

# ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE CAUPI E SUAS IMPLICAÇÕES NO MELHORAMENTO GENÉTICO ATRAVÉS DA SELEÇÃO<sup>1</sup>

SOLANGE FELICIDADE DE AQUINO<sup>2</sup> e RAIMUNDO DE PONTES NUNES<sup>3</sup>

**RESUMO** - Duas hipóteses sobre a estrutura genética de populações e variedades de feijão-de-corda (caupi), *Vigna unguiculata* (L.) Walp, foram testadas através de modelos matemáticos distintos. A variabilidade genética de duas cultivares foi estudada com respeito aos diversos componentes dos modelos propostos, com vistas ao estabelecimento de procedimentos mais eficientes para a seleção. O número de gerações em que é possível a obtenção de progresso genético para vários componentes da produção foi estabelecido em função de três diferentes métodos de seleção.

Termos para indexação: *Vigna unguiculata* (L.) Walp., progresso genético, modelos matemáticos, variabilidade genética, cultivares, componentes de produção.

## GENETICAL STRUCTURE OF COWPEA POPULATIONS AND ITS IMPLICATION ON THE GENETIC IMPROVEMENT THROUGH SELECTION

**ABSTRACT** - Two hypothesis about the genetical structure of varieties and populations of cowpea, *Vigna unguiculata* (L.) Walp, were tested under the assumption of two different mathematical models. Genetic variability of two cultivars were studied in respect to the terms of the assumed models, and components of genetic variance were estimated. The number of generations for which genetic advance is achieved under three different selection procedures was determined for several yield components.

Index terms: *Vigna unguiculata* (L.) Walp., populations genetics, yield components, genetic advance, genetic variability, cultivars, mathematical models.

## INTRODUÇÃO

O caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp, é uma leguminosa nativa da África Central, cultivada nas regiões tropicais dos continentes africano, asiático e americano. O continente africano é considerado o maior produtor, e a Nigéria destaca-se com a maior produção nacional.

No Brasil, o caupi é cultivado nas regiões Norte e Nordeste, especialmente no Estado do Ceará, que apresenta a maior área de dispersão da cultura, muito embora, no sistema de exploração agrícola da região, não constitua o principal cultivo. É plantado em grande escala como cultura secundária, em consórcio com o milho, o algodão arbóreo e a mandioca. É considerado um produto de

consumo elevado em todo o Estado, constituindo excelente fonte de proteínas e carboidratos para a alimentação humana local.

Entre os fatores que limitam a produção, em todo o nordeste brasileiro, destaca-se o emprego de cultivares de baixo potencial genético. Mesmo para as mais difundidas na região, não se conhecem, satisfatoriamente, suas potencialidades genéticas. O melhoramento para obtenção de cultivares dotadas de genótipos superiores capazes de apresentar boa produtividade e características comerciais desejáveis, constitui evidente necessidade.

Apesar de ser uma espécie muito antiga, o caupi é pouco estudado. O número de trabalhos encontrados na literatura, principalmente no que concerne ao seu melhoramento genético, é relativamente reduzido. Veeraswamy et al. (1973) consideraram o caupi como uma cultura que apresenta ampla variabilidade, que pode ser explorada para o desenvolvimento de novas variedades econômicas. Os autores, estudando a variabilidade genética de alguns caracteres em doze variedades de caupi, observaram, em todas, uma ampla variação, indicando a possibilidade para seleção de tipos desejáveis. As variedades estudadas mostraram diferenças significativas, tanto para componentes de

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 25 de março de 1983.

Extraído da dissertação apresentada ao Departamento de Fitotec., Univ. Fed. do Ceará para obtenção do grau de Mestre em Fitotecnia. Parcialmente financiado pelo CNPq.

<sup>2</sup> Eng<sup>o</sup> - Agr<sup>o</sup>, M.Sc., Fac. de Ciências Agrárias do Pará (FCAP), CEP 66000 - Belém, PA.

<sup>3</sup> Eng<sup>o</sup> - Agr<sup>o</sup>, M.Sc., Ph.D., Prof. do Centro de Ciências Agrárias da Univ. Fed. do Ceará. Chefe do Departamento Técnico Científico, EMBRAPA, CEP 70333 - Brasília, DF.

produção, como para altura da planta, número de ramos, número de vagens etc.

Singh & Mehndiratta (1969), selecionando 40 variedades promissoras de caupi para oito características, destacando-se comprimento da vagem, número de sementes por vagem e peso de 100 sementes, detectaram diferenças altamente significativas entre as médias das variedades para todos os caracteres observados.

Lal & Mehta (1974), estudando a variabilidade fenotípica de soja, observaram que, de todos os caracteres estudados em 25 variedades, os mais altos coeficientes de variação genética foram obtidos para altura da planta.

Hanson et al. (1956), em experimento com a *Lespedeza coreana*, estudaram três populações de famílias  $F_2$  originadas de três diferentes híbridos nas gerações  $F_3$  e  $F_4$ . Observaram que os componentes da variância obtidos evidenciam valor relativamente pequeno das variâncias genéticas, quando comparadas com as variâncias do erro, porém, as variâncias genéticas foram aproximadamente da mesma magnitude das variâncias devidas a interações com locais. Os dados foram bastante consistentes no sentido de mostrarem diversidade genética entre as linhagens. O experimento em questão mostra, portanto, haver possibilidade de obter aumento na produção por meio de seleção em cada população estudada.

Paniagua & Pinchinat (1976) sugerem que, para estabelecer o método mais apropriado de seleção para rendimento, em grãos, de feijão comum, é útil estimar a porção herdável da variação fenotípica associada a esse caráter. De acordo com esses autores, a proporção da variância genética aditiva ( $V_g$ ) em relação à variância fenotípica ( $V_F$ ), frequentemente tem sido empregada para indicar a herdabilidade ( $H$ ) de determinado caráter. Com base na magnitude de  $H$ , na amplitude da variância fenotípica da população e na intensidade de seleção, é possível calcular o grau de progresso genético ( $\Delta G$ ) correspondente a ser alcançado, o qual estima a resposta do caráter à seleção aplicada.

Segundo Allard (1971), os caracteres quantitativos são muito importantes no melhoramento seletivo das plantas. As estatísticas - como: médias, variâncias e covariâncias - são básicas para a esco-

lha de processos do melhoramento, pois são estimativas de certos atributos numéricos (parâmetros) do complexo genótipo-ambiente dos quais dependem os resultados do melhoramento.

Falconer (1975) sugere que a resposta à seleção pode ser avaliada pela diferença do valor fenotípico médio entre a descendência de progenitores selecionados e a geração parental antes da seleção. A predição da resposta é válida, em princípio, para uma só geração da seleção. A resposta depende da herdabilidade do caráter na geração na qual se selecionou para os progenitores. O efeito básico da seleção é mudar as frequências gênicas, de maneira que as propriedades genéticas da geração filial, em particular a herdabilidade, não sejam as mesmas da geração parental.

