das cultivares.

De acordo com Zaumeyer e Thomas (1957), o patógeno *C. lindemuthianum* é capaz de desenvolver sintomas em todos os órgãos da parte aérea da planta. Na semente, pode apresentar lesões levemente deprimidas com cor marrom e bordas escuras facilmente observadas nas sementes de tegumento claro. Nos cotilédones, logo após a emergência das plântulas, são observadas lesões marrom-escuras ou negras, devido à presença do inóculo do fungo nas sementes.

Nas nervuras das folhas, no caule e no pecíolo, apresentam-se como manchas necróticas, de cor marrom escura e com bordas avermelhadas. Nas vagens, são encontradas as lesões mais características da doença sendo arredondadas, deprimidas e de cor escura, nas quais em condições de elevada umidade relativa do ar, desenvolve-se uma massa rósea de esporos (ZAUMEYER e THOMAS, 1957).

Vale acrescentar que no Brasil, já foram identificadas mais de 73 raças desse patógeno (NUNES et al., 2013). Este fato o classifica como um dos países com maior diversidade de *C. lindemuthianum*, evidenciado pelo elevado número de raças (29,55% do total de raças identificadas).

Outra doença importante para a cultura do feijão comum é a mancha angular (*Pseudocercospora griseola*) Sacc. Crous e U. Braun, cujos sintomas podem ser visualizados em toda parte aérea da planta. Nas folhas trifoliadas, são vistos os sintomas típicos da doença, lesões de forma angular entre as nervuras, sendo comum a presença de várias lesões na mesma folha, causando necrose parcial, amarelecimento das folhas e sua queda prematura. Nas vagens as lesões são ovais ou circulares de coloração marrom avermelhada e prejudicam a formação da semente (VIEIRA et al., 2006; MELO et al., 2008).

Até o final da década de 1980, a mancha angular era vista como uma doença de pouca importância econômica, pois ocorria somente no final do ciclo da cultura, não comprometendo a produção. Nos últimos anos, têm ocorrido surtos cada vez mais precoces e

intensos da doença, que resultam em grandes perdas na produção (70-80%) nas regiões produtoras de feijão comum. Atualmente, mais de 51 raças de *P. griseola* foram identificadas no Brasil (SARTORATO, 2004).

Dentre as doenças bacterianas está o crestamento bacteriano comum, causado pela bactéria *Xanthomonas axonopodes* pv. *Phaseoli* (Smith) e por sua variante *fuscans*, a doença bacteriana mais importante da cultura do feijão comum. Apresenta pequenas manchas com aspecto encharcado e translúcido nas folhas, onde sua evolução faz com que as manchas adquiram maior tamanho e coloração parda. Nas vagens e caules, as lesões podem se apresentar como deprimidas e encharcadas. As sementes são enrugadas e podem perder a coloração do hilo, originando plantas de porte reduzido (VIEIRA et al., 2006; TEBALDI et al., 2010).

Outra doença bacteriana de importância é o fogo selvagem (*Pseudomonas syringae* pv. *tabaci*), ou areolado do feijão comum. Seus sintomas nos folíolos consistem em pequenas manchas necróticas de cor marrom-clara circundadas por pronunciados halos amarelados nas margens bem definidas. As lesões podem aumentar de tamanho e causar crestamento foliar, amarelecimento sistêmico e deformação do folíolo, ocasionando perdas na produtividade (MOORE, 1988).

Para o controle eficaz dessas doenças diversas estratégias são utilizadas, tais como: tratamento químico das sementes, remoção dos restos culturais e rotação de culturas, sendo que o uso de cultivares resistentes e o plantio de sementes sadias são mais eficientes (PASTOR-CORRALES e TU, 1994; CARBONELL et al., 1999; MAHUKU e RIASCOS, 2004; REY et al., 2005; COUTO et al., 2008).

2.4 Interação Genótipo × Ambiente (G×A)

A interação G×A é definida como a alteração na performance relativa dos genótipos em virtude das diferenças ambientais, fenômeno natural que faz parte da evolução das espécies (BORÉM, 1997; MONTALVÁN e MONTAÑO-VELASCO, 1999). Em complementariedade, Cruz e Regazzi (2001) relatam que, em determinado ambiente, a manifestação fenotípica é o resultado da ação do genótipo sob influência do meio, mas quando considerados mais de dois ambientes diferentes, além dos efeitos genéticos e ambientais, ocorre um efeito adicional de interação entre eles.

A cultura do feijão comum ocorre sob diferentes condições de ambientes e níveis tecnológicos, essas condições, aliadas às diferenças entre genótipos e à interação $G \times A$, são as principais responsáveis pelas variações na produtividade de grãos. A interação $G \times A$ tem sido um desafio para a indicação de cultivares e para a seleção de linhagens em programas de melhoramento desta cultura. Isto devido ao fato de resultar em estimativas viesadas dos parâmetros genéticos, sendo a seleção realizada como base em médias de vários ambientes, não havendo certeza da seleção na indicação de genótipos superiores em cada ambiente (ELIAS et al., 2007).

Para detectar a interação $G \times A$, os diferentes genótipos devem ser avaliados em dois ou mais ambientes (MONTALVÁN e MONTAÑO-VELASCO, 1999). Estas interações podem ser demonstradas em testes estatísticos, desde que haja diferentes genótipos, testados em diferentes ambientes e com repetições destes genótipos em cada ambiente (FONSECA JÚNIOR, 1999). A interação $G \times A$ é de natureza complexa, pois quando este efeito é significativo, o trabalho de seleção é dificultado podendo causar erros na indicação de materiais para exploração comercial. Isto é decorrente da falta da correlação entre o fenótipo e o genótipo, como citado anteriormente (COIMBRA et al., 1999; CARMO et al., 2007).

Neste sentido, existem duas estratégias básicas para atenuar os efeitos da interação $G \times A$. Os genótipos com adaptabilidade específica para cada ambiente poderiam ser recomendados para determinados locais, e a outra estratégia seria a obtenção de genótipos sem interação $G \times A$. A estratificação do ambiente em sub-regiões mais homogêneas facilita a seleção de genótipos mais estáveis, porém, a interação pode continuar significativa devido ao efeito de ano (EBERHART e RUSSEL, 1966). Assim, mesmo após a estratificação dos ambientes, há necessidade de identificar cultivares de alta estabilidade ou previsibilidade fenotípica.

Para tanto, são empregadas distintas metodologias que visem fornecer parâmetros para a caracterização da performance fenotípica em relação as variações ambientais. Vale destacar a utilização de análises da estabilidade e da adaptabilidade dos genótipos, tornando o processo de indicação de cultivares mais seguro (ALLIPRANDINI et al., 1994; PEREIRA et al., 2008).

Elias et al. (2007) avaliaram 24 genótipos do grupo preto e carioca e identificaram a linhagem CHC 90-1535, que posteriormente foi lançada como cultivar sob a denominação de SCS 202 Guará, a qual demonstrou adaptabilidade e estabilidade no estado de Santa Catarina.

Estudos realizados por Ribeiro et al. (2008), ao avaliarem a adaptação e a estabilidade da produção de linhagens-elite de feijão para o cultivo no estado do Rio Grande do Sul (RS),

identificaram os genótipos CHP 99-54 e SCS 202 Guará com ampla adaptação e estabilidade de produção, apresentando produtividade de grãos acima da média geral. Os mesmos foram indicados para o Registro Nacional de Cultivares (RNC), para o cultivo no Rio Grande do Sul, pelo programa de melhoramento obtentor de cultivar.

Rocha et al. (2010), realizando trabalhos de avaliação de estabilidade e adaptabilidade de produtividade de grãos das linhagens fixadas e cultivares de feijão comum do grupo comercial carioca e do grupo comercial preto, oriundas do programa de melhoramento genético do Instituto Agrônomo do Paraná, indicaram as linhagens LP 06 22, LP 06 04, LP 06 52, LP 06 54, LP 06 65 e LP 06 73 com ampla adaptabilidade e estabilidade com alto potencial produtivo para o estado do Paraná.

Desta forma, os programas de melhoramento buscam genótipos de maior valor genotípico em relação aos valores de ambiente e da interação $G \times A$, ou aqueles que agreguem todos os componentes fenotípicos positivos. A estabilidade na produtividade é um dos aspectos mais relevantes em muitas análises em vários ambientes (PIEPHO, 1999). Com o conhecimento da magnitude da interação $G \times A$, é possível avaliar a estabilidade e adaptabilidade dos genótipos, revelando assim o potencial produtivo das cultivares e suas limitações nos diversos ambientes de estudo (CONTRERAS e KRARUP, 2000; MORA et al., 2007).

2.5 Adaptabilidade e Estabilidade

De acordo com Eberhart e Russel (1966), a cultivar ideal é aquela que apresenta adaptabilidade geral (capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente os estímulos ambientais) e uma alta previsibilidade (capacidade de ser estável), mantendo bom desempenho quando as condições ambientais forem desfavoráveis.

Várias metodologias de análise da estabilidade e adaptabilidade produtiva de genótipos são desenvolvidas para auxiliar o trabalho dos melhoristas de plantas, na difícil tarefa de identificar cultivares superiores na presença de interação $G \times A$ quando significativa (ESKRIDGE, 1990). Um dos primeiros métodos estatísticos desenvolvidos para avaliar a estabilidade fenotípica dos genótipos foi proposto por Yates e Cockran (1938), que se fundamentava na avaliação do comportamento individual de genótipos quando testados em vários ambientes. Baseados em análise de variância conjunta, estes autores sugerem que o

genótipo mais estável é aquele que apresenta a menor variância, ou seja, o menor quadrado médio de resíduo nos vários ambientes.

Existem mais de uma dezena de metodologias de análise de adaptabilidade e de estabilidade destinadas à avaliação de grupos de genótipos, testados numa série de ambientes. Estas metodologias são fundamentadas na existência de interações e distinguem-se nos conceitos de estabilidade adotados e em certos princípios estatísticos empregados. Vale acrescentar que a escolha de um método de análise depende dos dados experimentais, principalmente os relacionados ao número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada. Deve-se também considerar que alguns são alternativos, enquanto outros são complementares, podendo ser utilizados conjuntamente (CRUZ e REGAZZI, 2001).

Dentre as diversas metodologias existentes destacam-se as metodologias baseadas em regressão linear, tais como as metodologias propostas por Finlay e Wilkinson (1963) e Eberhart e Russel (1966). Além destas, existem metodologias baseadas em análise de variância (ANAVA), quais sejam, o método tradicional, Plaisted e Peterson (1959), Wricke (1965), e Annicchiarico (1992). Há também outras baseadas em regressão bilinear, como a proposta por Verma et al. (1978), bem como as metodologias baseadas em regressão linear bissegmentada, proposta por Cruz et al. (1989), ambas originadas a partir da ideia de regressão linear simples. Por sua vez, metodologias baseadas em análises não-paramétricas vêm sendo bastante utilizadas, tais como as metodologias propostas por Lin & Binns (1988) e Huehn (1990), as quais se mostram positivamente correlacionadas com as demais (LIN & BINNS, 1988; HELGADÓTTIR e KRISTJÁNSDÓTTIR, 1991; FARIAS et al., 1997), além de proporcionarem fácil interpretação dos resultados obtidos.

No entanto, existem outras metodologias propostas para o estudo da interação $G \times A$, e para a análise da estabilidade e adaptabilidade, assim como a proposta por Eskridge (1990), a análise AMMI (*additive main effects and multiplicative interaction analysis*), dentre outras que não vêm sendo muito utilizadas pelos melhoristas de plantas. Esta última combina técnicas univariadas e multivariadas de análise para um estudo mais eficiente da interação $G \times A$.

Todos os métodos desenvolvidos procuram estabelecer modelos capazes de melhor interpretar a estabilidade e adaptabilidade fenotípica, e assumem em geral, que os efeitos de tratamentos genéticos são fixos, o que é desvantajoso e incoerente com a prática simultânea da estimação de componentes de variância e de parâmetros genéticos. Quando os efeitos de

tratamentos são considerados fixos, a seleção é fenotípica. Para que a seleção seja genética, tais efeitos devem ser considerados aleatórios (RESENDE, 2004).

Resende (2002) fornece uma análise com o seu respectivo estimador, concluindo que a metodologia apresentada permite não só uma descrição contínua da estabilidade genética dos materiais, fornecendo uma distribuição coerente com a natureza quantitativa do caráter estabilidade, como também permite uma classificação discreta dos genótipos em estáveis e não estáveis.

No contexto de modelos mistos, segundo Resende (2004), a seleção considerando simultaneamente estabilidade e adaptabilidade, pode ser feita por meio da estatística da Média Harmônica da Performance Relativa do Valor Genético (MHPRVG) preditos. Isso ocorre devido ao fato de considerar os efeitos genotípicos como aleatórios, além de permitir lidar com heterogeneidade de variâncias. Além disso, é possível realizar análises com dados não balanceados, delineamentos não ortogonais e considerando os erros correlacionados dentro de locais. Desta forma, fornece valores genéticos já descontados da instabilidade e gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado.

2.6 Modelo Linear Misto REML/BLUP

O tratamento dos dados experimentais por meio de metodologias de modelos mistos proporciona grande flexibilidade de análises e procura minimizar a dificuldade de análises comparativas entre materiais alocados em diferentes ensaios, principalmente quando desbalanceados por perdas de parcelas ou mesmo por existirem ensaios com diferentes números de tratamentos e/ou repetições (RESENDE, 2004).

