



# Variabilidade genética e correlações entre caracteres de feijão-caupi

## *Genetic variability and correlations between characters in cowpea*

Agenor Martinho Correa<sup>1</sup>, Douglas Candido Braga<sup>2</sup>, Gessi Ceccon<sup>3</sup>, Lucas Vinicius Andrade de Oliveira<sup>2</sup>, Allan Robson de Souza Lima<sup>2</sup>, Paulo Eduardo Teodoro<sup>4\*</sup>

**Resumo:** Objetivou-se com este trabalho estimar a variabilidade genética em uma população de feijão-caupi com base em caracteres de interesse agrônomo e definir caracteres a serem utilizados na seleção de genótipos superiores. O experimento foi conduzido na Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, em Aquidauana, no período da “seca” do ano de 2009. Os tratamentos consistiram de 20 genótipos de feijão-caupi, sendo 11 cultivares (Canapuzinho, Canapuzinho-2, Inhuma, Pingo-de-ouro-1-2, Pingo-de-ouro-2, Paulistinha, Patativa, BRS-Paraguassu, BRS-Milênio, BR17-Gurguéia e BRS-Marataoã) e 9 linhagens (MNC99-510F-16-1, MNC99-510F-16-3, MNC99-537F-14-2, MNC01-611F-11, MNC01-614F-15, MNC01-631F-11, MNC01-631F-15, MNC01-631F-20-5, MNC01-649E-2). O delineamento experimental adotado foi o de blocos inteiramente casualizados, com 4 repetições. Foram avaliados os caracteres: início de florescimento, início de maturação, massa de 100 grãos, comprimento de vagem verde, massa de vagem verde, número de grãos por vagem e produtividade de grãos secos. Para verificar a existência de variabilidade entre os genótipos, os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F. Posteriormente, foram determinados os seguintes parâmetros genéticos: variância ambiental, fenotípica e genotípica; coeficiente de variação experimental e genotípico; coeficiente de determinação genotípico; quociente b; correlações ambientais, fenotípicas e genotípicas. A população apresenta variabilidade genética e potencial para o melhoramento genético. Com base nos parâmetros avaliados, os programas de melhoramento genético em feijão-caupi podem realizar a seleção de genótipos baseados nos caracteres: dias para maturação, massa verde de vagens, número de grãos por vagem e produtividade de grãos.

**Palavras-chave:** Genótipos. Parâmetros genéticos. *Vigna unguiculata*.

**Abstract:** The study aimed to estimate the genetic variability in a population of cowpea based on agronomically important traits and see which characters can be used for selection of superior genotypes. The experiment was conducted at the Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, in Aquidauana, during “dry” years of 2009. The treatments consisted of 20 genotypes of cowpea, 11 cultivars (Canapuzinho, Canapuzinho-2, Inhuma, Pingo-of-gold-1-2, Pingo-of-gold-2, Paulistinha, Patativa, Paraguassu-BRS, BRS-Millennium, BR17-Gurguéia and BRS-Marataoã) and 9 strains (MNC99-510F-16-1, MNC99-510F-16-3, MNC99-537F-14-2, MNC01-611F-11, MNC01-614F-15, MNC01-631F-11, MNC01-631F-15, MNC01-631F-20-5, MNC01-649E-2). The experimental design was a completely randomized block design with four replications. It was evaluated the characters: early flowering, early maturation, mass of 100 grains, green pod length, green pod mass, number of grains per pod and dry yield grains. To verify the existence of variability between genotypes, data were subjected to analysis of variance by F-test. Subsequently, it was determined following genetic parameters: environmental variance, phenotypic and genotypic; experimental and genotypic coefficient of variation; genotypic coefficient of determination; quotient b; environmental, phenotypic and genetic correlations. The population presents genetic variability and potential for genetic improvement. Based on the evaluated parameters, the breeding programs in cowpea can perform the selection of genotypes based on the characters: days to maturity, green mass of pods, number of seeds per pod and grain yield.

**Key words:** Genetic parameters. Genotypes. *Vigna unguiculata*.

\*Autor para correspondência

Enviado para publicação em 06/08/2014 e aprovado em 12/12/2014.