Sendo desconhecidas as mudanças de frequência gênica, não é possível prever a resposta de uma segunda geração de seleção sem determinar a herdabilidade. Os experimentos demonstram que a resposta se mantém com pequenas variações através de até cinco, dez ou mais gerações. A resposta à seleção depende não só da herdabilidade do caráter, mas também da intensidade de seleção aplicada, isto é, do diferencial de seleção, o qual é representado pelo valor fenotípico médio dos indivíduos selecionados como progenitores, expresso como um desvio em relação à média da população, ou seja, um desvio do valor fenotípico médio de todos os indivíduos da geração parental antes da seleção.

Segundo Warner (1952), as técnicas para estimativas do grau de herdabilidade em plantas cultivadas, relatadas na literatura, baseiam-se em três categorias principais:

1. regressão progenitores x progênie;
2. componentes da variância na análise de variância;
3. estimação da variância não herdável de populações geneticamente uniformes para estimar a variância genética total.

Para Chung & Liang (1970), a importância relativa da hereditariedade e ambiente influenciando os fatores quantitativos pode ser expressa em termos de magnitude da hereditariedade e variação ambiental, normalmente pela herdabilidade. O método de regressão progenitores x progênie tem

sido usado extensivamente em espécies de autopolinização.

Vencovsky (1973) considera, entre as várias finalidades da estimação dos componentes de variância genética, na prática do melhoramento, as seguintes:

1. cálculo da herdabilidade;
2. previsão dos ganhos genéticos em diferentes tipos de seleção;
3. conhecimento do grau de dominância dos genes; e
4. construção dos índices de seleção.

Segundo Liang & Walter (1968), a herdabilidade é usada para indicar o grau relativo em que um caráter é transmitido de pais para filhos. A magnitude de tal estimativa também sugere até onde é possível melhorar através da seleção. Referidos autores relatam que o valor da estimativa da herdabilidade e vários efeitos gênicos depende do acúmulo de dados similares sobre uma ampla variabilidade de material e ambientes.

De acordo com Allard (1971), é bastante antiga a prática da escolha de indivíduos para servirem de pais na geração seguinte. Muitas noções de seleção foram se acumulando durante os séculos, como consequência de práticas agrícolas. Porém, foi somente em fins do século XVIII que apareceu o primeiro relato sobre o alcance e eficiência da seleção como método de melhoramento.

Allard relata, ainda, que, entre os atributos da seleção, dois são especialmente importantes para a compreensão dos princípios do melhoramento:

1. a seleção só pode atuar, efetivamente, se recair sobre diferenças herdáveis;
2. a seleção não pode criar variabilidade e apenas atua sobre a que já existe.

O biologista dinamarquês Johannsen (1926), citado por Allard (1971), ao definir "linhagens puras" e descrevendo os fundamentos genéticos de formação das mesmas, forneceu uma base científica sólida para a seleção em plantas de autopolinização.

O presente estudo foi delineado com vistas à verificação de hipóteses aprioristicamente formuladas acerca da estrutura genotípica/fenotípica das populações e cultivares de caupi, estimar parâmetros genéticos, e obter estimativas de avanços

genéticos esperados como subsídios ao estabelecimento de procedimentos e métodos de melhoramento genético da cultura, através da seleção.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Origem do material básico

O material empregado é originário de plantas selecionadas ao acaso, em campos de produção de caupi, em regime de irrigação, localizados na Fazenda Experimental do Vale do Curu, em Pentecoste, Estado do Ceará. Foram estudadas as cultivares Seridó e Pitiúba, ambas pertencentes à coleção do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, sob os registros CE-1 e CE-31, respectivamente. Foram mensuradas 167 plantas de Seridó e 143 de Pitiúba.

As vagens colhidas da mesma planta foram atadas com ligas de borracha e, a partir de cada vagem, foram obtidos dados referentes às seguintes características: peso de sementes, número de sementes, comprimento, peso total, índice de sementes e peso de 100 sementes. Após a obtenção destes dados, as sementes das vagens pertencentes à mesma planta foram misturadas e a planta, a partir daí, identificada por um conjunto de cinco algarismos. Os dois primeiros representam a cultivar (1 para Seridó e 2 para Pitiúba) e os três últimos identificam o genótipo (planta) dentro de cada cultivar. Esse material original básico foi genericamente designado por  $S_0$ .

### Obtenção de progênies

Para a obtenção da geração  $S_1$ , a partir do material básico ( $S_0$ ), foi instalado um campo de progênies em área da Fazenda Experimental do Vale do Curu, pertencente à Universidade Federal do Ceará, em Pentecoste, Estado do Ceará, num mesmo tipo de solo, conduzido sem adubação e sob condição de irrigação.

O plantio foi realizado em fins de setembro/início de outubro, sendo plantadas as sementes de 162 plantas da cultivar Seridó e 143 plantas da cultivar Pitiúba, em fileiras simples de comprimento variável em função do número de sementes disponíveis para cada planta. Cada planta da seleção original passou, assim, a constituir uma família, e cada família possuía um número variável de indivíduos (plantas), aqui designados genótipos. Foram eliminadas cinco plantas de Seridó por não apresentarem número de sementes suficiente.

A colheita foi realizada em três etapas, planta por planta, acondicionando-se as vagens da mesma planta em sacos de papel, separando-se as plantas por famílias, e estas por cultivar.

### Determinações biométricas

Para efeito das determinações biométricas, foram observadas seis características, segundo o procedimento abaixo indicado:

1. Peso de sementes - tomado em gramas, após a debulha e limpeza;

2. Número de sementes - obtido por contagem dos grãos, computando-se as sementes abortadas e as não desenvolvidas;
3. Comprimento da vagem - determinado em centímetros, através de uma escala graduada, com o auxílio de um barbante, o qual foi utilizado para medir todo o perfil da vagem;
4. Peso total - obtido com auxílio de balança de precisão consistindo do peso em gramas das vagens (antes da debulha);
5. Índice de sementes - determinado pelo quociente entre o peso de sementes e o peso total das vagens, representando o rendimento da vagem em grãos;
6. Peso de 100 sementes - calculado em gramas, dividindo-se o peso de sementes pelo número de sementes e multiplicando-se por 100.

Hipóteses sobre a estrutura genética das populações de caupi e modelos matemáticos para verificação.

Tendo em vista que o caupi é uma planta autógama, admitindo-se que as cultivares plantadas no Nordeste do Brasil têm sua origem na seleção natural, e, considerando que estas cultivares, ao longo dos anos de cultivo, têm sido submetidas à uma pressão seletiva artificial quase nula, propõe-se:

1. Que as populações são formadas de cultivares, e estas, constituídas de uma mistura de genótipos fenotipicamente distintos, passíveis de caracterização e diferenciação, através de métodos biométricos e estatísticos.

Que os genótipos, apesar do elevado grau de homozigose de que são portadores (em virtude de mecanismos florais que favorecem, mas não tornam obrigatória a autogamia), apresentam variabilidade genética suficiente para permitir a identificação e caracterização, em suas progênes, de indivíduos genotípica e fenotipicamente distintos.

