



Bragantia

ISSN: 0006-8705

editor@iac.sp.gov.br

Instituto Agronômico de Campinas

Brasil

Fernandes Silva, Adélia Cristina; Santos Melo, Patrícia Guimarães; Cunha Melo, Leonardo; Zaczuk Bassinello, Priscila; Santos Pereira, Helton

Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro comum

Bragantia, vol. 72, núm. 4, 2013, pp. 326-331

Instituto Agronômico de Campinas

Campinas, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=90829242002>

- ▶ Como citar este artigo
- ▶ Número completo
- ▶ Mais artigos
- ▶ Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progêneres de feijoeiro comum

Adélia Cristina Fernandes Silva (1*); Patrícia Guimarães Santos Melo (1); Leonardo Cunha Melo (2);
Priscila Zaczuk Bassinello (2); Helton Santos Pereira (2)

(1) Universidade Federal de Goiás (UFG), Programa de Pós-graduação em Agronomia, Campus Samambaia, Rod. Goiânia/Nova Veneza, km 0, 74001-970 Goiânia (GO), Brasil.

(2) Embrapa Arroz e Feijão (Cnpaf), Rod. GO-462, km 12, zona rural, 75375-000 Santo Antônio de Goiás (GO), Brasil.

(*) Autora correspondente: adeliacrist@yahoo.com.br

Recebido: 17/abr./2013; Aceito: 10/nov./2013

Resumo

O objetivo deste estudo foi comparar métodos de melhoramento quanto à variabilidade genética e à eficiência na obtenção de progêneres superiores para teor de fibra bruta e produtividade de grãos em feijoeiro comum. As progêneres foram obtidas do cruzamento, em 2003, entre as linhagens carioca CNFC 7812 e CNFC 7829. A população segregante foi conduzida por *bulk*, *bulk* dentro de F_2 e SSD até geração F_7 . Em 2008 foram amostradas aleatoriamente 64 progêneres de cada método para avaliação em Goiás e Paraná. Foram obtidas as estimativas dos componentes de variância, parâmetros genéticos e fenotípicos, média e índices de geração de progêneres superiores. As progêneres obtidas pelos métodos de *bulk* e SSD apresentaram diferenças significativas para produtividade e teor de fibra bruta e maior variância genética. O *bulk* dentro de F_2 apresentou os maiores índices de geração de progêneres superiores e maiores médias para os dois caracteres, sendo recomendado para os programas de melhoramento de feijoeiro comum.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, interação genótipo × ambiente, SSD, *bulk*, *bulk* dentro de famílias.

Efficiency of breeding methods for crude fiber content and grain yield in common bean progenies

Abstract

The objective was to compare breeding methods referring to genetic variability and the efficiency in obtaining superior progenies for crude fiber content and grain yield in common bean plants. The progenies were obtained by crossing Carioca in bredlines CNFC 7812 and CNFC 7829 in 2003. The segregating population was conducted by bulk, bulk within F_2 and SSD until the F_7 generation. In 2008, 64 progenies were chosen randomly according to each breeding method for evaluation in Goiás and Paraná States. The estimates of variance component, genetic and phenotypic parameters, means and indexes of superior progeny generations were obtained during this study. The progenies obtained by bulk and SSD methods presented significant differences for grain yield and crude fiber content along with larger genetic variance. The bulk within F_2 presented higher indexes of superior progenies generation and larger averages for both characters as compared to the other methods, being recommended for breeding programs of common beans.

Key words: *Phaseolus vulgaris*, genotype by environment, SSD, *bulk*, *bulk* within F_2 .

1. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) é um alimento tradicionalmente presente na dieta dos brasileiros. A qualidade tecnológica dos grãos é de grande importância, uma vez que o feijão é consumido por todas as classes sociais, sendo para as de menor poder aquisitivo a principal fonte de proteínas, minerais, vitaminas e fibras (BASSINELLO, 2009).

A qualidade nutricional vem despertando grande interesse no mercado de grãos (MITTELMANN et al.,

2003). Dentre os nutrientes destacam-se as fibras, que são componentes importantes da dieta humana por exercerem efeitos benéficos na saúde, auxiliando na prevenção de doenças do sistema digestivo e do coração, além de contribuirem para a redução do colesterol, no controle glicêmico e na prevenção de câncer de cólon (HUGHES, 1991; MOORE et al., 1998; VANDERHOOF, 1998).

