



IV CONAC

CONGRESSO NACIONAL DE
FEIJÃO-CAUPI

FEIJÃO-CAUPI:

AVANÇOS E DESAFIOS TECNOLÓGICOS E DE MERCADOS

RESUMOS



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Meio-Norte
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

RESUMOS

IV Congresso Nacional de Feijão-caupi

Feijão-caupi: avanços e desafios tecnológicos e de mercados

Sorriso - MT, 7 a 10 de junho de 2016

Seleção de genótipos de feijão-caupi pelo ordenamento genotípico via metodologia REML/BLUP

Selection of cowpea genotypes by genotypic ranking via REML/BLUP methodology

Luiara Paiva Gomes⁽¹⁾, Hermeson Nunes de Azevedo⁽¹⁾, Márcia Silva de Mendonça⁽¹⁾, Vanderley Borges dos Santos⁽¹⁾, Suely Ribeiro Lima⁽¹⁾, Francisca Silvana Silva do Nascimento⁽¹⁾ e José Tadeu de Souza Marinho⁽²⁾

⁽¹⁾ Universidade Federal do Acre - UFAC, BR-364, S/N, Distrito Industrial, CEP 69920-900 Rio Branco, AC. E-mail: gomesluiara@gmail.com, borges.v@gmail.com, hermes_30stmars@hotmail.com, marcia.mendonca2@gmail.com, suelyribeiro21@gmail.com, sylvana.fs@hotmail.com

⁽²⁾ Embrapa Acre, Rodovia BR-364, Km 14, Caixa Postal 321, CEP 69900-970 Rio Branco, AC. E-mail: tadeu.marinho@embrapa.br

A eficiência na seleção está diretamente ligada ao ganho genético obtido nos programas de melhoramento. Este trabalho objetivou ordenar e classificar genótipos de feijão-caupi, com base em caracteres do grão, via metodologia REML/BLUP, com enfoque nos modelos mistos. Foram avaliados 20 genótipos (15 linhagens e cinco cultivares) de feijão-caupi. O experimento foi instalado e conduzido no campo experimental da UFAC em Rio Branco, AC. Adotou-se o delineamento experimental em blocos casualizados, com 20 tratamentos e quatro repetições. Cada parcela foi constituída de quatro fileiras de 5,0 m de comprimento, espaçadas de 0,80 m entre si e de 0,25 m entre plantas, com 20 sementes por metro linear, tendo as duas fileiras centrais como área útil. Avaliou-se o índice de grãos (IG) e o peso de cem grãos (P100G). Os valores genotípicos foram estimados pelo Modelo 21 do programa Selegen, via procedimento REML/BLUP, em decorrência das propriedades estatísticas ótimas dos estimadores de máxima verossimilhança residual. Dos 20 genótipos avaliados, cinco foram classificados como ótimos. Para o IG, o ordenamento genotípico compreendeu as linhagens MNC04-769F-48, MNC04-795F-168, MNC04-792F-148, MNC04-792F-143 e a cultivar BRS Novaera. Para o P100G, o ordenamento genotípico contemplou as linhagens MNC04-769F-48, MNC04-792F-148, MNC04-792F-159, MNC04-762F-3 e a cultivar BRS Itaim. Observou-se que a linhagem MNC04-769F-48 manteve-se em primeiro lugar tanto para IG como para P100G. Os valores genotípicos preditos por REML/BLUP foram eficientes na classificação dos genótipos superiores.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, modelos mistos, estratégias de melhoramento.

Agradecimentos: Capes, CNPq, Embrapa Acre e UFAC.