Para a verificação da hipótese (1), admitiu-se que o valor numérico de qualquer característica biométrica de qualquer exemplar (planta) aleatoriamente selecionado de uma população é determinado de acordo com o modelo (1).

$$\text{Modelo (1): } X_{ijk} = M + C_i + G_{j(i)} + V_{k(i,j)}$$

onde:

- $X_{ijk}$  = valor numérico de qualquer característica biométrica de qualquer exemplar (planta) aleatoriamente selecionado;
- $M$  = média geral da população;
- $C_i$  = efeito da cultivar  $i$ ,  $i = 1, \dots, a$ ;  $a = 2$ ;
- $G_{j(i)}$  = efeito do genótipo  $j$  dentro da cultivar  $i$ ,  $j = 1, 2, \dots, b$ ;  $b = 90$ ;
- $V_{k(i,j)}$  = efeito da vagem  $k$  dentro do genótipo  $j$ , dentro da cultivar  $i$  (resíduo),  $k = 1, 1 \dots c$ ;  $c = 4$ .

Esse modelo foi aplicado na análise estatístico-genética dos dados das seleções originais, isto é,  $S_0$ .

A fim de testar a significância dos componentes do modelo, o efeito de cultivares foi considerado fixo, já que foram deliberadamente escolhidas, enquanto que os efeitos de genótipo dentro de cultivar e vagem dentro de genótipo dentro de cultivar foram considerados aleatórios. Muito embora as determinações biométricas tenham sido realizadas em todas as plantas de  $S_0$ , para a análise de variância foram consideradas apenas aquelas portadoras de, no mínimo, quatro vagens em cada cultivar. Desse modo, o número inicial foi reduzido para 90 plantas (genótipo/cultivar).

A forma da análise de variância para as seis características em estudo na geração original, bem como a esperança dos quadrados médios referentes às diferentes causas de variação, são mostradas na Tabela 1.

Para verificação da hipótese (2), propõe-se o modelo (2), o qual foi utilizado na análise estatístico-genética das progênes ou seja, de  $S_1$ .

$$\text{Modelo (2): } X_{ijkl} = M + C_i + F_{j(i)} + G_{k(i,j)} + V_{l(i,j,k)}$$

onde:

- $X_{ijkl}$  = valor numérico de qualquer característica biométrica de qualquer indivíduo descendente de qualquer dos genótipos de  $S_0$ ;
- $M$  = média geral da população;
- $C_i$  = efeito da cultivar  $i$ ,  $i = 1, \dots, a$ ;  $a = 2$ ;
- $F_{j(i)}$  = efeito da família  $j$  dentro da cultivar  $i$ ,  $j = 1, 2, \dots, b$ ;  $b = 40$ ;
- $G_{k(i,j)}$  = efeito do indivíduo  $k$ , dentro da família  $j$ , dentro da cultivar  $i$ ,  $k = 1, 2, \dots, c$ ;  $c = 10$ ;
- $V_{l(i,j,k)}$  = efeito da vagem  $l$ , dentro do indivíduo  $k$ , dentro da família  $j$ , dentro da cultivar  $i$  (resíduo),  $l = 1, 2, \dots, d$ ;  $d = 5$ .

A análise de variância dos dados de  $S_1$ , conforme a Tabela 2, foi realizada tomando-se 40 famílias, constituídas de, no mínimo, dez plantas com cinco vagens.

Para testar a significância dos vários componentes do

TABELA 1. Esquema da análise de variância e esperança dos quadrados médios para seis características de caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., na geração original ( $S_0$ ).

Causa de variação	GL	QM	E(QM)	F
$C_i$	$a - 1$	$M_1$	$\sigma^2 + c \sigma_B^2 + bc \sigma_A^2$	$M_1/M_2$
$G_{j(i)}$	$(b - 1)a$	$M_2$	$\sigma^2 + c \sigma_B^2$	$M_2/M_3$
$V_{k(i,j)}$	$(c - 1)ab$	$M_3$	$\sigma^2$	
Total	$abc - 1$	-	-	

TABELA 2. Esquema da análise de variância e esperança dos quadrados médios para seis características de caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., observadas nas progênes das seleções originais (S<sub>1</sub>).

Causa de variação	GL	QM	E(QM)	F
C <sub>1</sub>	a - 1	M <sub>1</sub>	$\sigma^2 + d\sigma_C^2 + cd\sigma_B^2 + bcd$	$\sigma_A^2 M_1/M_2$
F <sub>j(i)</sub>	(b - 1)a	M <sub>2</sub>	$\sigma^2 + d\sigma_C^2 + cd\sigma_B^2$	M <sub>2</sub> /M <sub>3</sub>
G <sub>k(i,j)</sub>	(c - 1)ab	M <sub>3</sub>	$\sigma^2 + d\sigma_C^2$	M <sub>3</sub> /M <sub>4</sub>
V <sub>l(i,j,k)</sub>	(d - 1)abc	M <sub>4</sub>	$\sigma^2$	
Total	abcd - 1			

modelo em questão, o efeito de cultivar foi considerado fixo pelas razões já expostas, os efeitos de família dentro de cultivar, genótipo dentro de família dentro de cultivar, e vagem dentro de genótipo dentro de família e dentro de cultivar foram considerados aleatórios.

Estimativa dos parâmetros genéticos

Coefficiente de herdabilidade

O cálculo para o coeficiente de herdabilidade foi efetuado de duas formas distintas:

1. com base no coeficiente de regressão da progênie sobre os progenitores, como sugeriram Robinson et al. (1949) e Mahmud & Kramer (1951). Neste caso, a herdabilidade no sentido restrito é estimada através da fórmula:

$$H = \frac{\bar{X}b_{yx}}{\bar{Y}} \times 100$$

onde  $\bar{X}$  é a média da população original,  $\bar{Y}$  é a média da progênie, e  $b_{yx}$  é o coeficiente de regressão;

2. utilizando-se os componentes de variação, de acordo com Johnson et al. (1955), Hanson et al. (1956), Singh & Mehndiratta (1969), Allard (1971) e outros, a herdabilidade no sentido amplo foi calculada em função da variabilidade genotípica e variabilidade fenotípica total, pela fórmula seguinte:

$$H = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_F^2} \times 100$$

Componentes da variação

Os componentes da variação genotípica ( $\sigma_g^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_F^2$ ) foram estimados, como já referido, a partir das esperanças dos quadrados médios. A Tabela 2 permitiu estimar as variâncias fenotípica e genotípica, em três níveis da população, a saber:

1. variação ao nível de cultivar:

a. genotípica:  $\sigma_g^2 = \frac{M_1 - M_2}{bcd}$ ;

b. fenotípica:  $\sigma_F^2 = \frac{\sigma^2}{bcd} + \frac{\sigma_C^2}{bc} + \frac{\sigma_B^2}{b} + \sigma_A^2$ ;

onde M<sub>1</sub> e M<sub>2</sub> representam os quadrados médios para cultivar e para família dentro de cultivar, respectivamente, enquanto b, c e d são os números de família dentro de cultivar, genótipo dentro de família e vagem dentro de genótipo, respectivamente;

2. variação ao nível de família dentro de cultivar;

a. genotípica:  $\sigma_g^2 = \frac{M_2 - M_3}{cd}$ ;

b. fenotípica:  $\sigma_F^2 = \frac{\sigma^2}{cd} + \frac{\sigma_C^2}{c} + \sigma_B^2$ ;

onde M<sub>2</sub> e M<sub>3</sub> representam os quadrados médios para famílias dentro de cultivar e genótipo dentro de família, respectivamente, enquanto que c e d são os números de genótipo dentro de família e vagem dentro de genótipo, respectivamente.