O conhecimento da variabilidade genética em genótipos brasileiros de feijoeiro comum é muito importante, uma vez que as informações disponíveis são poucas e o consumo

desse grão é grande (LONDERO et al., 2005). Essas informações podem auxiliar os programas de melhoramento genético que buscam desenvolver cultivares de feijoeiro comum mais produtivos associados às características de qualidade.

Teores de fibra bruta variando de 3,82% a 5,67% foram encontrados por ANTUNES et al. (1995) ao analisarem quatro cultivares de feijoeiro comum. LONDERO et al. (2008b) encontraram teor médio de fibra bruta em grãos do grupo preto variando de 3,42% a 4,30%. RIBEIRO et al. (2005) analisaram 220 genótipos de feijoeiro comum, sendo 83 do grupo comercial preto e 137 de cor, verificando teores de fibra bruta variando de 3,40% a 5,17% em feijões do grupo preto e de 3,31% a 5,57% em feijões de cor.

O aumento da qualidade nutricional do feijão quanto ao teor de fibra possibilitará o acesso a uma alimentação rica nesse componente, uma vez que o feijão é um dos principais alimentos de mais de 300 milhões de pessoas no mundo, principalmente nos países em desenvolvimento de regiões tropicais e subtropicais (MELO et al., 2011). Assim, é importante que seja avaliada a eficiência relativa dos métodos de melhoramento genético para esse caráter, uma vez que a variabilidade é função da diversidade genética dos genitores e, também, dos métodos de condução das populações segregantes (CASTANHEIRA e SANTOS, 2004). As comparações entre métodos de condução de populações segregantes em feijoeiro comum são poucas e visam, principalmente, a produtividade de grãos (RANALLI et al., 1996; RAPOSO et al., 2000; URREA e SINGH, 1994).

RANALLI et al. (1996), utilizando duas populações segregantes, avaliaram a eficiência do método SSD (Single Seed Descent) e da seleção precoce em plantas F_2 , concluindo que o método SSD apresentou desempenho ligeiramente superior à seleção precoce, mas não descartaram a utilização desse método associado ao SSD. RAPOSO et al. (2000) concluíram que não houve diferenças significativas entre os métodos, para produtividade de grãos, na obtenção de progênies superiores. Utilizaram como critérios o desempenho médio das progênies, o ganho esperado com diferentes intensidades de seleção e o número de progênies provenientes de cada método com desempenho superior a um determinado padrão. Porém, considerando as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, juntamente com a facilidade e flexibilidade de condução, os métodos *bulk* e SSD foram os mais vantajosos.

Alguns programas de melhoramento genético do feijoeiro comum têm direcionado seus trabalhos para o desenvolvimento de cultivares produtivos, agregando outras características de interesse, dentre elas, a fibra bruta nos grãos. Para que essas metas sejam alcançadas deve-se ter disponível variabilidade genética suficiente para o caráter e estratégias eficientes para detectar diferenças entre os genótipos elite. O objetivo deste estudo foi comparar métodos de melhoramento quanto à variabilidade genética e eficiência na obtenção de progênies superiores para teor de fibra bruta e produtividade de grãos em feijoeiro comum.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foi realizado, em 2003, o cruzamento entre as linhagens com grãos tipo carioca CNFC 7812 e CNFC 7829, desenvolvidas pelo programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. A população obtida foi dividida e conduzida por três métodos de melhoramento, a partir da geração F_2 : *bulk* (1.000 plantas por geração até F_5 , com seleção aleatória de 100 plantas nessa geração), *bulk* dentro de famílias F_2 (100 progênies por geração até F_5) e SSD - Single Seed Descent (100 sementes por geração até F_5). A condução dessas populações segregantes foi realizada segundo descrito por RAMALHO et al. (2001) e conforme, também, adotado por RAMALHO et al. (2012). A partir da geração F_5 foram amostradas aleatoriamente 64 progênies de cada método, sendo multiplicadas na geração F_6 .