A utilização de modelos lineares mistos considera efeitos de natureza fixa e aleatória com dupla utilidade, além do erro experimental, associados aos dados experimentais, servem para estimar médias de blocos pelo Método dos Mínimos Quadrados Generalizados (GLS) e para prever valores genéticos aditivos de indivíduos, nos testes de progênie de meio-irmãos. A análise de variância de um modelo misto tem suas particularidades, como a composição das esperanças matemáticas dos quadrados médios, onde seu entendimento permite o estabelecimento correto dos testes de hipóteses (CUNNINGHAM e HENDERSON, 1968; HENDERSON, 1973).

O grande interesse para os programas de melhoramento é a ordenação dos tratamentos genéticos. Para tanto, um ótimo procedimento para a predição dos valores genotípicos é o

Melhor Preditor Linear não Viesado-BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*), também considerado preditor de mínimos quadrados do erro e não viesados (RESENDE, 2007). Este procedimento leva em consideração tratamentos genéticos de efeitos aleatórios, o qual permite a recuperação de valores genotípicos, possibilitando maior acurácia preditiva. Isso é devido ao fato de que as predições dos efeitos aleatórios estão direcionadas à média geral, pelo efeito de *shrinkage* (efeito de redução), penalizando predições baseadas em pequenas amostras (RESENDE, 2007).

A estimação dos valores genotípicos via BLUP depende dos componentes de variância associados aos efeitos aleatórios do modelo e, para tanto, uma das metodologias mais utilizadas é a estimativa por meio de Máxima Verossimilhança Restrita-REML (*Restricted Maximum Likelihood*) (PATTERSON e THOMPSON, 1971). Resende (2002) relata que esta metodologia é a mais adequada para análise de dados desbalanceados e quando os dados são balanceados é tão eficiente quanto outros métodos, para fins de classificação de tratamentos genéticos.

A importância das estimativas de parâmetros genéticos por REML em modelos mistos deve-se ao fato de gerar estimativas não tendenciosas dos parâmetros em relação aos demais estimadores. Esta metodologia permite análises com maiores demandas computacionais e possui propriedades estatísticas superiores quando comparadas àquelas do método dos mínimos quadrados, para a estimativa dos parâmetros genéticos com dados desbalanceados (SEARLE et al., 1992).

Piepho e Möhring (2006) relataram a respeito do uso de modelos lineares mistos para etapas finais de seleção de cultivares utilizando ensaios de VCU que são obrigatoriamente estabelecidos em vários ambientes, em situações onde há heterogeneidade das variâncias. Estudos realizados por Resende (2007) e Piepho et al. (2008), consideraram o efeito genético como sendo de efeito aleatório, possibilitando a estimativa de componentes de variância de cultivares, obtenção de valores genéticos e a utilização de metodologias de modelos lineares mistos. Bertoldo et al. (2009) constataram a estimativa adequada dos componentes da variância como sendo necessária na estimação dos efeitos dos genótipos. Desse modo, o método mais eficaz é o BLUP.

Vários estudos com dados em diferentes condições de desbalanceamento envolvendo várias culturas perenes e anuais tiveram conclusões em que a modelagem mista é vantajosa por lidar facilmente com desbalanceamentos e por permitir ordenação de tratamentos de maneira acurada. Além disso, em várias situações são aplicadas metodologias de modelos

mistos que retornam medidas de adaptabilidade e estabilidade relativas aos efeitos genotípicos (RESENDE et al., 1996; RESENDE et al., 2001; PINTO JÚNIOR, 2004; BASTOS et al., 2007; CARBONELL et al., 2007; ARNHOLD et al., 2009; VERARDI et al., 2009).

2.7 O uso de modelagem mista REML/BLUP na cultura do feijão comum

O uso de modelos mistos em plantas anuais ainda é raro, principalmente na cultura do feijão comum. Estes métodos são comumente usados em culturas perenes, no entanto, percebe-se o aumento do uso destas metodologias devido às suas vantagens em estimar parâmetros genéticos e predizer valores genotípicos a partir de dados não balanceados e homocedásticos.

Com isso, autores relatam a superioridade dos modelos mistos na avaliação de linhagens. Chiorato et al. (2008), em estudos de predição de valores genotípicos e estimação de parâmetros genéticos com linhagens de feijão comum em 25 ambientes no estado de São Paulo, concluíram que o uso da metodologia REML/BLUP mostra-se efetivo na seleção de genótipos e que pode ser usada rotineiramente nos programas de melhoramento de feijão. Conforme Baldissera et al., (2012), a associação do BLUP às análises dialélicas possibilita identificar populações segregantes promissoras, permitindo rapidez no desenvolvimento de novas cultivares.

Desse modo, na decomposição dos componentes da variância fenotípica para rendimento de grãos, uma vez empregado um método eficiente, se torna mais rápido e fácil a geração de informações que auxiliam os programas de melhoramento genético. Bertoldo et al. (2009), em avaliações de feijão do tipo comercial preto, revelaram que entre os componentes da variância fenotípica, o que mais interfere é o ambiental.

Ainda segundo Bertoldo et al. (2009), com o uso de ferramentas sofisticadas, tais como, métodos estatísticos inovadores e superiores aos que são utilizados frequentemente, vem a somar para o melhoramento genético. Os autores relatam que o uso do BLUP possibilita ao melhorista selecionar indivíduos em função dos maiores valores genéticos preditos, ou seja, os que possuem maior variância genética, permitindo maiores ganhos com a seleção.

Robinson (1991) acrescenta que a utilização de modelos lineares mistos em avaliações de efeitos do fator principal, ambiente e o da interação $G \times A$, por meio do BLUP, é uma técnica aprimorada que estima o mérito genético do genótipo. Um motivo pertinente para se

adotar um modelo linear misto é a possibilidade de se fazer a predição de fatores de efeito aleatório na presença de fatores de efeito fixo ou vice-versa, por meio do BLUP, o que é de grande importância no melhoramento de plantas (McLEAN et al., 1991; ROBINSON, 1991).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material vegetal

No presente estudo foram utilizadas 14 linhagens provenientes dos principais programas de melhoramento de feijão do sul do país aderidos à Comissão Técnica Sul Brasileira de Feijão (CTSBF), e quatro testemunhas comerciais (Pérola, IPR Campos Gerais, IPR Uirapuru e CNFP 10104) que compõem o ensaio de VCU da rede Sul Brasileira de Feijão para registro e recomendação de cultivares, biênio 2012/2013 (Tabela 1).

3.2 Caracterização dos locais e instalação dos experimentos

Os experimentos foram realizados na “safra das águas” em Maringá (23°23'S - 51°57'O), nos anos de 2012 e 2013, Campo Mourão (24°02'S - 52°21'O) e Ponta Grossa (25°10'S - 50°08'O), ambos no ano de 2012, situados no estado do Paraná. Esses locais são recomendados para cultivo do feijão na “safra das águas” segundo o Zoneamento Agrícola de Risco Climático regido pelo Ministério da Agricultura (MAPA, 2014b).

Os experimentos de Maringá foram semeados no dia 24/08/2012 e 06/09/2013, na área experimental do Centro Técnico de Irrigação (CTI) do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual de Maringá (UEM), caracterizado com um solo do tipo Nitossolo Vermelho Distroférrico (EMBRAPA, 1999), com clima do tipo *Cfa* segundo carta climática de Köppen, clima subtropical que possui verões quentes e chuvosos, geadas pouco frequentes e sem estação seca definida. Vale considerar que a altitude do local é de 540 metros com condições climáticas de temperatura e precipitação pluviométrica apresentados nas Figuras 1 e 2.

O plantio foi realizado em sistema convencional em sulcos, com adubação conforme necessidade da cultura e análise de solo, variando de local para local. Em Maringá, foram usados no momento da semeadura 600 kg ha⁻¹ de formulado NPK 04-14-08. Após a emergência das plântulas realizou-se controle de plantas daninhas com aplicação de herbicidas indicados para cultura. Aos 25 dias após emergência foram realizadas adubações de cobertura com sulfato de amônio e cloreto de potássio, totalizando 45 quilos de nitrogênio, 84 quilos de fósforo e 78 quilos de potássio por hectare.

Aplicações com inseticida foram realizadas sempre que a quantidade de pragas atingiu o nível de controle. Não foram realizadas aplicações com fungicidas. As irrigações por aspersão, por sua vez, foram realizadas sempre quando necessário, a fim de manter a umidade satisfatória para o bom desenvolvimento da cultura.

Tabela 1. Características das cultivares e linhagens avaliadas nos experimentos de VCU

Nº	Cultivar/Linhagem	Obtentor	Grupo comercial	Cor do grão
1	Pérola	EMBRAPA ^a	Carioca	Bege com listra marrom
2	IPR Campos Gerais	IAPAR ^b	Carioca	Bege com listra marrom
3	IPR Uirapuru	IAPAR	Preto	Preto
4	CNFP 10104	CNPAF ^c	Preto	Preto
5	C 4-7-7-2-2	IAC ^d	Carioca	Bege com listra marrom
6	C 4-7-8-1-2	IAC	Carioca	Bege com listra marrom
7	CHC 98-42	EPAGRI ^e	Carioca	Bege com listra marrom
8	CHP 01-238	EPAGRI	Preto	Preto
9	CNFC 10762	CNPAF	Carioca	Bege com listra marrom
10	CNFP 10794	CNPAF	Preto	Preto
11	FT 08-47	FT SEMENTES	Carioca	Bege com listra marrom
12	FT 08-75	FT SEMENTES	Carioca	Bege com listra marrom
13	LEC 01-11	UEM ^f	Carioca	Bege com listra marrom
14	LEP 02-11	UEM	Preto	Preto
15	LP 09-192	IAPAR	Preto	Preto
16	LP 09-40	IAPAR	Carioca	Bege com listra marrom
17	TB 02-23	CPACT ^g	Preto	Preto
18	TB 03-13	CPACT	Cores	Amarelo escuro

^a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; ^b Instituto Agrônomo do Paraná; ^c Centro Nacional de Pesquisa Arroz e Feijão; ^d Instituto Agrônomo de Campinas; ^e Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina; ^f Universidade Estadual de Maringá; ^g Centro de Pesquisa Agropecuária de Clima Temperado.

Em Ponta Grossa, o experimento foi instalado no dia 19/11/2012 na estação experimental da FT-Sementes, onde o clima é classificado como *Cfb*, clima temperado, verões frescos, sem estação seca definida. O solo foi classificado como Latossolo Vermelho Escuro Álico (CAMARGO et al., 1987). O local tem altitude de 763 metros e as condições climáticas de temperatura e precipitação pluviométrica são apresentados na Figura 3.

O experimento de Campo Mourão foi conduzido no Campus da Faculdade Integrado, sendo a altitude de 530 metros, solo classificado como Latossolo Vermelho Distroférico (EMBRAPA, 1999), clima do tipo *Cfa* segundo carta climática de Köppen, do tipo subtropical úmido, que possui verões quentes e chuvosos, geadas pouco frequentes e sem estação seca definida. As condições climáticas de temperatura e precipitação pluviométrica são apresentadas na Figura 4.

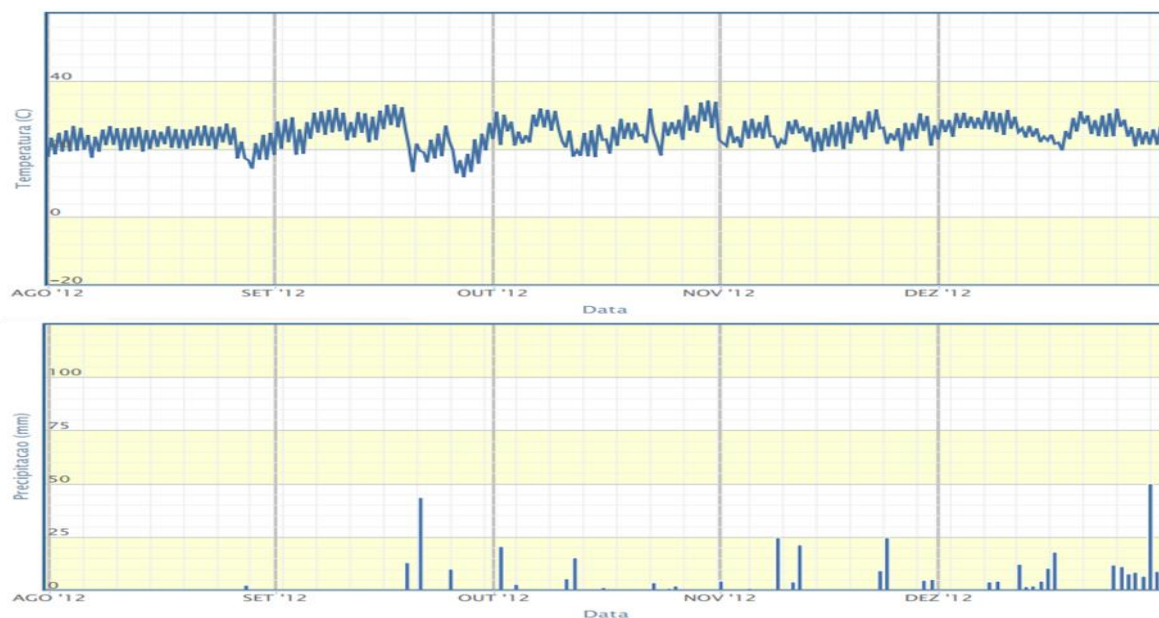


Figura 1. Dados climatológicos de temperatura e precipitação pluviométrica para Maringá no período de Agosto a Dezembro de 2012.