<sup>1</sup>Professor Adjunto do Curso de Agronomia e do Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Unidade Universitária de Aquidauana, Aquidauana, MS, agenor@uem.br

<sup>2</sup>Engenheiro Agrônomo pela Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Unidade Universitária de Aquidauana, Aquidauana, MS, braga.agr@hotmail.com, lucasvinicius@agronomo.eng.br, allanrobson\_2007@hotmail.com

<sup>3</sup>Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA Agropecuária Oeste; Professor do Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Unidade Universitária de Aquidauana, Aquidauana, MS, gessi.ceccon@embrapa.br

<sup>4</sup>Discente do Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Unidade Universitária de Aquidauana, Aquidauana, MS, eduteodoro@hotmail.com

## INTRODUÇÃO

O feijão caupi-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma das fontes alimentares mais importantes e estratégicas para as regiões tropicais e subtropicais do planeta. Atualmente, representa cerca de 15% da produção de feijão no Brasil. É cultivado, sobretudo, nas regiões Norte (55,8 mil hectares) e Nordeste (1,2 milhão de hectare) e se constitui no prato básico das classes de menor poder aquisitivo (TEÓFILO *et al.*, 2008).

Quando se compara o feijão-caupi a outras espécies, verifica-se que seu potencial genético é pouco explorado. Em condições experimentais, já foram alcançadas produtividades de grãos acima de 2.000 kg ha<sup>-1</sup> (TEIXEIRA *et al.*, 2010) e tem-se a expectativa de que esse potencial ultrapasse a 6.000 kg ha<sup>-1</sup> (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

Apesar de pouco melhorada, a espécie possui ampla variabilidade genética para praticamente todos os caracteres de interesse agrônomico. O conhecimento da existência de variabilidade fenotípica em uma população e o quanto dessa variabilidade deve-se a diferenças genéticas é de fundamental importância em programas de melhoramento (CRUZ *et al.*, 2004). Isso permite conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para seleção.

O estudo do controle genético e da herança de caracteres agrônomicos por meio de estimativas de parâmetros genéticos de uma população permite fazer inferências sobre sua variabilidade genética e o que pode se esperar de ganho com seleção. Conhecer as correlações entre caracteres de interesse para a seleção permite ao melhorista conhecer o grau de associação entre caracteres de importância econômica, haja vista que a seleção sobre determinado caráter altera o comportamento do outro. As estimativas obtidas são usadas pelo melhorista para definir as estratégias adequadas para a obtenção de genótipos superiores baseadas nos caracteres mais importantes (CORREA *et al.*, 2003).

Em face dessas considerações, objetivou-se com este trabalho estimar a variabilidade genética e as correlações genéticas em uma população de feijão-caupi com base em caracteres de interesse agrônomico e verificar quais caracteres podem ser utilizados para seleção de genótipos superiores.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no município de Aquidauana, Mato Grosso do Sul, região pertencente à zona de transição entre o Cerrado e o Pantanal, compreendendo as coordenadas geográficas 20° 20'S e 55° 48'W, em uma altitude de 207 metros. O clima da região, segundo a classificação descrita por *Köppen-Geiger* é do tipo Aw (Tropical de Savana). A precipitação média anual está em torno de 1.200 mm e as temperaturas máximas e

mínimas em 33 e 19°C, respectivamente. O solo da área foi classificado por Schiavo *et al.* (2010) como Argissolo Vermelho-Amarelo Distrófico de textura arenosa.

Os tratamentos consistiram de 20 genótipos de feijão-caupi de porte prostrado e semiprostrado, entre variedades comerciais e linhagens avançadas, procedentes do Banco de Germoplasma da Embrapa Meio Norte, Teresina, Piauí, sendo 11 cultivares (Canapuzinho, Canapuzinho-2, Inhuma, Pingo-de-ouro-1-2, Pingo-de-ouro-2, Paulistinha, Patativa, BRS-Paraguassu, BRS-Milênio, BR17-Gurgueia e BRS-Marataoã) e 9 linhagens (MNC99-510F-16-1, MNC99-510F-16-3, MNC99-537F-14-2, MNC01-611F-11, MNC01-614F-15, MNC01-631F-11, MNC01-631F-15, MNC01-631F-20-5, MNC01-649E-2).

O delineamento experimental adotado foi o de blocos inteiramente casualizados, com quatro repetições. As unidades experimentais constaram de quatro linhas de plantas com 5,0 m de comprimento cada uma, espaçadas de 0,80 m entre si, deixando-se, após o desbaste, 8 plantas por metro. Consideraram-se como área útil as 2 linhas centrais de cada parcela, nas quais ocorreram as avaliações.

O preparo do solo constou de uma gradagem pesada e duas gradagens niveladoras após as quais se realizou a abertura mecânica dos sulcos. Na adubação de base aplicou-se 300 kg ha<sup>-1</sup> de adubo químico de fórmula comercial 4-20-20. A semeadura foi realizada no dia 10 de abril de 2009, e a colheita concluída no dia 15 de julho, quando as vagens já se encontravam secas. O manejo da cultura seguiu as recomendações técnicas para a espécie (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

Na área útil de cada parcela, foram avaliados os seguintes caracteres: início do florescimento (FL), início de maturação (MAT), número de grãos por vagens (NGV), comprimento e massa da vagem verde (CVV e MVV, respectivamente), massa de 100 grãos (MCG) e produtividade de grãos (PROD). As avaliações ocorreram conforme metodologia feita por Oliveira *et al.* (2003).