A avaliação das 192 progênies (64/método) foi realizada na geração F_7 , juntamente com quatro cultivares comerciais (BRS Estilo, BRS Pontal, BRS Cometa e BRS Horizonte). Os ambientes de avaliação foram os municípios: Santo Antônio de Goiás (GO), localizado a 16°28'00"S, 49°17'00"O, altitude de 823 m, na safra do inverno de 2008; e Ponta Grossa (PR), localizado a 25°05'42"S, 50°09'43"O, altitude de 969 m, na safra das águas de 2008. O delineamento foi um látice triplo 14×14, com parcela de duas linhas de quatro metros de comprimento com 15 sementes por metro. Foi obtida a produtividade em g parcela $^{-1}$, posteriormente convertida em kg ha $^{-1}$.

As avaliações do teor de fibra bruta foram realizadas com amostras das três repetições de campo provenientes dos dois ensaios. O método utilizado foi o da digestão ácido-base descrito pela AOAC (1997), com modificações. Nessa metodologia, a quantificação da fibra bruta é realizada por meio de diluições ácidas e básicas em recipientes denominados cadiño de Gooch, o que dificulta a quantificação em um número grande de amostras. As modificações realizadas neste trabalho consistiram em realizar a extração da fibra bruta no equipamento denominado determinador de fibras da Tecnal®, modelo TE-149, que originalmente determina fibra detergente neutro (FDN) e fibra detergente ácido (FDA), possibilitando a extração em um número maior de amostras, o que o torna um método mais rápido e menos oneroso.

Foram realizadas as análises individuais e conjunta de variância para o teor de fibra bruta e para a produtividade de grãos das progênies nos dois locais. A partir da análise conjunta de variância, desdobraram-se os graus de liberdade das progênies e progênies × ambiente para cada método, obtendo-se as respectivas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, segundo VENCOVSKY e BARRIGA (1992). Estimaram-se os índices de geração de progênies superiores, representados pelo número de progênies superiores à média dos genitores, número de progênies superiores à média do melhor genitor e o número de progênies superiores entre as 20 melhores.

Estimou-se a correlação de Pearson entre o teor de fibra e a produtividade de grãos das progênies para cada método, segundo o modelo de STEEL e TORRIE (1980). Para as dez progênies mais produtivas dos três métodos, calculou-se o ganho de seleção conforme CRUZ (2005).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados mostraram que houve diferença significativa entre as progênies para teor de fibra bruta e produtividade de grãos, indicando que existe variabilidade entre elas (Tabela 1). O CV_e para produtividade de grãos e teor de fibra bruta, nos dois ambientes, está dentro do que normalmente se encontra para esses caracteres (LONDERO et al., 2008b; PEREIRA et al., 2009; RIBEIRO et al., 2005). Os valores médios encontrados nesses dois últimos trabalhos, para fibra bruta, foram de 8,19% e 9,26%, respectivamente.

As progênies conduzidas pelo método do *bulk* dentro de F_2 apresentaram diferenças significativas ($p \leq 0,05$) apenas para produtividade de grãos (Tabela 1). No método do *bulk* houve diferenças significativas para produtividade de grãos e teor de fibra bruta ($p \leq 0,01$) e no método SSD as diferenças também foram significativas ($p \leq 0,01$) para produtividade e ($p \leq 0,05$) para teor de fibra.

Foi observada a presença da interação progênies \times ambientes, indicando o comportamento diferenciado das

progênies nos dois ambientes, para ambos os caracteres (Tabela 1). A interação genótipos \times ambientes para teor de fibra em feijão também foi constatada por LONDERO et al. (2008a). Para produtividade de grãos, a presença da interação tem sido constatada por vários autores (BERTOLDO et al., 2009; CARBONELL et al., 2004; MELO et al., 2007; OLIVEIRA et al., 2006; PEREIRA et al., 2009; 2010). A estimativa da variância da interação foi bastante pronunciada, representando 69% da variância genética para o caráter produtividade de grãos e 55% para o caráter teor de fibra bruta (Tabela 2). Não houve interação entre as progênies de cada método com ambiente, para nenhum dos dois caracteres. As testemunhas interagiram com ambientes apenas para o teor de fibra.