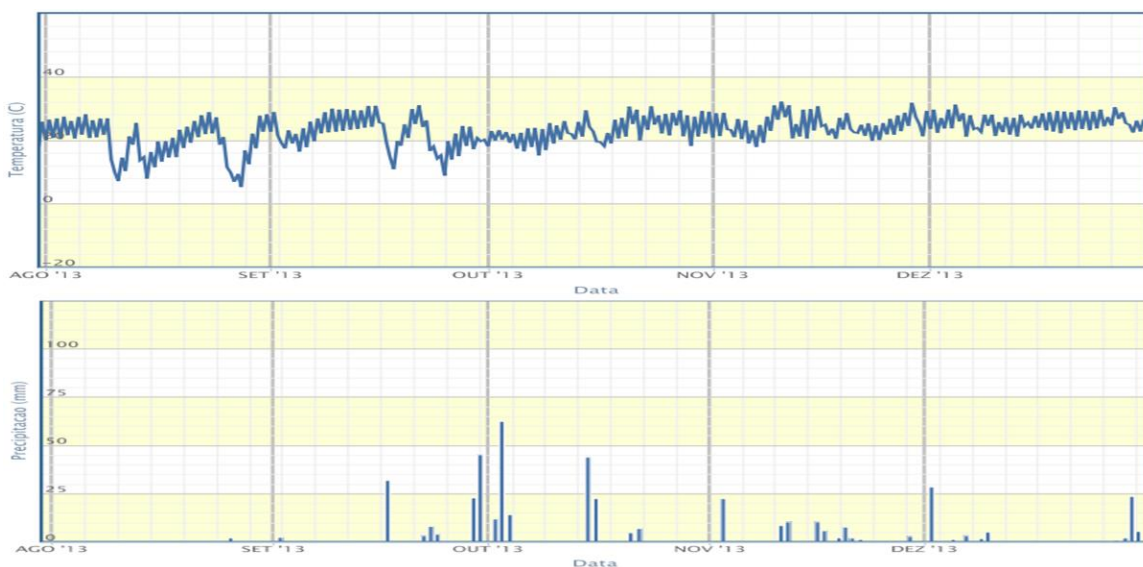


Figura 2. Dados climatológicos de temperatura e precipitação pluviométrica para Maringá no período de Agosto à Dezembro de 2013.

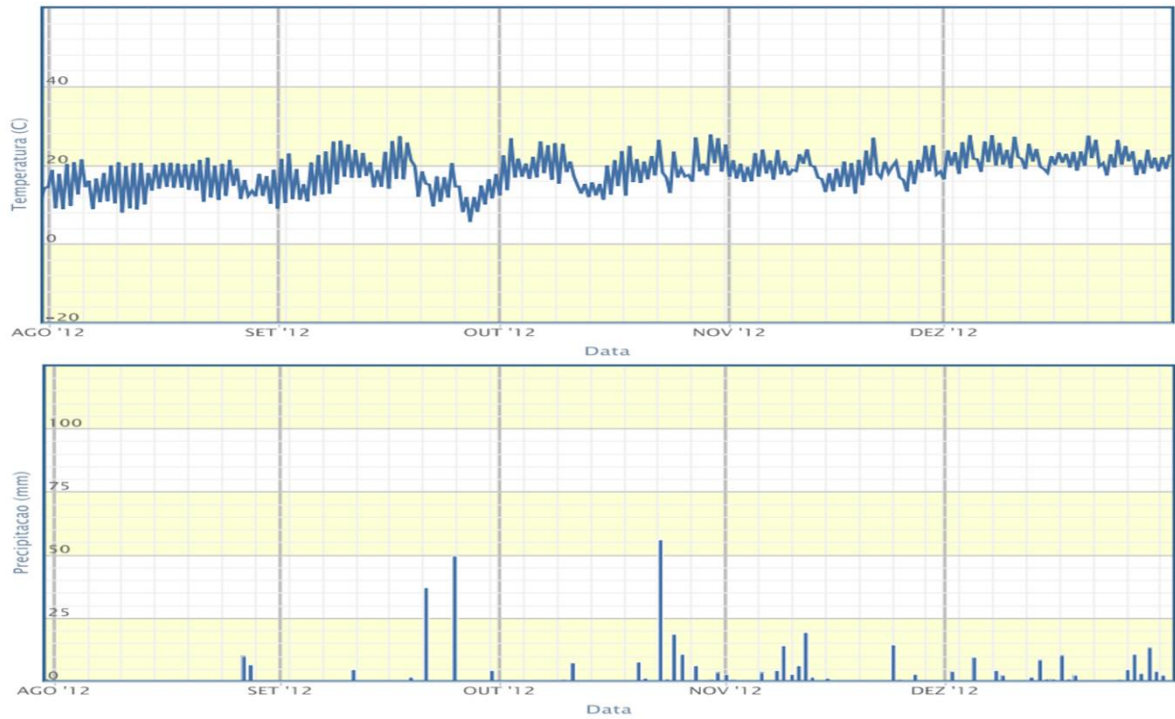


Figura 3. Dados climatológicos de temperatura e precipitação pluviométrica para Ponta Grossa no período de Agosto à Dezembro de 2012.

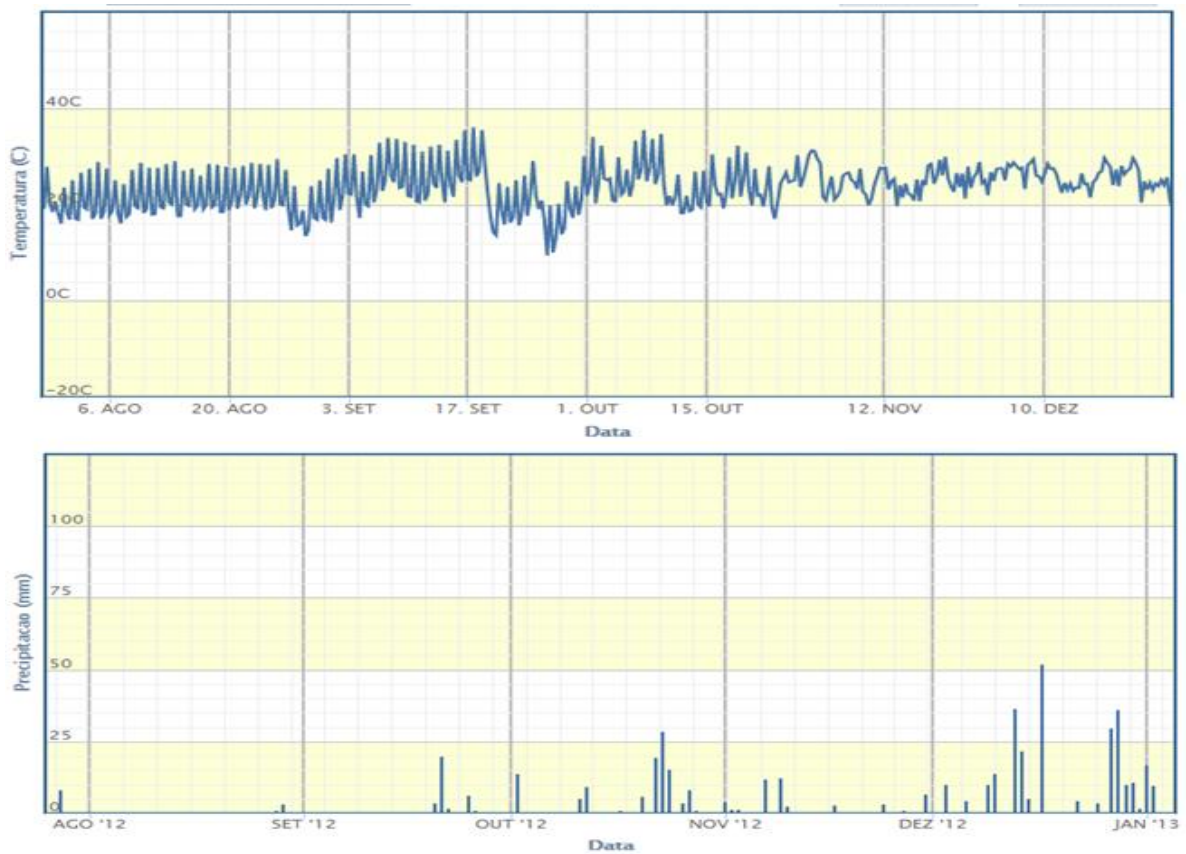


Figura 4. Dados climatológicos de temperatura e precipitação pluviométrica para Campo Mourão no período de Agosto à Dezembro de 2012.

3.3 Delineamento Experimental

Nos quatro ambientes, os experimentos foram instalados em delineamento de blocos casualizados com três repetições. A unidade experimental foi composta por quatro linhas de 5,0 metros de comprimento, espaçadas a 0,5 metros, com área útil para fins de avaliações de 4,0m², constituída das duas linhas centrais, desprezando-se 0,5m das extremidades. A densidade de sementeira foi de 15 sementes por metro linear de sulco, totalizando 300 mil plantas por hectare (MAPA, 2014a).

3.4 Avaliação da incidência de doenças

É importante salientar que a avaliação de incidência de doenças se faz necessária aos ensaios de VCU, onde é medido o grau de resistência/suscetibilidade das linhagens ao nível de campo. No entanto, a avaliação foi conduzida somente em Maringá nos anos agrícolas de 2012 e 2013. A avaliação da incidência de doenças foi efetuada no estágio fenológico R₈. Para tanto, utilizou-se da escala de 1 a 9, proposta por Van Schoonhoven & Pastor-Corrales (1987), conforme Tabela 2.

Tabela 2. Escala geral para avaliar a reação de linhagens de feijão para fungos e bactérias

Classificação	Categoria	Descrição
1	Resistente	Não há sintomas visíveis ou sintomas muito leves
2		
3		
4	Intermediário ou moderadamente suscetível	Sintomas visíveis e evidentes, resultando apenas em danos econômicos limitados.
5		
6		
7	Suscetível	Sintomas graves a muito graves que causam perdas de produtividade consideráveis ou a morte da planta.
8		
9		

Fonte: Van Schoonhoven & Pastor-Corrales (1987)

Foram realizadas avaliações nas plantas da parcela útil, a fim de verificar a incidência da antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*), mancha angular (*Pseudocercospora griseola*), cretamento bacteriano comum (*Xanthomonas campestris* pv *phaseoli*) e fogo selvagem (*Pseudomonas syringae* pv. *tabaci*). Após as avaliações, das notas das parcelas foram feitas as médias para cada tratamento em cada ambiente.

3.5 Análise da adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos

A característica produtividade (PROD) expressa em Kg ha⁻¹, foi avaliada nos quatro ambientes. Os erros dos dados experimentais foram submetidos aos testes de normalidade (Shapiro-Wilk, 1965) e homogeneidade (Levene, 1960) para todos os ambientes avaliados. Esses testes foram realizados com o auxílio do software SAS 9.1 (SAS, 2009).

Foi realizado o teste do Akaike Information Criterion (AIC) (1973), que permite determinar se os genótipos, bem como a interação genótipo × ambiente, poderiam ser considerados como efeitos aleatórios, e o efeito de bloco dentro dos ambientes considerado como fixo, representado pelo modelo: $Y = Xb + Zg + Wgl + \varepsilon$.

Para a análise AIC e a estimação do efeito dos genótipos e da interação genótipo × ambiente foi aplicado o procedimento PROC MIXED (LITTELL et al., 2006) com auxílio do software estatístico SAS 9.1.

O procedimento adotado para a predição de valores genotípicos foi o BLUP (Melhor Preditor Linear não Viesado), utilizando estimativas de componentes de variância dos fatores aleatórios obtidas pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML); conforme modelo estatístico (RESENDE, 2007):

$$Y = Xr + Zg + Wgl + \varepsilon$$

Onde:

Y = vetor dos dados

r = vetor dos efeitos de repetição (admitidos como fixos) somados à média geral e contempla todas as repetições de todos os locais

g = vetor dos efeitos genotípicos (admitidos como aleatórios)

gl = vetor dos efeitos da interação genótipo × ambiente (aleatório)

ε = vetor dos erros (aleatórios).

E em que X , Z e W são as matrizes de incidência para r , g e gl , respectivamente.

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ gl \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{ var} \begin{bmatrix} \mathbf{g} \\ \mathbf{gl} \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{I}\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{gl}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_\varepsilon^2 \end{bmatrix}$$

Os valores genotípicos preditos para o tratamento i em cada local j usa simultaneamente os dados de todos os locais, obtidos por: $VG_{ij} = U_j + g_i + gl_{ij}$, onde U_j é a média do local j . Nesse caso, tanto g quanto gl são preditos, pois todo conjunto de dados é usado, bem como os ruídos da interação são eliminados quando se produzem os BLUP's de gl (RESENDE, 2007).

Os efeitos aleatórios têm distribuição $\mu \sim MVN(0;G)$ e $\varepsilon \sim MVN(0;R)$, onde $MVN(\mu; V)$ significa distribuição normal multivariada com média μ e matriz de variância e covariância v (PIEPHO et al., 2008).

Para análise simultânea de adaptabilidade e estabilidade foi utilizado o modelo 54 do programa computacional SELEGEN (RESENDE, 2002), onde foi adotado o método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG), conforme descrito por Resende (2007). Seguindo o modelo:

$$MHPRVG_i = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{Vg_{ij}}}$$

Em que em que: n é o número de locais onde se avaliou o tratamento i ; e Vg_{ij} é o valor genotípico do tratamento i no local j , expresso como proporção da média desse local.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Incidência de doenças

Dentre as doenças avaliadas, a antracnose e a mancha angular tiveram menor incidência, comparadas ao cretamento bacteriano comum e o fogo selvagem (Tabela 3).

Nas avaliações de doenças em Maringá/2012, a reação das linhagens aos patógenos causadores da antracnose, mancha angular, cretamento bacteriano comum e fogo selvagem foi de resistência, com exceção da linhagem CHC 98-42. Isso se deve ao fato de que as temperaturas superiores a 24°C e a umidade relativa do ar abaixo de 91% (Figura 5), limitaram a infecção e desenvolvimento dos patógenos. A linhagem CHC 98-42 apresentou incidência de mancha angular com nota média 4, o que caracteriza suscetibilidade moderada desta linhagem à doença em questão. As demais linhagens se mostraram resistentes quanto aos níveis de infestação das doenças antracnose, cretamento bacteriano e fogo selvagem em condições de campo.