Para verificar a existência de variabilidade entre os genótipos, os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F. Foram determinados os seguintes parâmetros genéticos: variância ambiental, fenotípica e genotípica; coeficiente de variação experimental e genotípico; coeficiente de determinação genotípico; quociente b; correlações ambientais, fenotípicas e genotípicas representados, respectivamente, pelas seguintes equações (CRUZ *et al.*, 2004):

$$\sigma_E^2 = \frac{QM_r}{k} \quad (1)$$

$$\sigma_F^2 = \frac{QM_g}{k} \quad (2)$$

$$\sigma_G^2 = \frac{QM_g - QM_r}{k} \quad (3)$$

$$CV_g = \left( \frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{m} \right) \times 100 \quad (4)$$

$$CV_e = \left( \frac{\sqrt{QM_e}}{m} \right) \times 100 \quad (5)$$

$$R^2 = \frac{\sigma_G}{\sigma_F} \quad (6)$$

$$b = \frac{CV_g}{CV_e} \quad (7)$$

$$r_E = \frac{COV_{E(xy)}}{\sqrt{\sigma_{E_x}^2 \times \sigma_{E_y}^2}} \quad (8)$$

$$r_F = \frac{COV_{F(xy)}}{\sqrt{\sigma_{F_x}^2 \times \sigma_{F_y}^2}} \quad (9)$$

$$r_G = \frac{COV_{G(xy)}}{\sqrt{\sigma_{G_x}^2 \times \sigma_{G_y}^2}} \quad (10)$$

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o aplicativo GENES (CRUZ, 2013) e seguiram os procedimentos preconizados por Cruz *et al.* (2004).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com exceção do caráter FL, para os demais caracteres houve diferença significativa entre os genótipos ( $p < 0,01$ ) da população em estudo (Tabela 1). Considerando que a existência da variabilidade genética em uma população é fator determinante para qualquer programa de melhoramento (CRUZ *et al.*, 2004), o germoplasma em estudo mostra-se, a princípio, promissor para trabalhos de seleção ou hibridações objetivando a melhoria dos caracteres avaliados. Recentemente, outros trabalhos identificaram presença de variabilidade genética entre genótipos de feijão-caupi (SANTOS *et al.*, 2014a; SANTOS *et al.*, 2014b).

Observou-se precisão de média a alta no controle ambiental uma vez que os coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ) foram abaixo de 20% para todos os caracteres, variando de 1,64% para o caráter MAT a 16,58% para o caráter PROD (CRUZ *et al.*, 2004). Resultados semelhantes para os mesmos caracteres foram obtidos por Matos Filho *et al.* (2009) e Correa *et al.* (2012).

**Tabela 1** - Resumo das análises de variância e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres de genótipos de feijão-caupi de porte prostrado e semiprostrado, Aquidauana, Mato Grosso do Sul, 2008

**Table 1** - Summary of analysis of variance and estimates of genetic parameters for characters of cowpea genotypes of prostrate and semi-prostrate postage, Aquidauana, Mato Grosso do Sul, 2008

	FL <sup>1</sup>	MAT	CVV	MVV	NGV	MCG	PROD
<b>Quadrados médios</b>							
GL=19	8,74 <sup>ns</sup>	9,73**	4,37**	31,86**	21,30**	32,58**	943035,23**
Média	49,91	76,47	18,26	19,26	13,55	21,68	797,16
CV <sub>e</sub> (%)	4,74	1,64	7,12	10,96	11,45	13,91	16,58
<b>Parâmetros genéticos</b>							
$\sigma_F^2$	2,18	2,43	1,09	7,96	5,32	8,14	235758,80
$\sigma_G^2$	0,78	2,04	0,67	6,84	4,69	5,86	231391,20
$\sigma_E^2$	1,40	0,39	0,42	1,12	0,63	2,28	4367,60
R <sup>2</sup>	35,93	83,78	61,29	85,98	88,04	72,05	98,14
CV <sub>g</sub> (%)	1,77	1,86	4,48	13,58	15,98	11,17	60,34
B	0,37	1,13	0,62	1,23	1,35	0,80	3,63

<sup>1</sup>FL: início do florescimento; MAT: início da maturação; CVV: comprimento de vagens verdes; MVV: massa de vagens verdes; NGV: número de grãos em cinco vagem; MCG: massa de 100 grãos; PROD: produtividade de grãos secos. <sup>2</sup>GL: graus de liberdade dos tratamentos; CV<sub>e</sub>: coeficiente de variação;  $\sigma_F^2$ : variância fenotípica;  $\sigma_G^2$ : variância genotípica;  $\sigma_E^2$ : variância ambiental; R<sup>2</sup>: coeficiente de determinação genotípico; CV<sub>g</sub>: coeficiente de variação genotípico, b: quociente b; <sup>ns</sup> e <sup>\*\*</sup>: não significativo e significativo a 1% pelo teste F, respectivamente.