3. variação ao nível de genótipo dentro de família;

a. genotípica:  $\sigma_g^2 = \frac{M_3 - M_4}{d}$ ;

b. fenotípica:  $\sigma_F^2 = \frac{\sigma^2}{d} + \sigma_C^2$ ;

onde M<sub>3</sub> e M<sub>4</sub> representam os quadrados médios para genótipo dentro de família e vagem dentro de genótipo, enquanto d é o número de vagem dentro de genótipo.

Avanço genético através da seleção

O avanço genético foi determinado considerando-se a possibilidade de seleção nos diferentes níveis da população.

O ganho real obtido entre a geração original (S<sub>0</sub>) e a primeira geração de seleção (S<sub>1</sub>) foi determinado de acordo com Vencovsky (1973), pela diferença entre a média do caráter na população melhorada e a média do caráter na população original, ou seja:

$$\Delta G = \bar{X}_{S_1} - \bar{X}_{S_0}$$

Este valor foi também expresso em percentagem da média do caráter na população original:

$$\Delta G \% \bar{X}_0 = \Delta G / \bar{X}_{S_0} \times 100.$$

O ganho genético esperado entre a primeira e segunda geração de seleção (S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>) foi estimado em função do diferencial de seleção k, expresso em unidades de desvio-padrão fenotípico das médias,  $\sigma_F$ , das n linhagens de S<sub>1</sub> e do coeficiente de herdabilidade H, determinado pelo quo-

ciente entre as variâncias genotípica e fenotípica. A fórmula foi sugerida por Johnson et al. (1955) e empregada por Singh & Mehndiratta (1969) e Allard (1971), podendo ser expressa da forma como segue:

$$G_s = K \sigma_F (\sigma_G^2 / \sigma_F^2)$$

Este valor foi expresso em percentagem da média da população nas duas gerações, pela fórmula:

$$G_s \% \bar{X} = \frac{G_s}{\bar{X}} \times 100.$$

Com a finalidade de determinar até que geração é teoricamente esperado ganho genético através da seleção, nos três possíveis níveis de atuação, utilizou-se o método sugerido por Jenkins (1940) citado por Mahmud & Kramer (1951), baseado nos quadrados médios dos componentes genético e ambiental. No caso presente, considerou-se a análise da variância segundo o modelo (2).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Análise da estrutura genética das cultivares

#### Análise da variância para a estrutura das cultivares no material original básico ( $S_0$ ): Hipótese (1)

A análise de variância dos caracteres observados na geração original foi realizada de acordo com o modelo matemático (1).

Os resultados para as seis características estudadas são mostradas na Tabela 3. Observa-se que cultivar e genótipo dentro de cultivares apresentam diferenças altamente significativas para todos os caracteres, exceto no que concerne ao número de sementes por vagem, cujo valor de "F" foi não sig-

nificativo para cultivar. De um modo geral, tanto as cultivares como os genótipos comportaram-se diferentemente em relação aos seis caracteres estudados. Os resultados sugerem, portanto, a aceitação da hipótese de trabalho (1), segundo a qual, as cultivares são constituídas de genótipos fenotipicamente distintos. No que respeita a cultivares, a significância, obviamente, era esperada.

A precisão experimental é razoavelmente indicada pelos coeficientes de variação. O peso de sementes por vagem apresentou o maior coeficiente de variação (23,5%). A seguir, vem o peso total, peso de 100 sementes, comprimento da vagem, índice de sementes e número de sementes por vagem, este com o menor coeficiente de variação (2,45%). Em todos os casos, portanto, a precisão experimental foi aceitável.

#### Análise de variância para a estrutura das cultivares na geração $S_1$ (progênes derivadas de $S_0$ ): Hipótese (2)

A análise de variância para os seis caracteres determinados nas progênes do material básico ( $S_1$ ) foram realizadas de acordo com o modelo matemático (2). Os resultados estão na Tabela 4. A análise de variância para as seis características mostrou resultados altamente significativos para cultivar, família dentro de cultivar e genótipo dentro de família. Isto sugere também a aceitação da hipótese de trabalho (2), segundo a qual, os genótipos não estão em completa homozigose, permitindo em suas progênes, a identificação de indivíduos genotípica e fenotipicamente distintos.

TABELA 3. Análise de variância e coeficientes de variação para seis características em caupi *Vigna unguiculata* (L.) Walp, na geração original, básica ( $S_0$ ).

Causas de variação	GL	Variâncias					
		Peso de sem./vag. (g)	Número de sem./vag.	Comprimento de vagem (cm)	Peso total (g)	Índice de sementes	Peso de 100 sementes (g)
Cultivar	1	49,859**	0,002 <sup>ns</sup>	537,680**	152,826**	0,236**	2.583,412**
Genótipo/cultivar	178	1,015**	0,236**	10,005**	1,495**	0,007**	22,496**
Vagem/genótipo/cultivar (Res/duo)	540	0,436	0,128	3,481	0,587	0,003	8,494
Coefficientes de variação (%)	-	23,50	2,45	8,22	19,95	7,50	15,31

\*\* - Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

O menor coeficiente de variação foi apresentado pelo número de sementes por vagem (0,81%). O peso total e o peso de sementes/vagem apresentaram os maiores coeficientes de variação, ambos em torno de 12%. Vale ressaltar que, nas duas gerações, o comprimento da vagem e o índice de sementes apresentaram baixos coeficientes de variação.

As médias obtidas para as seis características nas duas gerações são apresentadas na Tabela 5. As duas cultivares mostraram considerável progresso de uma geração para outra, em relação a todos os caracteres. A cultivar Pitiúba apresentou os menores valores médios para peso de sementes por vagem, comprimento da vagem, peso total e peso de 100 sementes. No entanto, os maiores valores observados para número de sementes por vagem e para o índice de sementes são para esta cultivar.

**Interpretação genética dos resultados estatísticos e suas implicações nos procedimentos para o melhoramento genético.**

A análise de variância apresentada na Tabela 3 mostra valores altamente significativos para todos os caracteres estudados, tanto ao nível de cultivar quanto ao nível de genótipo dentro de cultivar. A única exceção diz respeito ao número de sementes por vagem ao nível de cultivar. Do ponto de vista genético; isto pode significar que as cultivares de caupi estão estruturadas segundo o modelo (1) preconizado pela hipótese (1), isto é, que uma cultivar é constituída de genótipos ou grupos de genótipos distintos em suas características fenotípicas mensuráveis.

Na Tabela 4, são apresentadas as análises de variância para os caracteres em estudo, determinados nas progênies do material básico. O delineamento

TABELA 4. Análise de variância e coeficientes de variação para seis características em caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., determinados nas progênies do material básico ( $S_1$ ).