As linhagens LP 09-192, LP 09-40, TB 02-23 e TB 03-13 apresentaram nota 1 para as quatro doenças avaliadas no ano de 2012.

Dessa forma, essas linhagens se destacaram nesses ensaios de Valor de Cultivo e Uso na obtenção de cultivares resistentes, uma vez que tais doenças são as principais causas da redução de produtividade na cultura do feijão comum.

Em relação ao ambiente Maringá/2013, as doenças de maior incidência foram cretamento bacteriano comum e fogo selvagem, um caso único de mancha angular com nota média 7 foi verificado na linhagem TB 02-23, caracterizando-a como suscetível. As linhagens C 4-7-7-2-2, CNFC 10762, FT 08-47 e TB 03-13 foram as mais atacadas pelo cretamento bacteriano comum com notas médias 4, sendo então consideradas moderadamente suscetíveis. A doença fogo selvagem, por sua vez, teve maior incidência nas linhagens C 4-7-7-2-2, CHP 01-238 e TB 03-13, com notas médias 4 e na linhagem CHC 98-42 com nota média 5, no entanto, segundo a escala de notas utilizada, ambas correspondem a mesma classificação de moderada suscetibilidade.

As doenças antracnose e mancha angular tiveram menor incidência sobre as linhagens em ambos os ambientes, demonstrando que essas linhagens possuem resistência em condições de campo, isso ocorre devido ao trabalho de melhoramento de plantas, visando resistência às doenças em instituições de pesquisa, que têm proporcionado aos produtores cultivares de

feijão com bom desempenho agrônômico mesmo em estresse de agentes fitopatogênicos. Correlacionada a cultivares resistentes, os fatores climáticos, como altas temperaturas e baixa umidade relativa do ar (Figura 5) no período dos experimentos, contribuíram para a baixa infecção das doenças.

Vale destacar que as condições climáticas não favoreceram o desenvolvimento das doenças nestes ambientes, logo, com auxílio de inoculações artificiais dessas linhagens, é possível observar com clareza a reação aos patógenos. Em um estudo aprofundado realizado por Poletine et al. (2014), utilizando inoculações artificiais e marcadores moleculares para identificação de genes de resistência a antracnose, destacaram-se como resistentes as linhagens CNFC 10104 e a cultivar IPR Tangará às raças 65 e 2047 do fungo *C. lindemuthianum*.

Tabela 3. Notas médias das linhagens avaliadas em Maringá-PR, para as doenças antracnose (ANT), mancha angular (MA), crestamento bacteriano comum (CB) e fogo selvagem (FS) nos anos de 2012 e 2013

Cultivar/Linhagem	2012				2013			
	ANT	MA	CB	FS	ANT	MA	CB	FS
Pérola	1	1	2	1	2	1	3	2
IPR Campos Gerais	2	1	1	1	1	1	3	2
IPR Uirapuru	1	1	2	1	1	1	2	3
CNFC 10104	2	1	2	1	1	2	3	2
C 4-7-7-2-2	1	1	3	1	1	1	4	4
C 4-7-8-1-2	1	1	2	2	1	1	3	3
CHC 98-42	1	4	3	2	1	1	3	5
CHP 01-238	1	1	2	2	1	1	2	4
CNFC 10762	1	2	3	2	1	1	4	3
CNFC 10794	2	2	2	1	1	1	2	2
FT 08-47	2	3	2	2	1	1	4	3
FT 08-75	1	1	2	1	1	1	2	2
LEC 01-11	1	1	2	1	1	1	2	2
LEP 02-11	1	1	1	2	1	1	2	3
LP 09-192	1	1	1	1	1	1	2	3
LP 09-40	1	1	1	1	1	1	2	2
TB 02-23	1	1	1	1	2	7	2	2
TB 03-13	1	1	1	1	1	1	4	4



Figura 5 – Umidade relativa do ar nos meses de condução do experimento em Maringá no período de Agosto a Dezembro de 2012 e 2013.

A raça 65 do fungo causador da antracnose (BALARDIN e KELLY, 1996) se faz importante em testes devido ser a de maior ocorrência nos estados do sul do Brasil (SOMAVILLA e PRESTES, 1999).

No entanto, os experimentos de Valor de Cultivo e Uso são regidos por normas do Ministério da Agricultura, onde é abordado a não utilização de inoculações artificiais nem mesmo aplicações de fungicidas, quando estes experimentos são conduzidos em campo. Dessa forma, apenas os patótipos naturais daquele ambiente em avaliação vêm infectar as plantas do experimento, sem interferência humana no processo de infecção e desenvolvimento do patógeno no hospedeiro.

4.2 Adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos

Os erros experimentais associados ao caráter produtividade de grãos avaliados nos quatro ambientes: Maringá/2012, Maringá/2013, Ponta Grossa/2012 e Campo Mourão/2012, apresentaram distribuição normal, porém, nem todos os ambientes apresentaram variâncias

homogêneas, possibilitando que todas as análises posteriores considerassem variâncias heterogêneas, justificando, dessa maneira, o uso da modelagem mista.

Na Tabela 4 são apresentados os valores do critério de informação de Akaike (AIC), onde na comparação dos modelos estatísticos, buscam-se os menores valores. Os resultados dos valores de AIC permitiram determinar que tanto os efeitos de genótipo quanto da interação G×A fossem considerados aleatórios. Dessa forma, foi viável estudar os dados por meio de um modelo completo em que são levados em consideração os efeitos aleatórios da interação entre genótipos e ambientes.

Os valores do teste F para o caráter produtividade de grãos com relação às três fontes de variação: genótipo, ambiente a interação G×A foram significativas e são apresentados na Tabela 4. A avaliação da interação G×A foi significativa e do tipo complexa, o que proporcionou um ranqueamento diferente entre os genótipos, quanto aos ambientes em estudo. A parte complexa da interação é dada pela falta de correlação entre os genótipos através dos ambientes, o que dificulta o trabalho de seleção e/ou recomendação, uma vez que há genótipos com desempenho superior em um ambiente e inferior em outro.

A resposta diferenciada entre genótipos de feijão em vários ambientes é satisfatoriamente elucidada por vários autores (BORÉM, 1997; CRUZ e REGAZZI, 1997; RAMALHO et al., 1993). Os estudos de interação colaboram para compreensão de que o melhor genótipo em um ambiente pode não ser em outros ambientes. Para colaborar para a seleção de linhagens nestes casos, são utilizados estudos de adaptabilidade e estabilidade (COIMBRA et al., 1999), os quais são capazes de propiciar a seleção das linhagens para o conjunto dos ambientes em estudo.

Tabela 4. Valores de AIC e teste F para o caráter produtividade de grãos (kg ha^{-1}) em quatro ambientes avaliados no estado do Paraná

Fonte de Variação	Valor de F	Valor de AIC
Genótipo	4,69**	3206,6
Ambiente	71,89**	-
Genótipo × Ambiente	3,30**	2935,3

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

As informações obtidas através de análises de interação G×A são, em geral, pormenorizadas, sobre o comportamento de cada linhagem, quando submetidas às variações

ambientais. Baseado nisso, faz-se necessária a adoção de estimativas de estabilidade e adaptabilidade, possibilitando então a identificação de genótipos previsíveis e responsivos às variações ambientais. Esse tipo de influência é relatada por Dalla Corte et al. (2002).

Os valores das estimativas dos parâmetros genéticos estão apresentados na Tabela 5. Os resultados evidenciaram que por se tratar de produtividade de grãos, caráter bastante influenciado pelo efeito ambiental, admite-se, ainda, que esta quantidade seja extraída a partir de parcelas individuais. Assim, o valor obtido para o coeficiente de variação residual ($CV_e=13,75$) fornece segurança e coerência com o esperado para dados de tal natureza, indicando uma boa precisão experimental.

O coeficiente de variação residual é analisado criteriosamente em ensaios de VCU, para o registro de cultivares junto ao Serviço Nacional de Proteção de Cultivares, do Ministério da Agricultura, sendo que o CV_e deve ser inferior a 25% (MAPA, 2014a). Portanto, neste trabalho, o coeficiente de variação residual foi satisfatório e está dentro dos intervalos observados para a cultura de feijão comum.

Para determinar se o valor do CV_e é alto ou baixo, torna-se importante o conhecimento da espécie em questão e relacioná-lo a resultados de experimentos similares (STEEL et al., 1997). O coeficiente de variação é dado como medida importante na descrição da variabilidade dos resultados experimentais, sendo útil na definição do número de repetições do experimento e também necessário para detectar a significância da diferença entre as médias de tratamentos (MEAD e CURNOW, 1986).

Os valores obtidos para o coeficiente de variação genético ($CV_g\%$) quando altos, indicam que uma fração considerável da variância genética fora extraída da variância fenotípica, já que este valor é obtido pela divisão da raiz quadrada da variância genética pela média geral e multiplicado por cem.

Neste estudo, o valor da ordem de 4,68% para CV_g é considerado baixo e condiz com o esperado, uma vez que se trata de genótipos em fase final de avaliação com propósito de recomendação de novas cultivares. Esse baixo valor se dá pelo fato de a variância genética em questão ser baixa (21173,9) e a média geral ser alta (3108,6 kg ha⁻¹). Chiorato et al., (2008) encontraram valores de CV_g da ordem de 8,55% e ressaltam que juntamente com a baixa herdabilidade de sentido amplo (0,034) houve pouca variabilidade genética entre os genótipos estudados.

A maior parte das características de importância econômica e agrônômica é de natureza quantitativa, explicando os baixos valores para herdabilidade desses caracteres. O

caráter rendimento de grãos é governado por vários genes de pequeno efeito sobre o fenótipo classificando-o como quantitativo, o qual é altamente influenciado pelo ambiente (FALCONER e MACKAY, 1996).

Com relação à estimativa da herdabilidade no sentido amplo em nível de parcelas individuais (h^2g), ou seja, o efeito genético para rendimento de grãos onde é considerada a dispersão genética, o valor observado foi baixo (0,06), o que é conexo neste estudo, por se tratar de seleção de genótipos para fins de recomendação e estar livre dos efeitos da interação com o ambiente.

Tabela 5. Estimativas dos componentes de variância (REML individual) para produtividade de grãos em 18 linhagens de feijão comum, avaliadas em quatro ambientes no estado do Paraná

Parâmetros	Estimativa
Vg	21173,9
Vint	140181,9
Ve	182777,5
Vf	344133,3
h^2g	0,06
h^2mg	0,29
Acgen	0,54
c^2int	0,40
rgloc	0,13
CVg%	4,68
CVe%	13,75
Media geral (Kg ha ⁻¹)	3108,6

(Vg) - variância genotípica; (Vint) - variância da interação genótipo × ambiente; (Ve) - variância residual; (Vf) - variância fenotípica individual; (h^2g) - herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; (h^2mg) - herdabilidade da média de genótipo; (Acgen) - acurácia da seleção de genótipos; (c^2int) - coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo × ambiente; (rgloc) - correlação genotípica através dos ambientes; (CVg%) - coeficiente de variação genotípica; (CVe%) - coeficiente de variação residual.

Os caracteres de herança complexa apresentam baixa herdabilidade e elevada interação com o ambiente, dificultando assim a seleção de linhagens superiores (LI et al., 2003). Desse modo, a seleção para o caráter produtividade de grãos do feijão comum pode ser

dificultada devido ao alto valor da contribuição ambiental estimada em associação com a baixa contribuição genética, reduzindo a correlação entre o fenótipo e o genótipo.

Quanto aos critérios de seleção para caracteres adaptativos: número de grãos por legume, número de legumes por planta, inserção do primeiro legume e estatura de planta, em acessos de feijão comum utilizando o método REML/BLUP, Coimbra et al. (2008) esclarecem que as estimativas da herdabilidade individual no sentido amplo, para todos os caracteres avaliados, foram de baixa magnitude (5,5 a 23,2%), indicando que a pressão de seleção deve ser aplicada com precaução nesses caracteres, pois o ambiente exerce uma forte influência na expressão fenotípica de caracteres adaptativos.

As estimativas da herdabilidade também evidenciam de maneira clara, o potencial de progresso genético esperado e seu uso são essenciais na predição de valores genéticos (RESENDE, 2002). A estimação e uso da herdabilidade, portanto, torna-se indispensável aos programas de melhoramento.

Na constituição fenotípica do caráter produtividade de grãos, a maior contribuição está associada ao ambiente (V_e), que corresponde a 53% do total. Essa variância residual entre as parcelas implicou em erros de grande abrangência, já que são resíduos de natureza aleatória que ocorrem na experimentação agrícola e que acometem os dados experimentais tomados por avaliações. Essas medidas geradas em ensaios de campo dizem respeito ao valor fenotípico de um caráter, que é constituído de valores genéticos, ambientais e da interação do efeito genético com o ambiente.

Estudos realizados por Bertoldo et al. (2009) evidenciaram o efeito do ambiente superior ao efeito genotípico e relataram que, nesse tipo de ambiente, existe a oportunidade de compreensão de novas associações alélicas a fim de explorar a interação $G \times A$ pelos programas de melhoramento genético.

A variância fenotípica total teve colaboração de 41% pelos efeitos da interação $G \times A$ (V_{int}), o que está em função do maior ou menor grau de adaptabilidade/estabilidade genética dos genótipos, podendo inflacionar a expressão fenotípica do caráter em questão. Quanto menor for V_{int} , menor é a influência da interação no valor fenotípico, conseqüentemente, um genótipo de boa performance em um ambiente, tenderia a se manter bom em outros ambientes (MAIA et al., 2009). Isso acontece porque o genótipo responderia de forma positiva às influencias ambientais, assim, os valores genotípicos teriam alta correlação através dos ambientes, sendo então genótipos com alta previsibilidade quanto as variações ambientais.