Normalmente, espera-se que os métodos do *bulk* e SSD proporcionem maior variabilidade entre as progênies, pois a variabilidade disponível que é liberada a partir da geração F_2 é 1,97 da variância genética aditiva (σ_A^2) (RAMALHO et al., 2012). No *bulk*/ F_2 , a variabilidade entre as progênies, independentemente da geração em que foi efetuada a seleção, é a mesma da existente entre plantas F_2 , ou seja, 1 σ_A^2 (RAMALHO et al., 2012). Embora, normalmente esses resultados sejam esperados, durante a condução de uma população segregante vários fatores podem afetar a eficiência desses métodos. Entre esses fatores destacam-se a atuação da seleção natural, as perdas decorrentes do processo de amostragem, além dos efeitos da interação de genótipos com ambientes, que neste trabalho não foram

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta para os caracteres produtividade de grãos e teor de fibra bruta das progênies F_7 de feijoeiro comum obtidas por três métodos de condução de populações, 2008

| FV | GL | Quadrado médio | | Quadrado médio | |
|-------------------------|-------|------------------------|----------|---------------------|----------|
| | | Produtividade de grãos | p-valor | Teor de fibra bruta | p-valor |
| Ambiente (A) | 1 | 94.856.549,00 | 6,72E-87 | 16,049 | 2,13E-14 |
| Métodos (M) | 2 | 4.181.425,50 | 1,96E-10 | 1,1375 | 1,36E-02 |
| Rep/A | 4 | 1.207.745,80 | 2,87E-05 | 1,167 | 1,52E-03 |
| Bloco/Rep/A | 78 | 438.335,96 | 1,62E-09 | 0,356445 | 2,79E-02 |
| Genótipos (G) | 195 | 358.493,05 | 1,20E-10 | 0,400976 | 6,33E-05 |
| Progênies (P) | 191 | 359.772,31 | 1,28E-10 | 0,3656 | 1,58E-03 |
| Prog/Bulk $F_{2,7}$ | 63 | 250.703,66 | 3,03E-02 | 0,307565 | 1,83E-01 |
| Prog/Bulk | 63 | 355.731,69 | 2,75E-05 | 0,396189 | 8,76E-03 |
| Prog/SSD | 63 | 354.251,59 | 3,08E-05 | 0,368978 | 2,55E-02 |
| Entre métodos | 2 | 4.691.433,60 | 1,41E-11 | 1,123695 | 1,44E-02 |
| Testemunhas (T) | 3 | 178.033,89 | 4,00E-01 | 0,6979 | 4,78E-02 |
| P \times T | 1 | 655.532,08 | 5,75E-02 | 6,2671 | 1,32E-06 |
| M \times A | 2 | 124.759,80 | 5,03E-01 | 0,01414 | 9,48E-01 |
| G \times A | 195 | 304.482,23 | 9,55E-07 | 0,342086 | 9,09E-03 |
| P \times A | 191 | 200.170,92 | 1,86E-01 | 0,2148 | 9,56E-01 |
| Bulk $F_{2,7} \times$ A | 63 | 162.803,88 | 6,96E-01 | 0,212204 | 8,58E-01 |
| Bulk \times A | 63 | 224.879,90 | 1,06E-01 | 0,211996 | 8,59E-01 |
| SSD \times A | 63 | 216.731,92 | 1,49E-01 | 0,2268 | 7,68E-01 |
| Contraste | 2 | 77.228,31 | 6,53E-01 | 0,0069 | 9,74E-01 |
| T \times A | 3 | 58.505,24 | 8,09E-01 | 1,074334 | 6,90E-03 |
| P:T \times A | 1 | 20.965.874,00 | 4,43E-25 | 22,4569 | 3,02E-19 |
| Erro efetivo | 698 | 181.154,75 | | 0,263246 | |
| Total | 1.175 | | | | |