Causas de variação	GL	Variâncias					
		Peso de sem./vag. (g)	Número de sem./vag.	Comprimento de vagem (cm)	Peso total (g)	Índice de sementes	Peso de 100 sementes (g)
Cultivar	1	174,091**	52,750**	2.131,308**	759,115**	3,032**	23.429,487**
Famílias/cultivar	78	2,275**	0,403**	29,114**	3,998**	0,005**	35,104**
Genótipo/família/cultivar	720	0,464**	0,070**	8,628**	0,801**	0,0014**	9,959**
Vagem/genótipo/família/cultivar (res(duo))	3.200	0,180	0,018	2,908	0,339	0,0008	4,858
Coeficiente de variação (%)	-	11,72	0,81	6,99	12,36	3,67	10,170

\*\* - Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 5. Comportamento médio da população original ( $S_0$ ) e primeira geração ( $S_1$ ) para seis características em caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp.

Cultivares	Gerações	Peso de sem./vag. (g)	Número de sem./vag.	Comprimento de vagem (cm)	Peso total (g)	Índice de sementes	Peso de 100 sementes
Seridó	$S_0$	2,73	13,20	22,42	3,90	0,70	20,57
	$S_1$	3,83	15,90	25,19	5,14	0,74	24,06
Pitiúba	$S_0$	2,36	13,78	21,20	3,16	0,74	17,03
	$S_1$	3,41	17,29	23,68	4,27	0,80	19,22

genético (modelo 2) permitiu um maior grau de detalhamento estrutural da cultivar. Para todos os caracteres foram obtidos resultados altamente significativos aos níveis de cultivar, de família dentro de cultivar, e de genótipo dentro de família dentro de cultivar. Do ponto de vista genético, isto significa que as cultivares são constituídas de famílias que, por sua vez, são constituídas de genótipos distintos.

Essa concepção estrutural da cultivar pode ter implicações de importância nos procedimentos relacionados com o melhoramento genético da cultura. De fato, a análise segundo o modelo (1) na Tabela 3 sugere que a população, como um todo, pode ser geneticamente melhorada, atuando-se seletivamente ao nível de cultivar. Experimentos de competição de variedades indicariam as cultivares a serem mantidas e/ou eliminadas. Entretanto, o modelo deixa claro, também, que esse tipo de seleção ao nível de cultivar não tem capacidade de alterar, em qualquer sentido, o potencial genético das cultivares, isto é, as cultivares eleitas para recompor a população permanecem geneticamente inalteradas em todas as suas virtudes e defeitos, inclusive no que diz respeito à capacidade de produzir mais ou menos. Para alterar geneticamente a cultivar, é necessário, segundo o modelo em discussão, proceder à seleção ao nível de genótipo dentro de cultivar. Os valores altamente significativos observados para todos os caracteres a nível de genótipo/cultivar indicam amplas possibilidades de aprimoramento das cultivares através da seleção. É interessante observar, na Tabela 3, que a população ao nível de cultivar não pode ser melhorada através da seleção para o número de sementes por vagem, pois nas cultivares estudadas não existe variabilidade genética para este caráter (variância = 0,002<sup>ns</sup>). Entretanto, o melhoramento pode ser efetuado através da seleção ao nível de genótipo dentro de cultivar. Desse modo, em dois estádios, pode-se chegar ao melhoramento da população.

Do ponto de vista agrônomo, o interesse reside no melhoramento de cultivares tradicionais e/ou no desenvolvimento de outras novas, a partir de diversas matérias-primas. A Tabela 4 sugere dois procedimentos alternativos para o melhoramento de cultivares. O primeiro é através da seleção ao

nível de família dentro de cultivar, e o segundo, através de seleção ao nível mais íntimo de genótipo dentro de família dentro de cultivar. Ambos oferecem consideráveis possibilidades de progresso genético. A decisão sobre o nível de atuação mais adequado depende dos parâmetros genéticos resultantes e dos ganhos genéticos conseqüentemente estimados, para cada caso.

As Tabelas 6, 7 e 8 apresentam parâmetros genéticos de importância para o melhoramento: a herdabilidade (H), o ganho genético absoluto (Gs), o ganho genético expresso como percentagem da média das progêneses (Gs %  $\bar{X}_{S_1}$ ), o ganho genético expresso em percentagem da média da população original (Gs %  $\bar{X}_{S_0}$ ), e o ganho real observado entre  $S_0$  e  $S_1$ , isto é, entre progenitor e progênie, e expresso em termos absolutos ( $\Delta G$ ) e em termos de percentagem da média do material original básico ( $\Delta G$  %  $\bar{X}_{S_0}$ ).

A Tabela 6 apresenta resultados da seleção ao nível de cultivar. Notem-se os valores da herdabilidade, muito próximos de 100% (herdabilidade perfeita), para todos os caracteres estudados. Este seria, obviamente, o resultado esperado quando se pratica a seleção entre cultivares: uma cultivar selecionada reproduz com muita fidelidade, nas gerações consecutivas, as características do material básico, na ausência de seleção dentro da mesma.

No que diz respeito ao ganho genético esperado para a geração  $S_2$ , observam-se valores que vão desde 1,99% com relação à média de  $S_1$ , e 2,45% com relação à média de  $S_0$  - para o número de sementes por vagem - até 32,49% com relação à média de  $S_1$  e 37,17% para a média de  $S_0$  - para o peso de 100 sementes. Isto indica que a população pode ser geneticamente melhorada através da seleção. Entretanto, como já foi mencionado, este procedimento é de pouco interesse agrônomo, pois, se a população é beneficiada com a exclusão de algumas cultivares indesejáveis, as que são mantidas continuam imutáveis nas suas potencialidades genéticas. Assim sendo, conclui-se pela pouca importância relativa, para o melhoramento genético propriamente dito, das competições de cultivares, cujos objetivos ficam limitados a indicações de matérias-primas para o melhoramento.

Para a seleção ao nível de família dentro de

TABELA 6. Estimativa de parâmetros genéticos, ganho estimado para  $S_2$  e ganho real observado entre  $S_0$  e  $S_1$ , referente a seis características em caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., para seleção ao nível de cultivar.

Características	$\bar{X}_{S_0}$	$\bar{X}_{S_1}$	$\sigma_F^2$	$\sigma_g^2$	Herdabilidade (%)		Ganho estimado entre $S_1$ e $S_2$		Ganho observado entre $S_0$ e $S_1$	
					H	Gs	Gs(% $\bar{X}_{S_1}$ )	Gs(% $\bar{X}_{S_0}$ )	$\Delta G$	$\Delta G$ % $\bar{X}_{S_0}$
Peso de sem./vag.	2,56	3,62	0,087	0,086	98,85	0,60	16,57	23,44	1,06	41,41
Número de sem./vag.	13,47	16,60	0,026	0,026	100,00	0,33	1,99	2,45	3,13	23,24
Comprimento da vagem	21,86	24,41	1,066	1,051	98,59	2,10	8,60	9,61	2,55	11,67
Peso total	0,55	4,71	0,380	0,378	99,47	1,27	26,96	35,77	1,16	32,68
Índice de sementes	0,72	0,77	0,002	0,002	100,00	0,09	11,69	12,50	0,05	6,94
Peso de 100 sementes	18,94	21,67	11,715	11,697	99,85	7,04	32,49	37,17	2,73	14,41

$\bar{X}_{S_0}$  = média da população original;

$\bar{X}_{S_1}$  = média da população melhorada;

$\sigma_F^2$  = variância fenotípica total;

$\sigma_g^2$  = variância genotípica.