Neste estudo, tendo em vista a alta participação da variância da interação, houve menor correlação entre o ranqueamento dos genótipos através dos ambientes, o que é refletido pelo baixo valor da correlação genotípica dos genótipos através dos ambientes ($rgloc$), fornecendo confiabilidade quanto à constância do ranqueamento dos genótipos nos ambientes em estudo. É possível observar que seu valor de $rgloc$ foi baixo, na ordem de 0,13, sendo que houve alteração na ordem dos genótipos devido à presença da interação ser do tipo complexa (Tabela 6 e 7). Esses fatores refletem a importância de se estudar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos.

Os resultados corroboram com Coimbra et al. (2008), em que a variação entre as médias de 24 linhagens avaliadas, foi atribuída à variância do ambiente, sendo a estimativa da contribuição genotípica de menor magnitude no âmbito do caráter produtividade de grãos de feijão comum.

A acurácia da seleção ($Acgen$) na ordem de 54% foi obtida pela raiz quadrada da herdabilidade média dos genótipos, sendo refletida pelo baixo valor da herdabilidade da média de genótipo ($h^2mg=0,29$), estimada quando se usam médias como unidade de seleção/avaliação. De acordo com Resende e Duarte (2007), a acurácia seletiva é classificada como: muito alta ($\geq 0,90$), alta ($\geq 0,70$ e $< 0,90$), moderada ($\geq 0,50$ e $< 0,70$) e baixa ($< 0,50$). O valor da acurácia obtida revela moderada precisão na seleção, já que não houve grandes diminuições dos erros prevaletentes, o que pode ser sanado com o incremento do número de repetições. É evidente que o fato mais importante é o sucesso da seleção no melhoramento, visto que os genótipos são selecionados com base em seus valores genotípicos de várias repetições, logo, o número de repetições é fator determinante na redução da variação entre as médias fenotípicas e genotípicas dos genótipos.

Resende et al. (2001), analisando a característica diâmetro do caule em linhagens de café, obtiveram alto valor de acurácia quando utilizaram um número maior de repetições e a metade das plantas avaliadas por parcela. Isso se faz importante nos programas de melhoramento que necessitam de informações mais precisas sobre as linhagens, uma vez que se pode ter o dobro de repetições sem alterar a área do experimento e nem o volume de sementes a ser utilizado. A acurácia se torna maior, quanto menor forem os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos estimados ou preditos.

Nesse estudo, apesar da variância residual ser elevada, ainda foi possível obter ganhos genéticos consideráveis (Tabela 6). Na seleção dos genótipos com os melhores valores genotípicos ($u + g$), os quais são livres da interação na média dos quatro ambientes, houve a

classificação em função dos componentes da média. Os genótipos que se destacaram foram: CNFP 10794, CHP 01-238, LP 09-40, C 4-7-8-1-2 e CHC 98-42 com novas médias superiores à média geral em 5,27%, 4,43%, 3,99%, 3,17% e 2,89%, e às testemunhas IPR Campos Gerais e CNFP 10104 com valores de 3,53% e 2,58%.

Tabela 6. Estimativa dos componentes da média (BLUP individual) para produtividade de grãos de feijão comum

Cultivar/Linhagem	g	u + g¹	Ganho (kg)	Nova Média	u+g+gem²
CNFP 10794	163,90	3272,47	163,90	3272,47	3543,74
CHP 01-238	111,68	3220,25	137,79	3246,36	3405,11
LP 09-40	96,79	3205,36	124,12	3232,69	3365,57
IPR Campos Gerais	67,47	3176,04	109,96	3218,53	3287,73
C 4-7-8-1-2	53,42	3161,99	98,65	3207,22	3250,42
CHC 98-42	46,43	3155,00	89,95	3198,52	3231,86
CNFP 10104	23,88	3132,45	80,51	3189,08	3171,99
CNFC 10762	-1,13	3107,43	70,31	3178,88	3105,56
LP 09-192	-1,52	3107,04	62,32	3170,89	3104,51
FT 08-75	-9,52	3099,04	55,14	3163,71	3083,26
IPR Uirapuru	-23,40	3085,15	48,00	3156,57	3046,41
FT 08-47	-28,39	3080,17	41,63	3150,20	3033,16
PÉROLA	-40,10	3068,46	35,34	3143,91	3002,08
LEC 01-11	-54,10	3054,45	28,95	3137,52	2964,90
LEP 02-11	-86,04	3022,52	21,29	3129,86	2880,11
C 4-7-7-2-2	-95,84	3012,71	13,96	3122,53	2854,07
TB02-23	-100,78	3007,78	7,21	3115,78	2840,96
TB 03-13	-122,72	2985,84	0,00	3108,56	2782,72

¹(u+g) – valores genotípicos livres da interação; ²(u+g+gem) – valores genotípicos para média dos ambientes;

Como se pode observar, os valores de $u + g$ foram significativos, contudo, pelo fato desses materiais já estarem em fase final de avaliação, podem ser recomendados para plantio para outros locais com um padrão diferente dos padrões dos locais avaliados. Segundo Maia et al. (2009), este método conservador penaliza os valores genotípicos preditos, e é esperado o mesmo comportamento das médias genéticas quando os genótipos forem submetidos a diferentes ambientes. Os valores genotípicos ($u + g + gem$) para a média dos ambientes,

somando-se os efeitos médios da interação são semelhantes aos valores da adaptabilidade (PRVG) e da adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG) de maneira simultânea.

Dessa forma, foram classificados os genótipos CNFP 10794, CHP 01-238, LP 09-40, IPR Campos Gerais, C 4-7-8-1-2, CHC 98-42 e CNFP 10104, sendo este ranqueamento de fato, igual ao ranqueamento inserido pelos valores livres da interação ($u + g$). Esses genótipos podem ser considerados para recomendação de plantio em diversos ambientes, porém, respeitando o padrão da interação da rede experimental, uma vez que são inflacionados pelos efeitos médios da interação.

Os valores obtidos para a nova média constam do ganho genético, dado em Kg.ha^{-1} , somados à média do ambiente, logo, valores negativos de $g + ge$ informam que esses genótipos não superaram a média do ambiente em questão. Na Tabela 7 estão apresentados os valores preditos de efeitos de genótipos e da interação ($g + ge$), onde é evidenciado a superioridade de cada genótipo em relação à média do ambiente. Para cada ambiente em estudo, citam-se os genótipos que foram selecionados com base nos melhores ganhos genéticos. Os genótipos que estão no topo do ranqueamento são: C 4-7-8-1-2 em Maringá/2012 com ganho de 537 Kg.ha^{-1} , CNFP 10794 em Maringá/2013 com ganho de 536 Kg.ha^{-1} , LP 09-40 em Ponta Grossa/2012 com ganho de 776 Kg.ha^{-1} e LP 09-40 em Campo Mourão com ganho de 361 Kg.ha^{-1} .

Os resultados deste trabalho estão de acordo com os demonstrados por Chiorato et al. (2008), que utilizaram procedimentos de modelos mistos para a predição de valores genotípicos e estimativas de parâmetros genéticos em feijão comum. O procedimento desta análise permitiu a identificação de linhagens com alta produtividade apresentando valores genotípicos preditos maiores que a média geral.

Em relação às médias dos ambientes, vale ressaltar que Ponta Grossa teve a mais alta média de produtividade, constando de 3784 Kg.ha^{-1} , seguido de Campo Mourão com 3386 Kg.ha^{-1} , Maringá/2013 com 2869 Kg.ha^{-1} e Maringá/2012 constando de 2394 Kg.ha^{-1} . Ambos ambientes possuem suas particularidades, sendo que, Ponta Grossa está situada na principal região produtora de feijão do estado do Paraná. Esta região é conhecida como Campos Gerais do Paraná, onde as condições climáticas são favoráveis ao bom desenvolvimento da cultura, com temperaturas amenas e chuvas frequentes.

Em relação à recomendação das linhagens para cada ambiente individualmente, são levados em consideração o efeito da média do local somado ao efeito genotípico e a interação entre o genótipo e o ambiente ($u + g + gem$), quando se infere sobre a produtividade esperada,

os valores genotípicos preditos neste trabalho permitem determinar que os genótipos que apresentaram médias genotípicas preditas superiores à média do local podem ser plantados em locais com padrão de interação semelhante.

No ambiente Maringá/2012, os genótipos que apresentaram valores genotípicos preditos superiores à média do local foram: C 4-7-8-1-2, CHC 98-42, CHP 01-238, CNFP 10794, CNFC 10762, FT 08-75, C 4-7-7-2-2, CNFP 10104 e TB 03-13, sendo todos estes genótipos superiores às testemunhas, exceto TB 03-13 que foi inferior à testemunha CNFP 10104. De maneira geral, a média desse ambiente foi inferior aos demais, no entanto, foi 2,8 vezes superior à média da produtividade brasileira, alcançando patamares de 2394 Kg.ha⁻¹ em média.

O ambiente de Ponta Grossa/2012 obteve as maiores produtividades, que variaram de 2652 Kg.ha⁻¹ até 4561 Kg.ha⁻¹, mostrando assim o alto potencial dos genótipos e do próprio ambiente. Como supracitado, a região dos Campos Gerais do Paraná exibe seu potencial quando são submetidos a ela genótipos elites com alto potencial produtivo. Estudos realizados por Rocha et al. (2010) demonstram a superioridade do ambiente Ponta Grossa caracterizando-o como o mais produtivo e estável para feijões do grupo preto, carioca e cores.

Os genótipos que melhor se expressaram em Ponta Grossa/2012 foram: LP 09-40, CNFP 10104, CNFP 10794, CHP 01-238, LP 09-192, IPR Campos Gerais, FT 08-47, LEC 01-11 e CNFC 10762, sendo superiores à média do ambiente que foi 3784 Kg.ha⁻¹. Vale ressaltar que entre estes genótipos estão duas testemunhas, a CNFP 10104, do grupo comercial preto, desenvolvida pela EMBRAPA e a cultivar IPR Campos Gerais do grupo comercial carioca, desenvolvida pelo Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR).

Em Campo Mourão/2012, coube destaque aos genótipos LP 09-40, CNFP 10794, CHP 01-238, C 4-7-8-1-2, TB 03-13, IPR Campos Gerais, Pérola, CHC 98-42 e IPR Uirapuru. Nesse grupo está inserido o maior número de testemunhas inclusive a cultivar Pérola, a qual é uma das mais antigas cultivares desenvolvida pela Embrapa, e, atualmente, é muito utilizada em regiões de cerrado, assim como no estado do Mato Grosso e principalmente no estado de Goiás. Seu potencial produtivo é de 3.900 kg ha⁻¹ e apresenta porte semiprostrado.

No que diz respeito ao ambiente Maringá/2013, os genótipos que se destacaram foram: CNFP 10794, IPR Campos Gerais, LP 09-40, CHP 01-238, CNFC 10762, CHC 98-42, FT 08-75, FT 08-47 e LP 09-192. As médias variaram de 3405 kg ha⁻¹ para o genótipo mais produtivo e 2167 kg ha⁻¹ para o menos produtivo.

Tabela 7. Seleção de genótipos por ambientes, predições de efeitos (g + ge) e valores genéticos (u + g + ge) e ganhos genéticos para os 18 genótipos de feijão comum em quatro ambientes

Ambientes	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho (kg)	Nova Média
Maringá/2012	C4-7-8-1-2	537,0337	2931,478	537,0337	2931,4781
	CHC 98-42	456,6147	2851,059	496,8242	2891,2686
	CHP 01-238	249,8435	2644,288	414,4973	2808,9417
	CNFP 10794	236,6178	2631,062	370,0274	2764,4719
	CNFC 10762	195,4494	2589,894	335,1118	2729,5563
	FT 08-75	108,5629	2503,007	297,3537	2691,7981
	C 4-7-7-2-2	82,6441	2477,089	266,6809	2661,1253
	CNFP 10104	46,1939	2440,638	239,12	2633,5644
	TB 03-13	25,0129	2419,457	215,3303	2609,7748
	FT 08-47	-16,3485	2378,096	192,1624	2586,6069
	LEC 01-11	-125,674	2268,77	163,2682	2557,7127
	IPR Uirapuru	-142,6287	2251,816	137,7768	2532,2212
	IPR Campos Gerais	-178,7568	2215,688	113,4281	2507,8725
	Pérola	-190,9037	2203,541	91,6901	2486,1345
	TB02-23	-212,3086	2182,136	71,4235	2465,8679
	LP 09-192	-318,8576	2075,587	47,0309	2441,4754
	LEP 02-11	-356,0799	2038,365	23,3185	2417,763
LP 09-40	-396,415	1998,03	0	2394,4444	
Maringá/2013	CNFP 10794	536,0893	3405,237	536,0893	3405,2374
	IPR Campos Gerais	534,7596	3403,908	535,4244	3404,5726
	LP 09-40	286,1991	3155,347	452,3493	3321,4975
	CHP 01-238	238,4326	3107,581	398,8702	3268,0183
	CNFC 10762	169,6329	3038,781	353,0227	3222,1709
	CHC 98-42	122,9364	2992,085	314,675	3183,8231
	FT 08-75	62,2997	2931,448	278,6214	3147,7695
	FT 08-47	49,1479	2918,296	249,9372	3119,0853
	LP 09-192	44,5097	2913,658	227,1119	3096,2601
	IPR Uirapuru	-22,9951	2846,153	202,1012	3071,2494
	CNFP 10104	-46,7713	2822,377	179,4764	3048,6246
	Pérola	-107,7487	2761,399	155,541	3024,6892
	TB02-23	-127,9919	2741,156	133,7308	3002,8789
	LEP 02-11	-164,1859	2704,962	112,451	2981,5992
	LEC 01-11	-174,7254	2694,423	93,3059	2962,4541
	C4-7-8-1-2	-232,298	2636,85	72,9557	2942,1038
	TB 03-13	-465,7329	2403,415	41,2681	2910,4163
	C 4-7-7-2-2	-701,558	2167,59	0	2869,1481

Continuação da Tabela 7.