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres produtividade de grãos e teor de fibra bruta de progênies F_2 de feijoeiro comum obtidas por diferentes métodos de melhoramento e avaliadas em Santo Antônio de Goiás, GO, e Ponta Grossa, PR, no ano agrícola de 2008

| Estimativas | Todos os métodos | | Bulk | | Bulk $F_{2,7}$ | | SSD | |
|-----------------------|---------------------|-------|---------------------|-------|------------------------|---------------------|---------------------|--------|
| | PG ⁽¹⁾ | Fibra | PG ⁽¹⁾ | Fibra | PG ⁽¹⁾ | Fibra | PG ⁽¹⁾ | Fibra |
| $\hat{\sigma}_g^2$ | 29.769,6 | 0,022 | 29.096,2 | 0,022 | 11.591,5 | 0,007 | 28.849,5 | 0,0176 |
| $\hat{\sigma}_f^2$ | 59.748,8 | 0,066 | 59.288,6 | 0,066 | 41.783,9 | 0,051 | 59.041,9 | 0,0614 |
| $\hat{\sigma}_{fa}^2$ | 20.554,6 | 0,012 | 7,287 | 0 | 0 | 0 | 5,929 | 0 |
| h^2_m (%) | 49,8 | 34,0 | 49,0 | 33,5 | 27,7 | 14,0 | 49,0 | 28,7 |
| CV_e (%) | 22,4 | 11,38 | 12,7 | 5,73 | 10,0 | 4,95 | 13,2 | 5,53 |
| GS% | 12,09 | 3,15 | 10,18 | 2,89 | 4,09 | 0,94 | 8,77 | 2,29 |
| Média geral | 1.929,7 | 4,52 | 1.909,90 | 4,48 | 2.046,0 ⁽²⁾ | 4,57 ⁽³⁾ | 1.843,39 | 4,47 |
| r | -0,06 ^{ns} | | -0,19 ^{ns} | | -0,009 ^{ns} | | -0,17 ^{ns} | |

Em que: σ_g^2 : variância genética; σ_f^2 : variância fenotípica; h^2 : herdabilidade; CV_e : coeficiente de variação ambiental; GS: ganho genético; r : correlação de Pearson; ⁽¹⁾: produtividade de grãos ($kg\ ha^{-1}$); ⁽²⁾: média superior aos dois outros métodos, significativo a 5% pelo teste t; ⁽³⁾: média superior aos dois outros métodos, significativo a 1% pelo teste t

detectados em nenhum dos métodos. A produtividade de grãos pode ser afetada por esses três fatores, já o teor de fibra, normalmente, é afetado somente pelas variações de amostragem e interações, pois não está relacionado com vantagens adaptativas, pelas quais atua a seleção natural, conforme mostraram os trabalhos de ALLARD (1988); CORTE et al. (2002) e PIROLA et al. (2002).

Neste trabalho observou-se que a variância genética entre as progênies foi maior nos métodos de *bulk* e SSD (Tabela 2). Coerentemente, observou-se maior herdabilidade nesses métodos, comparados ao método do *bulk* dentro de famílias - *bulk* ($F_{2,7}$). Porém observou-se que a média de produtividade de grãos ($2.046\ kg\ ha^{-1}$) e teor de fibra bruta (4,57%) foram maiores para as progênies conduzidas pelo método do *bulk* dentro de famílias.

Os teores médios de fibra bruta encontrados nos três métodos foram 4,47% (SSD), 4,48% (*bulk*) e 4,57% (*bulk* dentro de famílias) (Tabela 2). Tais valores são próximos aos encontrados por ANTUNES et al. (1995), que foram de 3,82% a 5,67%. Segundo esses autores, o cultivar Carioca apresentou o menor teor médio de fibra (3,82%). LONDERO et al. (2008b) encontraram teor médio de fibra bruta em grãos do grupo preto variando de 3,42% a 4,30%.

O ganho de seleção das dez melhores progênies, nos três métodos avaliados, mostrou valores positivos, representando o aumento das médias para as duas características comparativamente às médias das 64 progênies (Tabela 2). Para a produtividade de grãos, o método *bulk* apresentou o maior ganho de seleção, que foi de 9,56%, seguido pelo método SSD, ganho de 8,05%, e pelo método *bulk* dentro de famílias, ganho de 3,39%. Para o teor de fibra bruta, o método *bulk* também obteve o maior ganho de seleção (2,85%), seguido pelo SSD (2,25%) e pelo *bulk* dentro de famílias (0,94%), sendo esse pouco expressivo.