TABELA 7. Estimativa de parâmetros genéticos, ganho estimado para  $S_2$  e ganho observado entre  $S_0$  e  $S_1$ , referente a seis características em caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., para seleção ao nível de família dentro de cultivar.

Características	$\bar{X}_{S_0}$	$\bar{X}_{S_1}$	$\sigma_F^2$	$\sigma_g^2$	Herdabilidade (%)		Ganho estimado entre $S_1$ e $S_2$		Ganho observado entre $S_0$ e $S_1$	
					H	Gs	Gs(% $\bar{X}_{S_1}$ )	Gs(% $\bar{X}_{S_0}$ )	$\Delta G$	$\Delta G$ % $\bar{X}_{S_0}$
Peso de sem./vag.	2,56	3,62	0,051	0,036	70,59	0,33	9,12	12,89	1,06	41,41
Número de sem./vag.	13,47	16,60	0,009	0,007	77,78	0,15	0,90	1,11	3,13	23,24
Comprimento da vagem	21,86	24,41	0,697	0,410	58,82	1,01	4,14	4,62	2,55	11,67
Peso total	3,55	4,71	0,081	0,056	69,14	0,41	8,70	11,55	1,16	32,68
Índice de sementes	0,72	0,77	0,00014	0,0001	71,43	0,02	2,60	2,78	0,05	6,94
Peso de 100 sementes	18,94	21,67	0,804	0,503	62,56	1,16	5,35	6,12	2,73	14,41

$\bar{X}_{S_0}$  = média da população original;

$\bar{X}_{S_1}$  = média da população melhorada;

$\sigma_F^2$  = variância fenotípica total;

$\sigma_g^2$  = variância genotípica.

cultivar, os resultados são apresentados na Tabela 7. Note-se que a herdabilidade apresenta valores bem mais modestos se comparados com os verificados para a seleção ao nível de cultivar. Conseqüentemente, os ganhos genéticos esperados são também menores, embora suficientes para garantir progresso no melhoramento. Isto aliás, é sugerido

pelos valores altamente significativos obtidos para família dentro de cultivar, na Tabela 4. Ressalte-se que a seleção ao nível de família dentro de cultivar tem por conseqüência direta a alteração do potencial genético da cultivar.

Outra opção para melhorar geneticamente a cultivar é a seleção ao nível de genótipo dentro de

família dentro de cultivar. Os resultados relativos a este procedimento alternativo estão na Tabela 8. Com exceção do ganho referente ao índice de semente, este procedimento proporciona ganhos genéticos superiores à seleção ao nível de família. Este fato é consequência, sobretudo, de a variabilidade fenotípica entre genótipo dentro de família ser maior do que entre família dentro de cultivar, muito embora esta afirmação seja verdadeira, também, em relação a variabilidade genotípica.

Os resultados acima discutidos são ilustrados pelas Fig. 1 e 2.

Com relação ao ganho real observado, nota-se que, à exceção do índice de sementes para o caso de seleção de cultivar, em todos os caracteres, este valor é maior do que o ganho estimado para  $S_2$ . Tal resultado é o esperado e se justifica pela redução da variabilidade genética a cada geração de seleção. Ao se exaurir a variabilidade genética, não mais é possível progresso genético através da seleção.

As Tabelas 9, 10 e 11 apresentam os quadros médios observados para  $S_1$  e os estimados para sucessivas gerações de seleção ao nível de cultivar, ao nível de família dentro de cultivar e ao nível de genótipo dentro de família, respectivamente.

Enquanto houver significância estatística para o quadrado médio estimado, é possível obter progresso genético através da seleção.

Na Tabela 9, os resultados se referem à seleção ao nível de cultivar. Observe-se que a variabilidade é significativa até gerações superiores a  $S_{10}$ . Estes resultados corroboram as discussões anteriores, relacionadas com a seleção ao nível de cultivares, que apresentam pouca utilidade ao melhoramento genético, uma vez que o processo é praticamente interminável.

A Tabela 10 mostra ser possível selecionar, com sucesso, ao nível de família dentro de cultivar até  $S_9$  para número de sementes por vagem; até  $S_8$ , para peso de sementes por vagem, comprimento da vagem, peso total e índice de sementes; e até  $S_7$ , para o peso de 100 sementes.

A Tabela 11 mostra que a seleção realizada, ao nível de genótipo dentro de família dentro de cultivar, permite obter avanço genético até  $S_6$ , para número de sementes por vagem, e até  $S_5$  para todos os demais caracteres.

Comparando-se os resultados das Tabelas 10 e 11 com os das Tabelas 7 e 9, correspondentemente, verifica-se que, quando o ganho genético é mais rápido, menor é o número de gerações em que é

TABELA 8. Estimativa de parâmetros genéticos, ganho estimado para  $S_2$  e ganho observado entre  $S_0$  e  $S_1$ , referentes a seis características em caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., para seleção ao nível de genótipo dentro de família dentro de cultivar.

Características	$\bar{X}_{S_0}$	$\bar{X}_{S_1}$	$\sigma_F^2$	$\sigma_g^2$	Herdabilidade (%)		Ganho estimado entre $S_1$ e $S_2$		Ganho observado entre $S_0$ e $S_1$	
					H	Gs	Gs( $\% \bar{X}_{S_1}$ )	Gs( $\% \bar{X}_{S_0}$ )	$\Delta G$	$\Delta G(\% \bar{X}_{S_0})$
Peso de sem./vag.	2,56	3,62	0,093	0,057	61,29	0,39	10,77	15,23	1,06	41,41
Número de sem./vag.	13,47	16,60	0,014	0,010	71,43	0,17	1,02	1,26	3,13	23,24
Comprimento da vagem	21,86	24,41	1,726	1,144	66,28	1,79	7,33	8,19	2,55	11,67
Peso total	3,55	4,71	0,160	0,092	57,50	0,47	9,98	13,24	1,16	32,68
Índice de sementes	0,72	0,77	0,00026	0,0001	38,46	0,01	1,66	1,39	0,05	6,94
Peso de 100 sementes	18,94	21,67	1,992	1,020	51,20	1,49	6,88	7,87	2,73	14,41

$\bar{X}_{S_0}$  = média da população original;

$\bar{X}_{S_1}$  = média da população melhorada;

$\sigma_F^2$  = variância fenotípica total;

$\sigma_g^2$  = variância genotípica.