Ambientes	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho (Kg)	Nova Média
Ponta Grossa/2012	LP 09-40	776,7126	4561,157	776,7126	4561,1571
	CNFP 10104	668,6555	4453,1	722,6841	4507,1285
	CNFP 10794	606,5167	4390,961	683,9616	4468,406
	CHP 01-238	372,2912	4156,736	606,044	4390,4884
	LP 09-192	342,6386	4127,083	553,3629	4337,8074
	IPR Campos Gerais	184,6362	3969,081	491,9085	4276,3529
	FT 08-47	125,3841	3909,829	439,5478	4223,9923
	LEC 01-11	89,713	3874,158	395,8185	4180,2629
	CNFC 10762	66,2636	3850,708	359,2013	4143,6457
	C4-7-8-1-2	-38,0289	3746,416	319,4783	4103,9227
	FT 08-75	-124,4827	3659,962	279,1182	4063,5626
	IPR Uirapuru	-147,2757	3637,169	243,5854	4028,0298
	CHC 98-42	-151,6737	3632,771	213,1808	3997,6253
	Pérola	-229,0088	3555,436	181,5958	3966,0403
	LEP 02-11	-384,6588	3399,786	143,8455	3928,29
	C 4-7-7-2-2	-396,9233	3387,521	110,0475	3894,4919
	TB02-23	-628,4448	3156	66,6068	3851,0512
TB 03-13	-1132,315	2652,13	0	3784,4444	
Campo Mourão/2012	LP 09-40	361,4155	3747,656	361,4155	3747,6562
	CNFP 10794	361,2986	3747,539	361,3571	3747,5978
	CHP 01-238	325,4988	3711,74	349,4043	3735,645
	C4-7-8-1-2	300,6449	3686,886	337,2145	3723,4552
	TB 03-13	269,8179	3656,059	323,7351	3709,9759
	IPR Campos Gerais	175,949	3562,19	299,1041	3685,3449
	Pérola	101,7651	3488,006	270,9128	3657,1536
	CHC 98-42	65,2495	3451,49	245,2049	3631,4456
	IPR Uirapuru	64,3034	3450,544	225,1047	3611,3455
	C 4-7-7-2-2	-2,0212	3384,22	202,3921	3588,6329
	LEP 02-11	-8,8093	3377,432	183,192	3569,4328
	LP 09-192	-84,5083	3301,733	160,8837	3547,1244
	TB02-23	-101,5687	3284,672	140,695	3526,9358
	FT 08-75	-147,5756	3238,665	120,1043	3506,345
	LEC 01-11	-363,9216	3022,319	87,8359	3474,0766
	CNFP 10104	-414,4112	2971,83	56,4454	3442,6862
	CNFC 10762	-443,367	2942,874	27,0447	3413,2854
FT 08-47	-459,7598	2926,481	0	3386,2407	

Neste estudo, os efeitos de repetições foram considerados fixos e os valores genotípicos preditos foram obtidos livres das influências dos efeitos ambientais. Além disso, a herdabilidade de médias de parcelas representa um peso aplicado ao preditor do valor

genotípico de cada tratamento, o que levou à aproximação dos valores genotípicos à média geral do ensaio, pelo efeito de *shrinkage*.

Na Figura 6 podem ser visualizadas as amplitudes dos valores para a característica produtividade de feijão comum, levando em consideração as médias fenotípicas e os valores genotípicos ($u+g$). Observa-se que houve uma redução dos efeitos genotípicos em relação às médias fenotípicas das linhagens, causada pelo efeito de *shrinkage* que toma as herdabilidades dos tratamentos como ponderados dos desvios genéticos.

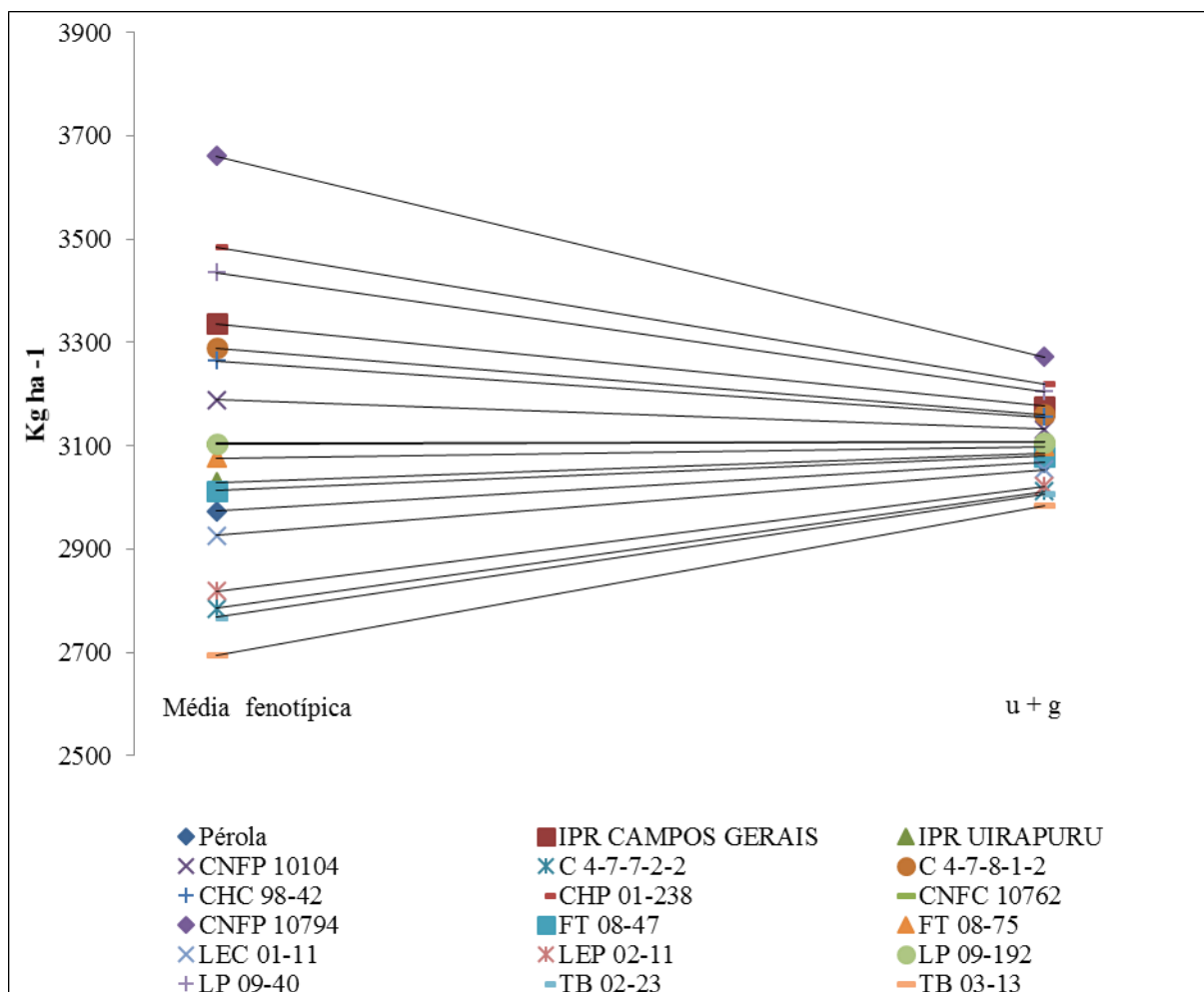


Figura 6 - Amplitudes do caráter produtividade de grãos, demonstrando o efeito de *shrinkage* dos BLUP's individuais de efeitos genotípicos ($u+g$) em relação às médias fenotípicas.

A média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) confere aos genótipos a estabilidade e a produtividade de grãos simultaneamente. Dessa maneira, a seleção baseada na MHVG penaliza a instabilidade dos genótipos quando avaliados em diversos ambientes, logo, essa nova média é o resultado do ajuste por essa penalização.

Os resultados da avaliação pela MHVG para os 18 genótipos de feijão comum estão apresentados na Tabela 8. Para simplificar, os valores apresentados são os próprios valores de produtividade de grãos, penalizados pela instabilidade, o que facilita a seleção dos genótipos mais produtivos e ao mesmo tempo mais estáveis. Conforme salienta Paterniani (1986), para a recomendação de novas cultivares aos agricultores, devem ser consideradas a alta produtividade de grãos juntamente com alta estabilidade. Portanto, o critério da MHVG admite exatamente essas duas premissas que a cultivar deve apresentar.

Os genótipos mais estáveis através dos ambientes, em ordem decrescente, são: CNFP 10794, CHP 01-238, CHC 98-42 e C 4-7-8-1-2, sendo estes superiores a testemunha IPR Campos Gerais. Para o produtor rural, é mais importante uma cultivar que seja estável ao longo dos anos, conforme enfatizado por Vencovsky e Torres (1988).

A análise de adaptabilidade, que avalia o nível de resposta do genótipo ao estímulo ambiental, pôde ser predita por meio da Performance Relativa dos Valores Genéticos (PRVG) através dos ambientes. A adaptabilidade foi constatada nos genótipos que apresentaram maior sinergismo adaptativo ao longo dos ambientes, sendo estes em ordem decrescente: CNFP 10794, CHP 01-238, LP 09-40, C 4-7-8-1-2 e CHC 98-42, sendo o primeiro genótipo 14% superior em produtividade de grãos com relação à média geral do experimento.

A predição de valores, baseada na média harmônica, permite selecionar simultaneamente por produtividade de grãos e alta adaptabilidade e estabilidade. Assim, a seleção de genótipos com base em maiores valores da MHPRVG, é importante por permitir inferências seguras sobre a predição dos valores genéticos, ressaltando a vantagem de se reunir produtividade e estabilidade como um único critério de seleção (RESENDE et al. 2004).

O estudo de adaptabilidade e estabilidade pela MHPRVG revelou que os genótipos CNFP-10794, CHP 01-238, CHC 98-42, C 4-7-8-1-2 e LP 09-40 podem ser considerados promissores, pois apresentaram elevada produtividade, comportamento altamente previsível e ampla adaptabilidade. Os seus respectivos desempenhos são melhores em resposta as condições de ambientes favoráveis, sendo capazes de manter os seus rendimentos em condições ambientais adversas.

Oliveira et al. (2005), em estudos de clones de cana sacarina, constam de que a estatística MHPRVG produziu exatamente o mesmo ordenamento que as estatísticas de Lin & Bins (Pi) e Arnicchiarico, podendo ser utilizada vantajosamente no contexto de modelos mistos com efeitos genéticos aleatórios.

Tabela 8. Estabilidade dos valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade dos valores genotípicos (PRVG), valores genotípicos médios capitalizados pela interação (PRVG*MG), estabilidade e adaptabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) e valores genotípicos médios nos ambientes (MHPRVG*MG) para produtividade de grãos de cultivares e linhagens de feijão comum avaliadas em quatro ambientes no Paraná nas safras de 2012 e 2013

Genótipo	MHVG ¹	Genótipo	PRVG	PRVG*MG ²	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG*MG
CNFP 10794	3423,0	CNFP 10794	1,14	3538,0	CNFP 10794	1,14	3534,0
CHP 01-238	3305,0	CHP 01-238	1,10	3405,0	CHP 01-238	1,10	3405,0
CHC 98-42	3200,0	LP 09-40	1,06	3299,0	CHC 98-42	1,05	3253,0
C4-7-8-1-2	3178,0	C4-7-8-1-2	1,05	3281,0	IPR Campos Gerais	1,04	3248,0
IPR Campos Gerais	3130,0	CHC 98-42	1,05	3273,0	C 4-7-8-1-2	1,04	3243,0
LP 09-40	3068,0	IPR Campos Gerais	1,05	3273,0	LP 09-40	1,04	3237,0
CNFC 10762	3042,0	CNFP 10104	1,01	3153,0	CNFP 10104	1,00	3118,0
FT 08-75	3024,0	CNFC 10762	1,01	3129,0	CNFC 10762	0,99	3106,0
CNFP 10104	3018,0	FT 08-75	0,99	3101,0	FT 08-75	0,99	3096,0
IPR Uirapuru	2940,0	LP 09-192	0,98	3068,0	LP 09-181	0,98	3046,0
FT 08-47	2939,0	IPR Uirapuru	0,97	3040,0	IPR Uirapuru	0,97	3037,0
LP 09-192	2919,0	FT 08-47	0,97	3036,0	FT 08-47	0,97	3021,0
Pérola	2890,0	Pérola	0,96	2993,0	Pérola	0,96	2988,0
LEC 01-11	2855,0	LEC 01-11	0,95	2955,0	LEC 01-11	0,94	2948,0
TB02-23	2769,0	LEP 02-11	0,92	2867,0	LEP 02-11	0,92	2857,0
LEP 02-11	2757,0	C 4-7-7-2-2	0,92	2863,0	TB 02-23	0,91	2842,0
C 4-7-7-2-2	2747,0	TB02-23	0,91	2852,0	C 4-7-7-2-2	0,90	2820,0
TB 03-13	2702,0	TB 03-13	0,90	2819,0	TB 03-13	0,88	2740,0

¹: Valor expresso em kg ha⁻¹; ²: Média geral do experimento

Verifica-se ainda que pela MHPRVG, a linhagem CNFP 10794 é superior em 1,14 vezes à média geral dos quatro ambientes, indicando sua superioridade em produtividade de grãos. Buratto et al. (2007) avaliaram 20 linhagens de feijão em seis locais do estado do Paraná, onde realizaram os estudos de adaptabilidade e estabilidade, ao fim, houve a seleção de três linhagens como sendo promissoras por apresentarem ampla adaptabilidade ($\beta_{li}=1$), alta estabilidade ($\sigma^2_{di}=0$) e boa produtividade de grãos.