LONDERO et al. (2006) encontraram ganhos semelhantes (2,04%) com a seleção de famílias F_2 da combinação entre as cultivares de feijoeiro comum BRS Valente e Varre-Sai

para fibra alimentar total. Ganhos com a seleção para produtividade de grãos foram calculados em diversos trabalhos (PEREIRA et al., 2004; 2008; SILVA et al., 2009) e os valores obtidos são bastante variáveis (de 2,4% a 79,5%).

Verificou-se que não houve correlação significativa ($p \leq 0,05$) entre os dois caracteres avaliados (Tabela 2). Em trabalho similar, porém com fibra alimentar (solúvel, insolúvel e total), LONDERO et al. (2006) também não encontraram associação entre as diferentes frações da fibra alimentar e a produtividade de grãos, ressaltando que a associação dessas duas características em um genótipo será um desafio para os melhoristas.

Com relação ao teor de fibra, o método do *bulk* dentro de famílias apresentou 25 progênies superiores ao melhor genitor (CNFC 7812-4,64%) e 39 (61%) acima da média dos genitores (Tabela 3). No método SSD foram identificadas 19 progênies superiores ao melhor genitor e 29 (45,3%) progênies superiores às médias dos genitores. O método do *bulk* apresentou 15 progênies superiores ao melhor genitor e 27 (42,2%) progênies superiores às médias dos genitores. Embora, nos três métodos, houvesse variabilidade entre as progênies indicando que é possível selecionar as superiores, é preciso considerar, também, a média do caráter, para garantir o sucesso com a seleção.

Constatou-se que nenhum método apresentou progênies com média superior à do melhor genitor, que foi $2.597,4\ kg\ ha^{-1}$. No *bulk* dentro de famílias foram encontradas seis progênies com médias acima da média dos genitores ($2.315,9\ kg\ ha^{-1}$). No método do *bulk* foram encontradas quatro progênies acima desse valor e no SSD não foi encontrada nenhuma. Assim, nessas comparações em que foram consideradas as médias das progênies mais uma vez o método de *bulk* dentro de famílias destacou-se.

Foram selecionadas as 20 melhores progênies, para ambos os caracteres, considerando-se as 192 progênies, a fim de identificar qual método originou as melhores progênies (Tabela 3). Para teor de fibra bruta, a predominância de

Tabela 3. Índices de geração de progênies superiores representados pelo número de progênies superiores à média dos genitores, número de progênies superiores à média do melhor genitor e número de progênies superiores entre as 20 melhores em método para os caracteres teor de fibra bruta e produtividade de grãos em feijoeiro comum

| Método | Teor de fibra bruta | | | Produtividade de grãos | | |
|-----------------------|---------------------|-----|-----|------------------------|-----|-----|
| | (1) | (2) | (3) | (1) | (2) | (3) |
| Bulk F _{2:7} | 39 (61,0%) | 25 | 8 | 6 (9,0%) | 0 | 12 |
| SSD | 29 (45,3%) | 19 | 7 | 4 (6,25%) | 0 | 7 |
| Bulk | 27 (42,2%) | 15 | 5 | 0 (0%) | 0 | 1 |

⁽¹⁾: Número de progênies superiores à média dos genitores e porcentagem em relação ao total; ⁽²⁾: número de progênies superiores à média do melhor genitor; ⁽³⁾: número de progênies superiores entre as 20 melhores

progênies superiores foi do método *bulk* dentro de F₂ (40%) e do método *bulk* (35%), seguidos pelo SSD (25%). Para produtividade de grãos, 60% das melhores progênies foram originadas pelo método do *bulk* dentro de F₂, 35% pelo método do *bulk* e apenas 5% por SSD.

De modo geral, o método do *bulk* dentro de famílias F₂ foi o mais eficiente na obtenção de progênies com maiores teores de fibra e produtividade, com resultados mais pronunciados para produtividade de grãos. Esses resultados reforçam a importância de associar a média e a variância do caráter visando alcançar genótipos superiores.