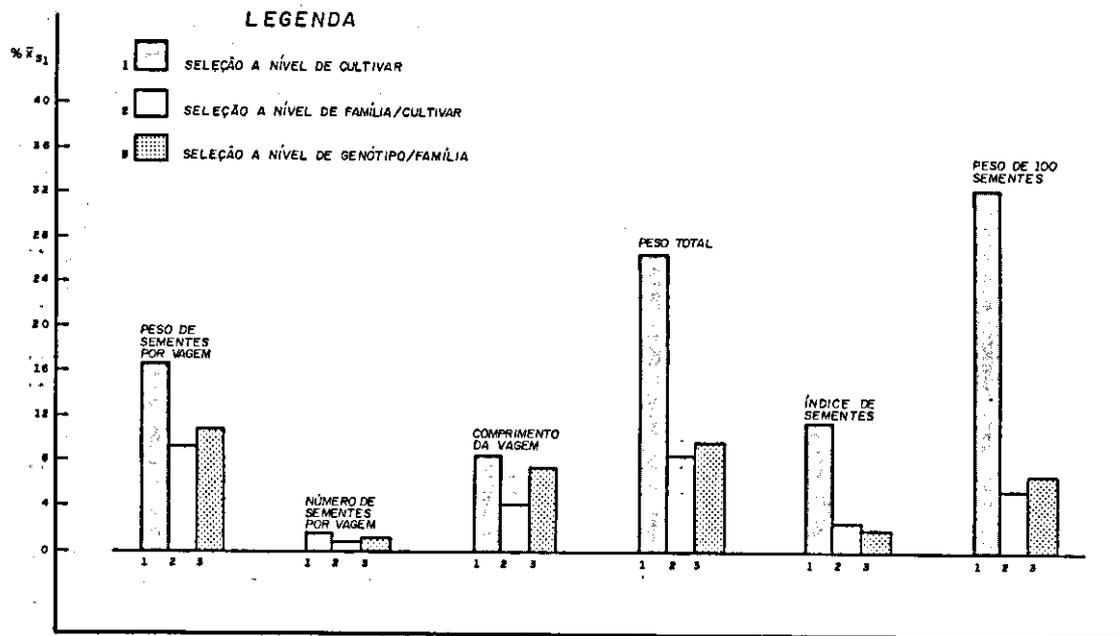


FIG. 1. Representação gráfica do avanço genético esperado entre S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub> para seis características em caupi, *Vigna unguiculata* (L) Walp., procedendo-se à seleção em três níveis da população (Dados nas Tabelas 6, 7 e 8).

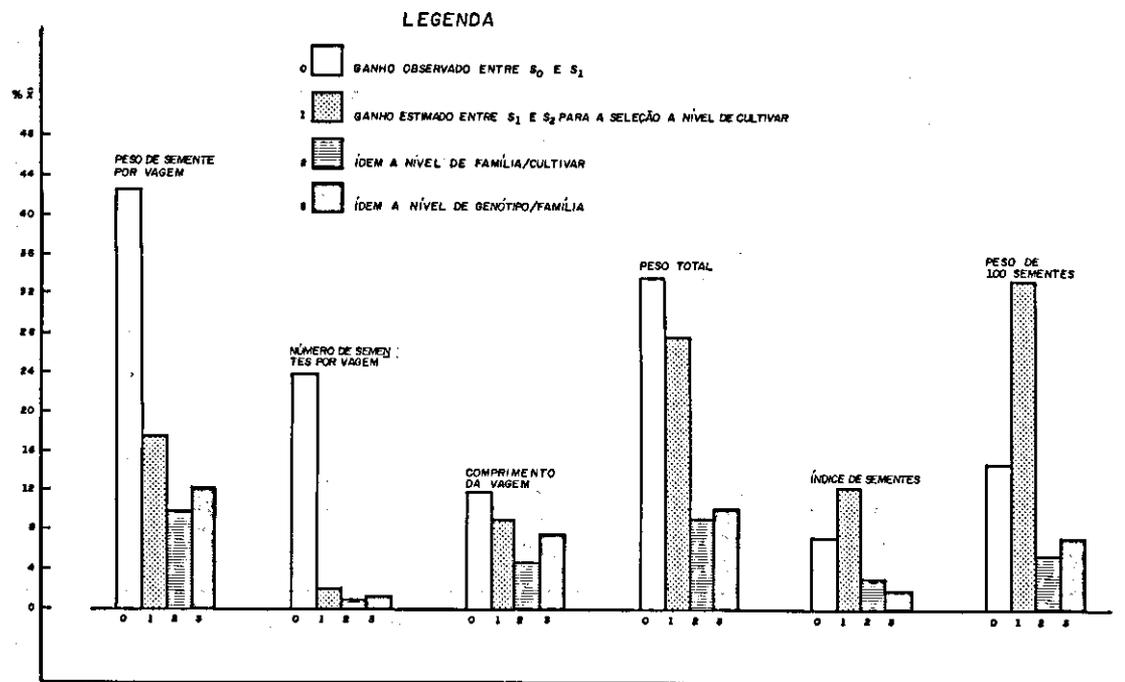


FIG. 2. Representação gráfica do avanço genético observado entre S<sub>0</sub> e S<sub>1</sub> e o esperado entre S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>, para seis características em caupi, *Vigna unguiculata* (L) Walp., procedendo-se à seleção em três níveis da população. (Dados nas Tabelas 6, 7 e 8).

TABELA 9. Quadrados médios observados em  $S_1$  e os estimados para as sucessivas gerações de seleção ao nível de cultivar<sup>1</sup>.

Gerações	QM					
	Peso de sem./vag.	Número sem./vag.	Comp. de vagem	Peso total	Índice de sementes	Peso de 100 sementes
$S_1$	174,091**	52,750**	2.131,308**	759,115**	3,032**	23.429,487**
$S_2$	87,136**	26,384**	1.067,108**	379,727**	1,517**	11.717,173**
$S_3$	43,658**	13,201**	535,008**	190,033**	0,758**	5.861,015**
$S_4$	21,919**	6,610**	268,958**	95,186**	0,379**	2.932,937**
$S_5$	11,049**	3,314**	135,933**	47,763**	0,190**	1.468,897**
$S_6$	5,615**	1,666**	69,421**	24,051**	0,096**	736,878**
$S_7$	2,897**	0,842**	36,164**	12,195**	0,048**	370,868**
$S_8$	1,539**	0,430**	19,536**	6,267**	0,024**	187,863**
$S_9$	0,859**	0,224**	11,222**	3,303**	0,013**	96,360**
$S_{10}$	0,520**	0,121**	7,065**	1,821**	0,007**	50,609**
-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-
-	-	-	-	-	-	-
Variância ambiental	0,180	0,018	2,908	0,339	0,008	4,858

<sup>1</sup> Pela significância dos quadrados médios verifica-se até que geração é possível obter progresso genético.

\*\* Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 10. Quadrados médios observados em  $S_1$  e os estimados para as sucessivas gerações de seleção ao nível de família dentro de cultivar<sup>1</sup>.