Para Resende (2004), este tipo de seleção via MHPRVG, consegue atribuir pesos na seleção além de considerar efeitos genotípicos como aleatórios, fornecendo a adaptabilidade e estabilidade genotípica e não fenotípica, permite análise de experimentos com delineamentos desbalanceamentos bem como número de repetições diferentes entre os experimentos, permite lidar com heterogeneidade de variâncias, fornece dados genéticos na escala da produtividade já penalizados da instabilidade e ultimamente permite computar o ganho genético com a seleção de maneira simultânea considerando os atributos de adaptabilidade, estabilidade e produtividade de grãos.

Estudos realizados por Rosado et al. (2012), visando a seleção de clones de eucalipto pela avaliação de produtividade e estimativa da estabilidade e adaptabilidade, relataram que a seleção simultânea pela MHPRVG otimiza a seleção de clones para fins comerciais. Carbonell et al. (2007), em estudos de estabilidade de cultivares e linhagens de feijão comum em diferentes ambientes do estado de São Paulo, concluíram que pelos métodos MHPRVG, Lin & Binns e Annicchiarico, foram selecionadas praticamente as mesmas linhagens.

No entanto, por meio do método MHPRVG, existe a vantagem de fornecer resultados na própria escala de medição do caráter avaliado, os quais podem ser interpretados diretamente como valores genéticos relacionados à produtividade e os índices de estabilidade e adaptabilidade simultaneamente.

De certa forma, fica aparente que há uma continuidade no ordenamento dos genótipos pelos métodos MHVG, PRVG e MHPRVG, apresentando-se concordantes no ordenamento dos genótipos com alta correlação. Portanto, os genótipos selecionados via MHPRVG, podem ser usados em plantios em diversos ambientes com diferentes padrões de interação $G \times A$.

5 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos permitiram as seguintes conclusões:

As linhagens de feijão comum avaliadas apresentaram alto índice de resistência às doenças antracnose, mancha angular, crestamento bacteriano comum e fogo selvagem.

A metodologia de modelos mistos proporciona alternativas viáveis para comparação de linhagens avaliadas em vários ensaios, mesmo com desbalanceamento de dados.

A análise via modelos mistos permitiu identificar genótipos superiores de feijão comum quanto à sua produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de maneira clara, pelo fato de os resultados serem na mesma escala dos dados coletados.

Os genótipos selecionados pela estatística MHPRVG com ampla adaptabilidade, alta estabilidade e produtividade de grãos foram: CNFP-10794, CHP 01-238, CHC 98-42, C 4-7-8-1-2 e LP 09-40, as quais apresentaram superioridade às demais, sendo linhagens promissoras para registro junto ao Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento como nova cultivar de feijão comum recomendada para a região Sul do Brasil.

Sendo assim, por meio deste estudo foi possível estender a utilização de modelos mistos para a cultura do feijão comum e firmar um melhor entendimento do efeito do ambiente sobre os genótipos e ainda levantar com clareza a estabilidade e adaptabilidade dos genótipos pelo método da MHPRVG.

6 REFERÊNCIAS

- ADAM-BLONDON, A.; SEVIGNAC, M.; BANNEROT, H.; DRON, M. SCAR, RAPD, and AFLP markers linked to *are*, a simple dominant gene conferring resistance to *Colletotrichum lindemuthianum*, the causal agent of anthracnose in French bean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.88, p.865-870, 1994.
- AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: B. N. Petrov e F. Csaki (Eds.). **Second international symposium on information theory**. Budapest. p.267-281, 1973.
- ALLIPRANDINI, L.F.; TOLEDO, J.F.F.; FONSECA JUNIOR, N.F.; ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S. Efeitos da interação genótipo x ambiente sobre a produtividade da soja no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v.29, n.9, p.1433-1444, 1994.
- ALZATE-MARIN, A.L.; CERVIGNI, G.D.L.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, v.30, n.4, p.333-342, 2005.
- ANGIOI, S.A.; RAU, D.; ATTENE, G.; NANNI, L.; BELLUCCI, E.; LOGOZZO, G.; NEGRI, V.; SPAGNOLETTI ZEULI, P.L.; PAPA, R. Beans in Europe: origin and structure of the European landraces of *Phaseolus vulgaris* L. **Theoretical and Applied Genetics**, v.121, p.829-843, 2010.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, Berlin, v.46, p. 269-278, 1992.
- ARNHOLD E; MORA F; SILVA R.G; GOOD-GOD P.I.V; RODOVALHO M.A. Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v.69, p.46-53. 2009.
- ASFAW, A.; BLAIR, M.W.; ALMEKINDERS, C. Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from the East African highlands. **Theoretical and Applied Genetics**, v.120, p.1-12, 2009.

BALARDIN, R.S.; KELLY, J.D. Identification of race 65-epsilon of bean anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) in Michigan. **Plant Disease**, v.80, p.712, 1996.

BALDISSERA, J.N. da C.; BERTOLDO, J.G.; VALENTINI, G.; COAN, M.M.D.; ROZZETTO, D.S.; GUIDOLIN, A.F.; COIMBRA, J.L.M. Uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) na predição de híbridos em feijão. **Bioscience Journal**, v.28, p.395-403, 2012.

BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE M.D.V.; PETERNELLI, L.A.; SILVEIRA, L.C.I.; DONDA, L.R.; FORTUNATO, A.A.; COSTA, P.M.A.; FIGUEIREDO, I.C.R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.195-203, 2007.

BEEBE, S.; SKROCH, P.W.; TOHME, J.; DUQUE, M.C.; PEDRAZA, F.; NIENHUIS, J. Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle American origin based on correspondence analysis of RAPD. **Crop Science**, v.40, p.264–273, 2000.

BEEBE, S.E.; RAO, I.M.; BLAIR, M.W.; ACOSTA-GALLEGOS, J.A. Phenotyping common beans for adaptation to drought. **Frontiers in Physiology**, v.6, p.4-35, 2013.

BERTOLDO, J.G.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; NODARI, R.O.; ELIAS, H.T.; BARILI, L.D.; VALE, N.M.; ROZZETTO, D.S. Rendimento de grãos em feijão preto: o componente que mais interfere no valor fenotípico é o ambiente. **Ciência Rural**, v.39, n.7, p.1974-1982, 2009.

BIANCHINI, A.; MENEZES, J.R.; MARINGONI, A.C. Doenças e seu controle. In: **INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ. O FEIJÃO NO PARANÁ**. Londrina, (IAPAR. Circular, 63). p.189-216, 1989.

BITOCHI, E.; BELLUCCI, E.; GIARDINI, A.; RAU, D.; RODRIGUEZ, M.; BIAGETTI, E.; SANTILOCCHI, R.; ZEULI, P.S.; GIOIA, T.; LOGOZZO, G.; ATTENE, G.; NANNI, L.; PAPA, R. Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. **New Phytologist**, v.197, p.300-313, 2013.

BLAIR, M.W.; CHAVES, A.; TOFIÑO, A.; CALDERÓN, J.F.; PALACIO, J.D. Extensive Diversity and inter-genepool introgression in a world-wide collection of indeterminate snap bean accessions. **Theoretical and Applied Genetics**, v.120, p.1381-1391, 2010.

- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 1997. 547p.
- BROUGHTON, W.J.; HERNANDEZ, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S.; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Bean (*Phaseolus* sp.) model food legumes. **Plant Soil**, v.252, p.55-128, 2003.
- BURATTO, J. S.; MODA-CIRINO, V.; FONSECA-JUNIOR, N.S.; PRETE, C.E.C.; FARIA, R.T. Adaptabilidade e estabilidade produtiva em genótipos precoces de feijão no estado do Paraná. **Semina**, v.28, n.3, p.373-380, 2007.
- BURLE, M.L.; FONSECA, J.R.; KAMI, J.A.; GEPTS, P. Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. **Theoretical and Applied Genetics**, v.121, p.801-813, 2010.
- CAMARGO, M.N.; KLAMT, E.; KAUFFMAN, J.H. Classificação de solos usado em levantamentos pedológicos no Brasil. **Boletim Informativo da Sociedade Brasileira do Solo**, Campinas, v.12, n.1, p.11-33, 1987.
- CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; ITO, M.F.; GONÇALVES, J.G.R.; PERINA, E.F.; FARIAS, F.L.; SEVERO, D.H.; PIAZZOLI, D; FRANÇA II, L.R.F. Avaliação de linhagens e cultivares de feijoeiro para o Estado de São Paulo. In: IX Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2007, São Lourenço, MG. **Anais do 4º IX Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. Lavras-MG: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2007.
- CARBONELL, S.M.; ITO, M.F.; POMPEU, A.S.; FRANCISCO, F.; RAVAGNANI, S.; ALMEIDA, A.L.L. Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* e reação de cultivares e linhagens de feijoeiro no Estado de São Paulo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 24, n.1, p. 60-65, 1999.
- CARMO, S.L.M.; SANTOS, J.B.; HAGIWARA, W.E.; FERREIRA, J.L. Avaliação do *stay green* em famílias segregantes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, n.4, p.953-957, 2007.
- CHACÓN, S.M.; PICKER, S.; GILL, B.; DEBOUCK, D.G. Domestication patterns in common bean (*Phaseolus vulgaris* L) and the origin of the Mesoamerican and Andean cultivated races. **Theoretical and Applied Genetics**, v.110, p.432-444, 2005.

CHIORATO, A.F.; CARBONELL, S.A.M.; DIAS, L.A.S.; RESENDE, M.D.V. Prediction of genotypic values and estimation of parameters in common bean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v.51, n.3, p.465-472, May/Jun, 2008.

COIMBRA, J.L.M., BARILI, L.D., VALE, N.M. do, GUIDOLIN, A.F., BERTOLDO, J.G., ROCHA, F., TOALDO, D. Seleção para caracteres adaptativos em acessos de feijão usando REML/BLUP. **Magistra**, Bahia, v.20, n.2, p.177-185, 2008.

COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; CARVALHO, F.I.F.; COIMBRA, S.M.M.; HEMP, S. Reflexos da interação genótipo x ambiente e suas implicações nos ganhos de seleção em genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v.29, n.3, p.433-439, 1999.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos 2012/2013**. Décimo Segundo Levantamento – Setembro/2013. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_10_16_14_32_01_boletim_portugues_-_setembro_2013.pdf>. Acesso em 20 Nov. 2013.

CONTRERAS, S.; KRARUP C. Interacción genotipo por ambiente en cinco cultivares de espárrago (*Asparragus offi cinalis* L.). **Ciencia e Investigación Agraria**, v.27, p.133-139. 2000.

CORTÉS, A.J.; CHAVARRO, M.C.; BLAIR, M.W. SNP marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.123, p.827-845, 2011.

COUTO, M.A.; SANTOS, J.B.; FERREIRA, J.L. Melhoramento do feijoeiro comum com grão tipo carioca, visando resistência à antracnose e à mancha angular. **Ciência e Agrotecnologia**, v.32, n.5, p.1643-1648, 2008.

CRONQUIST, A. The Evolution and Classification of Flowering Plants. Second Edition. Bronx, NY: **The New York Botanical Garden**. 1988.

CRUZ C.D.; REGAZZI AJ. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV. 1997. 390p.

CRUZ C.D.; REGAZZI AJ. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. rev. Viçosa: UFV. 2001. 390p.

CRUZ, C.D.; TORRES, R.A. de A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.3, p.567-580, 1989.

CUNNINGHAM, E.P.; HENDERSON, C.R. An iterative procedure for estimating fixed effects and variance components in mixed model situations. **Biometrics** v.24, p.13-25, 1968.

DALLA CORTE, A.; MODA-CIRINO, V.; DESTRO, D. Adaptability and phenotypic stability in early common bean cultivars and lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, n.4, p.525-534, Dec. 2002.

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p.36-40, 1966.

ELIAS, H.T.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; GONELA, A.; VOGT, G.A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, N.10, p.1443-1449, 2007.

EMBRAPA. EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Agência de Informação Embrapa: **Feijão**. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br>> Acesso em: 25 Ago, 2013.

EMBRAPA. EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Sistema brasileiro de classificação de solos. Rio de Janeiro: **EMBRAPA/CNPQ**, 1999. 412 p.

ESKRIDGE, K.M. Selection of stable cultivars using a safety-first rule. **Crop Science**, v.30, p.369-374, 1990.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. England: Longman, 1996.

FAO. **Food and Agriculture Organization**. Disponível em <<http://www.fao.org>>. Acesso em: 26 Nov, 2013.

FARIAS, F.J.C.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, L.P.; MOREIRA, J.A.N.; COSTA, J.N. Parâmetros de estabilidade propostos por Lin e Binns (1988) comparados com o método de regressão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, p.407-414, 1997.

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.14, p.742-754, 1963.

FONSECA JUNIOR, N.S. Interação genótipo x ambiente: Aspectos biométricos. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. (org.). **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: UEL, p.141-178, 1999.

GEPTS, P. A Middle American and an Andean common bean gene pool. In: P. GEPTS (ed.). **Genetic resources of *phaseolus* beans; their maintenance, domestication, and utilization**. London: Kluwer, p.375-390, 1988.