Do exposto, e levando-se em conta todos os critérios, o melhor método de condução de populações segregantes, considerando o número de progênies superiores obtidas e as médias para os caracteres produtividade de grãos e teor de fibra bruta, foi o *bulk* dentro de famílias. Essa tendência foi mais acentuada para a produtividade de grãos. A variabilidade entre as progênies nesse método foi pequena, refletindo em menores ganhos com a seleção, portanto não se deve esperar avanços nesses caracteres nas gerações seguintes.

O método do *bulk*, mesmo obtendo maior variabilidade, gerou baixo número de progênies superiores à média geral dos genitores para os dois caracteres. Porém, apresentou a possibilidade de ganhos com a seleção, o que pode ser favorável em gerações posteriores. O método SSD foi o que apresentou menos progênies superiores sendo, portanto, o menos indicado.

4. CONCLUSÃO

O método do *bulk* dentro de famílias foi o mais eficiente na geração de progênies superiores de feijoeiro comum do grupo carioca para teor de fibra bruta e produtividade de grãos. O cruzamento CNFC 7812 x CNFC 7829 apresenta potencial genético para geração de progênies superiores para teor de fibra bruta e produtividade de grãos.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W. Genetic changes associated with the evolution of adaptedness in cultivated plants and their wild progenitors. *Journal of Heredity*, v.79, p.225-238, 1988. PMid:3166481.

ANTUNES, P.L.; BILHALVA, A.B.; ELIAS, M.C.; SOARES, G.J.D. Valor Nutricional de Feijão (*Phaseolus vulgaris*, L.), Cultivares Rico 23, Carioca, Piratâ-1 e Rosinha-G2. *Revista Brasileira de Agrociência*, v.1, p.12-18, 1995.

ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS - AOAC. *Methods of analysis of AOAC International*. Washington: AOAC, 1997. 200 p.

BASSINELLO, P.Z. Qualidade nutricional, funcional e tecnológica do feijão. In: KLUTHCOUSKI, J.; STONE, L.F.; AIDAR, H. (Ed.). *Fundamentos para uma agricultura sustentável, com ênfase na cultura do feijoeiro*. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, 2009. p.385-424.

BERTOLDO, J.G.; COIMBRA, J.L.M.; NODARI, R.O.; GUIDOLIN, A.F.; HEMP, S.; BARILI, L.D.; VALE, N.M.; ROZZETO, D.S. Stratification of the state of Santa Catarina in macro-environments for bean cultivation. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.9, p.335-343, 2009.

CARBONELL, S.A.M.; AZEVEDO FILHO, J.A.; DIAS, L.A.S.; GARCIA, A.A.F; MORAIS, L.K. Common bean cultivars and lines interactions with environments. *Scientia Agricola*, v.61, p.169-177, 2004. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162004000200008>

CASTANHEIRA, A.L.M.; SANTOS, J.B. RAPD marker assessment of self-pollinated inbreeding methods for common bean segregant populations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.4, p.1-6, 2004.

CORTE, H.C.; RAMALHO, M.A.P.; GONÇALVES, F.M.A.; ABREU, A.F.B. Natural selection for grain yield in dry bean populations bred by the bulk method. *Euphytica*, v.123, p.387-393, 2002. <http://dx.doi.org/10.1023/A:1015065815131>

CRUZ, C.D. *Princípios de Genética Quantitativa*. Viçosa: UFV, 2005. 394p.

HUGHES, J.S. Potential contribution of dry bean dietary fiber to health. *Food Technology*, v.45, p.122-126, 1991.

ONDERO, P.M.G.; RIBEIRO, N.D.; RODRIGUES, J.A.; POERSCH, N.L.; TRENTIN, M. Genetic variability for dietary fiber content in common bean populations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.5, p.86-90, 2005.

ONDERO, P.M.G.; RIBEIRO, N.D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; RODRIGUES, J.A.; ANTUNES, I.F. Herdabilidade dos teores de fibra alimentar e rendimento de grãos em populações de feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.41, p.51-58, 2006. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000100008>

LONDERO, P.M.G.; RIBEIRO, N.D.; POERSCH, N.L.; ANTUNES, I.F.; NÖRNBERG, J.L. Análise de frações de fibra alimentar em cultivares de feijão cultivadas em dois ambientes. Ciência Rural, v.7, p.2033-2036, 2008a. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782008000700037>