Gerações	QM					
	Peso de sem./vag.	Número sem./vag.	Comp. de vagem	Peso total	Índice de sementes	Peso de 100 sementes
$S_1$	2,275**	0,403**	29,114**	3,598**	0,0050**	35,104**
$S_2$	1,228**	0,211**	16,011**	1,969**	0,0029**	19,981**
$S_3$	0,704**	0,115**	9,460**	1,154**	0,0019**	12,420**
$S_4$	0,442**	0,067**	6,184**	0,747**	0,0014**	8,639**
$S_5$	0,311**	0,043**	4,546**	0,543**	0,0011**	6,749**
$S_6$	0,246**	0,031**	3,727**	0,441**	0,0009**	5,804**
$S_7$	0,213**	0,025**	3,318**	0,390**	0,00087**	5,331**
$S_8$	0,197**	0,022**	3,113**	0,365**	0,00084**	5,094 <sup>ns</sup>
$S_9$	0,189 <sup>ns</sup>	0,020**	3,011 <sup>ns</sup>	0,352 <sup>ns</sup>	0,00082 <sup>ns</sup>	-
$S_{10}$	-	0,019 <sup>ns</sup>	-	-	-	-
Variância ambiental	0,180	0,018	2,908	0,339	0,0008	4,858

<sup>1</sup> Pela significância dos quadrados médios verifica-se até que geração é possível obter progresso genético.

\*\* Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

<sup>ns</sup> = não significativo

TABELA 11. Quadrados médios observados para a geração S<sub>1</sub> e os estimados para as sucessivas gerações de seleção ao nível de genótipos dentro de famílias<sup>1</sup>.

Gerações	QM					
	Peso de sem./vag.	Número sem./vag.	Comp. de vagem	Peso total	Índice de sementes	Peso de 100 sementes
S <sub>1</sub>	0,464**	0,070**	8,628**	0,801**	0,0014 **	9,959**
S <sub>2</sub>	0,322**	0,044**	5,768**	0,570**	0,0011 **	7,409**
S <sub>3</sub>	0,251**	0,031**	4,338**	0,454**	0,0010 **	6,134**
S <sub>4</sub>	0,215**	0,024**	3,623**	0,397**	0,0009 **	5,496**
S <sub>5</sub>	0,198**	0,021**	3,266**	0,368**	0,00085**	5,177**
S <sub>6</sub>	0,181 <sup>ns</sup>	0,020**	3,087 <sup>ns</sup>	0,354 <sup>ns</sup>	0,00083 <sup>ns</sup>	5,018 <sup>ns</sup>
S <sub>7</sub>	-	0,018 <sup>ns</sup>	-	-	-	-
Variância ambiental	0,180	0,018	2,908	0,339	0,0008	4,858

<sup>1</sup> Pela significância dos quadrados médios verifica-se até que geração é possível obter progresso genético.

\*\* Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

ns = não significativo.

possível selecionar com sucesso. De fato, a seleção ao nível de família proporciona menor ganho estimado e maior número de gerações de seleção. A seleção ao nível de genótipo dentro de família dentro de cultivar proporciona ganho estimado mais elevado, porém em menor número de gerações de seleção, em virtude do esgotamento mais rápido da variabilidade.

Com relação aos caracteres a selecionar, também se aplica argumentação semelhante. Caracteres mais difíceis de selecionar, que apresentam progresso genético lento, permitem seleção mais prolongada. É o caso, por exemplo, do número de sementes por vagem, que apresenta ganhos estimados reduzidos (Tabelas 7 e 8) e permite seleção até S<sub>9</sub> (Tabela 10) e S<sub>6</sub> (Tabela 11), conforme se seleccione ao nível de família ou ao nível de genótipo dentro de família, respectivamente.

### CONCLUSÕES

1. Há dois níveis possíveis de seleção capazes de alterar o potencial genético das cultivares:

- seleção ao nível de família dentro de cultivar;
- seleção ao nível de genótipo dentro de família.

2. A seleção ao nível de cultivar não tem a capacidade de alterar o *status* genético dos mesmos.

3. O nível de seleção mais aconselhado é o de genótipo dentro de família, dada a possibilidade de se obter progresso genético satisfatório e aumento do potencial genético das cultivares em menor número de gerações de seleção.

4. Pode-se selecionar para um ou mais caracteres com avanços genéticos variáveis, conforme a fração de seleção e o número de caracteres concomitantemente selecionados.

5. Os resultados apresentados justificam a recomendação do seguinte procedimento para o melhoramento genético do caupi:

- seleção de plantas matrizes que apresentem fenótipos desejáveis;
- desenvolvimento de famílias a partir das matrizes individualmente selecionadas;
- seleção dos melhores genótipos dentro das famílias desenvolvidas, e recomposição das famílias pelo "bulk" dos melhores genótipos;
- seleção das melhores famílias recompostas;
- "bulk" das melhores famílias recompostas para representar a cultivar melhorada;
- seleção entre as melhores cultivares melhoradas.

6. O procedimento acima, deduzido a partir da análise estatístico-genética da composição estrutural de apenas duas cultivares deliberadamente escolhidas para estudo, necessita ser testado com respeito a outras cultivares e para comprovação prática da teoria desenvolvida com relação ao melhoramento genético do caupi através da seleção.

#### REFERÊNCIAS

- ALLARD, R.W. Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo, Edgard Blücher, 1971. 381p.
- CHUNG, J.H. & LIANG, G.H.L. Some biometrical studies on nine agronomic traits in grain sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) (Moench). Variance components and heritability estimates. *Can. J. Genet. Cytol.*, Manhattan, 12:288-96, 1970.
- FALCONER, D.S. *Introducción a la genética quantitativa*. 5 ed. México, Continental, 1975. 430p.
- HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. & COMSTOCK, R.E. Biometrical studies of yield in segregating populations of *Korean Lespedeza*. *Agron. J.*, 48:268-72, 1956.
- JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.F. & COMSTOCK, R. E. Estimates of genetic and environmental variability in soybeans. *Agron. J.* 47:314-8, 1955.
- LAL, M.S. & MEHTA, S.K. Genotypic and phenotypic variability in some quantitative characters of soybean. *Plant Breed. Abstr.*, 44(11):682, 1974.
- LIANG, G.H.L. & WALTER, T.L. Heritability estimates and gene effects for agronomic traits in grain sorghum (*Sorghum vulgare* Pers.). *Crop Sci.*, 8:77-81, 1968.
- MAHMUD, I. & KRAMER, H.H. Segregation for yield, height and maturity following a soybean cross. *Agron. J.*, 43(12):605-8, 1951.
- PANIAGUA, C.V. & PINCHINAT, A.M. Criterios de selección para mejorar el rendimiento do grano en frijol (*Phaseolus vulgaris* L.). Turrialba, 26(2): 126-31, 1976.
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. & HARVEY, P. H. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. *Agron. J.*, 41:353-9, 1949.
- SINGH, K.B. & MEHNDIRATTA, P.R. Genetic variability and correlation studies in cowpea. *Indian J. Genet. Plant Breed.*, 29(1):104-9, 1969.
- VEERASWAMY, R. PALANISWAMY, G. A. & RATHNASWAMY, R. Genetic variability in some quantitative characters of *Vigna sinensis* L. Savi. *Madras. Agric. J.*, 60(9/12):1359-60, 1973.
- VENCOVSKY, R. *Princípios de genética quantitativa*. Piracicaba, 1973. 97p. Mimeografado.
- WARNER, J.N. A method for estimating heritability. *Agron. J.*, 44:427-30, 1952.