GEPTS, P.; OSBORN, T.C.; RASHKA, K.; BLISS, F.A. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. **Economic Botany**, v.40, p.451-468, 1986.

GONÇALVES, J.G.R.; CHIORATO, A.F.; MORAIS, L.K.; PERINA, E.F.; FARIAS, F.L.; CARBONELL, S.A.M. Estudo da estabilidade fenotípica de feijoeiro com grãos especiais. **Ciência e Agrotecnologia**, v.34, n.4, p.922-931, 2010.

HALEY, S.D.; MIKLAS, P.N.; AFANADOR, L.; KELLY, J.D. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) marker variability between and within gene pools of common bean. **Journal of American Society for Horticultural Science**, v.119, p.122-125, 1994.

HELGADÓTTIR, A. & KRISTJÁNSDÓTTIR, T.A. Simple approach to the analysis of G x E interactions in a multilocational spaced plant trial with timothy. **Euphytica**, v.54, p.65-73, 1991.

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush. **American Society of Animal Science**, Champaign, v.3, p.10-41. 1973.

KHAIRALLAH, M.M; SEARS, B.B; ADAMS, M.W. Mitochondrial restriction fragment length polymorphisms in wild *Phaseolus vulgaris* L.: Insights on the domestication of the common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, p.915-922, 1992.

LEVENE, H. Robust testes for equality of variances. In: **Contributions to Probability and Statistics**, p.278-292. 1960.

LI, Z.K.; YU, S.B.; LAFITTE, H.R.; HUANG, N.; COURTOIS, B.; HITTALMANI, S.; VIJAY-AKUMAR, C.H.M.; LIU, G.F.; WANG, G.C.; SHASHIDHAR, H.E.; ZHUANG, J.Y.; ZHENG, K.L.; SINGH, V.P.; SIDHU, J.S.; SRIVANTANEEYAKUL, S.; KHUSH, G.S. QTL x environment interactions in rice. I. Heading date and plant height. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p.141–153, 2003.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A method of analysing cultivars x location x year experiments: new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, v.76, p.425-430, 1988.

LITTELL, R.C.; MILLIKEN, G.A.; STROUP, W.W.; WOLFINGER, R.D.; SCHABENBERGER, O. SAS for mixed models. 2.ed. Cary: **SAS Institute**, p. 813. 2006.

LOLLATO, M. A.; SEPULCRI, O.; DEMARCHI, M. **Cadeia Produtiva do Feijão: diagnósticos e demandas atuais**. Londrina: Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), 2001. 48p.

MAHUKU, G.S.; RIASCOS, J.J. Virulence and molecular diversity within *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Andean and Mesoamerican bean varieties and regions. **European Journal of Plant Pathology**, v.110, p.253-263, 2004.

MAIA, M.C.C.; RESENDE, M.D.V.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; BARROS, L.M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.39, n.1, p.43-50, jan./mar. 2009.

MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – **Agritempo**. Zoneamento Agrícola de Risco Climático. Disponível em: <<http://www.agritempo.gov.br>>. Acesso em: 27 Out. 2014b.

MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – **Feijão**. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/vegetal/cultura/feijao>>. Acesso em: 27 Outubro 2013.

MAPA - 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**. 2004. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registros-autorizacoes/registro/registro-nacional-cultivares/formularios-registro-cultivares-requisitos>> Acesso em: 15 Jan. 2014a.

MARINGONI, A.C.; KIMATI, H. & KUROZAWA, C. Variabilidade sorológica entre isolados de *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. **Summa Phytopathologica**, v.20, n.3-4, p.164-167, 1994.

MCLEAN, R.A.; SANDERS, W.L.; STROUP, W.W. A unified approach to mixed model theory. **American Statistician**, v.45, n.1, p.54-64, 1991.

MEAD, R.; CURNOW, R. N. Statistical methods in agriculture and experimental biology. **New York**: Chapman and Hall, 1986.

MELO, C.L.P.; RAGAGNIN, V.A.; ARRUDA, K.M.A.; BARROS, E.G.; CARNEIRO, P.C.S.; PAULA-JÚNIOR, T.J.; MOREIRA, M.A.; CARNEIRO, J.E.S. Caracterização fenotípica e molecular de genitores de feijão tipo carioca quanto à resistência a patógenos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.4, p.495-504, 2008.

MENSACK, M.M.; FITZGERALD, V.K.; RYAN, E.P.; LEWIS, M.R.; THOMPSON, H.J.; BRICK, M.A. Evaluation of diversity among common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from two centers of domestication using ‘omics’ technologies. **BMC Genomics**, v.11, p.1-33, 2010.

MESQUITA, R.F.; CORRÊA, D.A.; ABREU, P.M.C.; LIMA, Z.A.R; ABREU, B.F.A. Linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.): Composição química e digestibilidade proteica. **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, n.2, p.1114-1121, 2007.

MONTALVÁN, R.; MONTAÑO-VELASCO, J.C. Interação genótipo x ambiente: aspectos básicos. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. (org.). **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: UEL, p.131-140, 1999.

MOORE, L.W. *Pseudomonas syringae*: disease and ice nucleation activity. **Ornamentals Northwest Archives**, v.12, n.2, p.3-16, mar/Apr. 1988.

MORA, F.; PUPIM-JUNIOR, O. SCAPIM, C.A. Predicción del efecto de cultivares de algodón en la presencia de interacción genotipo-ambiente. **Ciencia e Investigación Agraria**, v.34, p.13-21. 2007.

NUNES, M.P. *Estudo da incidência de Colletotrichum lindemuthianum em regiões produtoras de feijão comum*. 2013. 86 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá. 2013.

- OLIVEIRA, R.A.; RESENDE, M.D.V.; DAROS, E.J.; BESPALHOK, F.J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H.; KOEHLER, H.S.; Genotypic evaluation and selection for sugarcane clones in three environments in state of Parana. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.426-434. 2005.
- PASTOR-CORRALES, M.A. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Middle America and Andean South America in different common bean races. **Plant Disease**, v.7, p.63-67, 1995.
- PASTOR-CORRALES, M.A.; TU, J.C. **Antracnosis**. In: PASTOR-CORRALES, M.A.; SCHWARTZ, H.F. (Ed.). Problemas de producción del frijol em los trópicos. CIAT, p.87-119, 1994.
- PATERNIANI, E. Interação genótipos x ambientes em climas tropicais e subtropicais. In Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 16, 1996. Belo Horizonte. **Anais**. Sete Lagoas: Embrapa/NCPMS, 1986, p. 378-382.
- PATTERSON, H.D. & THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.
- PEREIRA, D.V. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja para resistência ao oídio. **Ciência Rural**, v.38, p.1836-1842, 2008.
- PIEPHO, H.P. Stability analysis using the SAS System. **Agronomy Journal**, v.91, p.154-160, 1999.
- PIEPHO, H.P.; MÖHRING, J. Selection in Cultivar Trials - Is It Ignorable? **Crop Science**, v.46, p.192-201. 2006.
- PIEPHO, H.P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BUCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v.161, p.209-228. 2008.
- PINTO JÚNIOR, J.E. *REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de Eucalyptus grandis w. hill ex maiden*. 2004. 113 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2004.
- PLAISTED, R.L.; PETERSON, L.C. A technique for evaluating the ability of selection to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, v.36, p.381-385, 1959.

POLETINE, J.P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; COIMBRA, G.K.; MOIANA, L.D.; FILHO, P.S.V.; LACANALLO, G.F.; CASTRO, S.A.L. Promising genotypes of common bean in relation to grain yield and resistance to anthracnose in Maringa and Umuarama counties. **Journal of Food, Agriculture and Environment**, v.12, n.3, p.614-619, 2014.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

RESENDE, M.D.V.; FURLANI JÚNIOR, E.; MORAES, M.L.T.; FAZUOLI, L.C. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v.60, n.3, p.185-193, 2001.

RESENDE, M.D.V. Novas abordagens estatísticas na análise de experimentos de campo. Colombo: **Documentos Embrapa Florestas**. 60p. 2004.

RESENDE, M.D.V.; MORAES, M.L.T.; PAIVA, J.R. Comparação de métodos de avaliação genética e seleção no melhoramento da seringueira. **Floresta**. Curitiba, v. 26, n. 1/2, p.25-47, 1996.

RESENDE, M.D.V. Matemática e Estatística na análise de Experimentos e no melhoramento Genético. Colombo: **Embrapa Florestas**, p.362. 2007.

RESENDE, M.D.V. Software SELEGEN – REML/BLUP. **Documentos Embrapa Florestas**, Colombo, n.77, dez. 2002.

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

REY, M.S.; BALARDIN, R.S.; PIEROBOM, C.R. Reação de cultivares de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) a patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum*. **Revista Brasileira Agrociência**, v.11, p.113-116, 2005.

RIBEIRO, N.D.; ANTUNES, I.F.; SOUZA, J.F.; POERSCH, N.L. Adaptação e estabilidade de produção de cultivares e linhagens-elite de feijão no Estado do Rio Grande do Sul. **Ciência Rural**, v.38, p.3424-2440, 2008.

ROBINSON, G.K. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, v.6, n.1, p.15-51, 1991.

- ROCHA, V.P.C.; MODA-CIRINO, V.; DESTRO, D.; FONSECA JÚNIOR, N. da S.; PRETE, C.E.C. Adaptabilidade e estabilidade da característica produtividade de grãos dos grupos comerciais carioca e preto de feijão. **Semina: Ciências Agrárias**, v.31, p.39-53, 2010.
- ROSADO, A.M.; ROSADO, T.B.; ALVES, A.A.; LAVIOLA, B.G.; BHERING, L.L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa agropecuária Brasileira**, v.47, p.964-971, 2012.
- SANTALLA, M.; SABURIDO, S.; RODINÕ, A.P.; CASTRO, A.; LORES, M.; FUENTE, M. de La. Generation means analysis of agronomic and seed quality traits in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.53, p.104-105, 2010.
- SARTORATO, A. Pathogenic variability and genetic diversity of *Phaeoisariopsis griseola* isolates from two counties in the state of Goiás, Brazil. **Journal of Phytopathology**, v.152, p.385-390, 2004.
- SARTORATO, A.; RAVA, C.A.; MENTEN, J.O.M.; BERGAMIN FILHO, A.; Resistência vertical do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) a *Isariopsis griseola*. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.16, n.1, p.43-46, 1991.
- SAS Institute Inc. Software SAS 9.1. Cary, NC: SAS Institute Inc. 2009.
- SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; Mc. CULLOCH, C.E. Variance Components. New York: **Wiley**, 1992.
- SHAPIRO, S.S; WILK, M.B. An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples) **Biometrika**, v.52, n3/4. p.591-611, 1965.
- SILVA, H.T.; COSTA, A.O. **Caracterização botânica de espécies silvestres do gênero *Phaseolus* L. (Leguminosae)** - Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão – Documentos / Embrapa Arroz e Feijão, 44-156, 2003.
- SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, v.45, p.379-396, 1991a.
- SINGH, S.P.; NODARI, R.; GEPS, P. Genetic diversity in cultivated common bean: I. Allozymas. **Crop Science**, Madison, v.31. p.19-23, 1991b.

SOMAVILLA, L.L.; PRESTES, A.M. Identificação de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* de algumas regiões produtoras de feijão do Rio Grande do Sul. **Fitopatologia Brasileira**, v.24, p.416-421, 1999.

SOUZA, T.L.P.O.; RAGAGNIN, V.A.; SANGLARD, D.A.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Identification of races of selected isolates of *Uromyces appendiculatus* from Minas Gerais (Brazil) based on the new international classification system. **Fitopatologia Brasileira**, v.32, p.104-109, 2007.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H.; DICKEY, D.A. Principles and Procedures of Statistics. A biometrical approach. 3rd Ed., McGraw Hill Book Co., **New York**, USA, 1997.

TEBALDI, N.D.; PETERS, J.; SOUZA, R.M.; CHITARRA, L.G.; ZOUWEN, P.; BERGERVOET, J.; WOLF, J. Detection of *Xanthomonas axonopodis* pv. phaseoli in bean seeds by flow cytometry, immunostaining and direct viable counting. **Tropical Plant Pathology**, v.35, n.4, p.213-222, 2010.

VAN SCHOONHOVEN, A.; PASTOR-CORRALES, M.A. **Standard system for the evaluation of bean germplasm**. CIAT, Cali, Colombia. 53p. 1987.

VENCOVSKY, R.; TORRES, R.A.A. Estabilidade geográfica e temporal de algumas cultivares de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16, 1986, Belo Horizonte. **Resumos**. Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, p.294-299, 1988.

VERARDI, C. K.; RESENDE, M.D.V.; COSTA, R.B.; CONÇALVES, P.S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.10, p. 1277-1282, 2009.

VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S; MURTY, B.R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, v.53, n.2, p.89-91, 1978.

VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR.; BORÉM, A. Feijão. **Viçosa**: UFV, 2 ed. 2006. 600p

WANDER, A.E.; FERREIRA, C.M. **Consumo de Feijão**. Disponível em: <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Agencia4/AG01/arvore/AG01_62_1311200215103.html, 2007>, Acessado em: 13 de Abril de 2013.

WRICKE, G. ZUR. Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. **Pflanzenzuchtung**, v.52, p.127-138, 1965.

YATES F.; COCHRAN, W.G. The analysis of groups of experiments. **Journal of Agricultural and Science**, v.28, p.556-580, 1938.

ZAUMEYER, W.J.; THOMAS, H.R. **A monographic study of bean diseases and methods for their control**. Washington, USDA, p. 5-15. 1957.

ZHANG, X.; BLAIR, M.W.; WANG, S. Genetic diversity of Chinese common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces assessed with simple sequence repeat markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.117, p.629-640, 2008.