LONDERO, P.M.G.; RIBEIRO, N.D.; CARGNELUTTI, A.F. Teores de fibra e rendimento de grãos em populações de feijão. Ciência e Agrotecnologia, v.32, p.167-163, 2008b. <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542008000100024>

MELO, L.C.; MELO, P.G.S.; FARIA, L.C.; DIAZ, J.L.C.; DEL PELOSO, M.J.; RAVA, C.A.; COSTA, J.G.C. Intereração com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum na Região Centro-Sul do Brasil. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.42, p.715-723, 2007. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2007000500015>

MELO, L.C.; DEL PELOSO, M.J.; SARTORATO, A.; PEREIRA, P.A.A. Pré-melhoramento do feijão-comum. In: LOPES, M.A.; FÁVERO, A.P.; FERREIRA, M.A.J.F.; FALEIRO, F.G.; FOLLE, S.M.; GUIMARÃES, E.P. (Ed.). Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Planaltina: Embrapa Cerrados, 2011. p.441-485.

MITTELMANN, A.; MIRANDA FILHO, J.B.; LIMA, G.J.M.M. Potential of the Esa23b Maize Population for Protein and Oil Content Improvement. Scientia Agricola, v.60, p.319-327, 2003. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162003000200017>

MOORE, M.A.; PARK, C.B.; TSUDA, H. Soluble and insoluble fiber influences on cancer development. Critical Reviews in Oncology/Hematology, v.27, p.229-242, 1998. [http://dx.doi.org/10.1016/S1040-8428\(98\)00006-7](http://dx.doi.org/10.1016/S1040-8428(98)00006-7)

OLIVEIRA, G.V.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S.; CRUZ, C.D. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.41, p.257-265, 2006. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000200010>

PIROLA, L.H.; RAMALHO, M.A.P.; CARNEIRO, J.E.S.; ABREU, A.F.B. Natural selection and family x location interaction in the common (dry) bean plant. Genetics and Molecular Biology, v.25, p.343-347, 2002. <http://dx.doi.org/10.1590/S1415-47572002000300016>

PEREIRA, H.S.; SANTOS, J.B.; ABREU, A.F.B. Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agronômicas desejáveis. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.39, p.209-215, 2004. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2004000300002>

PEREIRA, H.S.; SANTOS, J.B.; SOUZA, T.P.; LIMA, I.A. Seleção fenotípica e assistida por marcadores moleculares de famílias de feijoeiro-comum com alta produtividade. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.43, p.1551-1558, 2008. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2008001100014>

PEREIRA, H.S.; MELO, L.C.; FARIA, L.C.; DEL PELOSO, M.J.; COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; WENDLAND, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.44, p.29-37, 2009. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2009000100005>

PEREIRA, H.S.; MELO, L.C.; FARIA, L.C.; DEL PELOSO, M.J.; WENDLAND, A. Estratificação ambiental na avaliação de genótipos de feijoeiro-comum tipo Carioca em Goiás e no Distrito Federal. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.45, p.554-562, 2010. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2010000600004>

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

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522p.

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

RAPOSO, F.V.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Comparação de métodos de condução de população segregante na cultura do feijoeiro. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.35, p.1991-1997, 2000. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2000001000010>

RIBEIRO, N.D.; LONDERO, P.M.G.; HOFFMANN, L.J.; POERSCH, N.L.; CARGNELUTTI, A.F. Dissimilaridade genética para proteína e fibra em grãos de feijão dos grupos preto e de cor. Revista Brasileira de Agrociência, v.11, p.167-173, 2005.

SILVA, C.A.; ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P. Associação entre arquitetura de planta e produtividade de grãos em progêneres de feijoeiro de porte ereto e prostrado. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.44, p.1647-1652, 2009. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2009001200013>

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. New York: McGraw-Hill, 1980. 631p.

URREA, C.A.; SINGH, S.P. Comparison of mass, F2-derived family, and single-seed-descent selection method in an interracial population of common bean. Canadian Journal of Plant Science, v.74, p.461-464, 1994. <http://dx.doi.org/10.4141/cjps94-085>

VANDERHOOF, J.A. Immunonutrition: the role of carbohydrates. Nutrition Research, v.14, p.595-598, 1998.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no melhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.