<sup>1</sup>FL: early flowering; MAT: early maturation; CVV: green pod length; MVV: green pod mass; NGV: number of grains per pod; MCG: mass of 100 grains; PROD: dry yield grains; <sup>2</sup>GL: degrees of freedom of the treatments; CV<sub>e</sub>: Coefficient of variation;  $\sigma_F^2$ : phenotypic variance;  $\sigma_G^2$ : genotypic variance;  $\sigma_E^2$ : environmental variance; R<sup>2</sup>: coefficient of genotypic determination; CV<sub>g</sub>: genotypic variation coefficient, b: b-quotient; <sup>ns</sup> and <sup>\*\*</sup>: not significant and significant at 1% by F-test, respectively.

Conforme Correa *et al.* (2003), as estimativas do coeficiente de determinação genotípica ( $R^2$ ) foram altas (acima de 75%) para os caracteres MAT, MVV, NGV e PROD. Resultados semelhantes foram obtidos por Lopes *et al.* (2001), Teixeira *et al.* (2007), Ubi *et al.* (2007), Andrade *et al.* (2010), Benvindo *et al.* (2010), Correa *et al.* (2012). Este parâmetro fornece indícios do desempenho esperado de uma dada população na seleção de caracteres, o que permite inferir que a população em estudo é promissora para seleção dos caracteres supracitados.

Diante do baixo valor de  $R^2$ , há maior dificuldade na seleção do FL, principalmente nas gerações com maior percentual de heterozigóticos. A baixa estimativa desse parâmetro para o caráter FL em feijão-caupi também foi obtida por Matos Filho *et al.* (2009), reforçando a hipótese de dificuldades na seleção com base nesse caráter.

Com exceção do caráter FL, percebe-se que para todos os caracteres os valores estimados para a variância genética ( $\sigma^2_G$ ) foram próximos aos obtidos para a variância fenotípica ( $\sigma^2_F$ ) e superiores aos observados para a variância ambiental ( $\sigma^2_E$ ). Isso indica maior influência dos componentes genéticos em relação aos componentes ambientais na expressão dos caracteres. Resultados semelhantes foram obtidos por Lopes *et al.* (2001), Teixeira *et al.* (2007), Ubi

*et al.* (2007), Andrade *et al.* (2010), Benvindo *et al.* (2010), Correa *et al.* (2012).

O coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) variou de 1,77 (FL) a 60,34% (PROD). Os valores obtidos para o caráter PROD foram superiores aos encontrados por Lopes *et al.* (2001), Matos Filhos *et al.* (2009), Andrade *et al.* (2010), Benvindo *et al.* (2010) e Correa *et al.* (2012) (26, 23, 15, 32 e 31%, respectivamente). Assim como o  $R^2$ , esse parâmetro permite fazer inferência sobre a variabilidade genética nos diferentes caracteres. Valores elevados de  $CV_g$  (acima de 25%) são indicativos de que a população é promissora para a seleção do caráter em estudo, devendo-se esperar ganhos significativos de seleção (CORREA *et al.*, 2003).

O quociente b é uma ferramenta auxiliar para o melhorista. De acordo com a interpretação de Cruz *et al.* (2004) para esse parâmetro, quando sua estimativa for  $\geq 1$  indica que o caráter é favorável para seleção. Assim, os programas de melhoramento genético podem realizar a seleção baseada nos caracteres MAT, MVV, NGV e PROD.

Houve correlações fenotípicas ( $r_F$ ) positivas significativas e de alta magnitude entre pares de caracteres NGV x MCG, MCG x MVV, MVV x NGV, FL x MAT e CVV x MVV (Tabela 2). Tais correlações, de certa forma,

**Tabela 2** - Estimativas de correlações fenotípica, genotípicas e ambientais ( $r_F$ ,  $r_G$  e  $r_E$ , respectivamente) entre caracteres para genótipos de feijão-caupi cultivados em Aquidauana, Mato Grosso do Sul, 2008

**Table 2** - Estimates of phenotypic, genotypic and environmental correlations ( $r_F$ ,  $r_G$  e  $r_E$ , respectively) between characters of cowpea genotypes cultivated in Aquidauana, Mato Grosso do Sul, 2008

Caractere		MAT	CVV	MVV	NGV	MCG	PROD
FL	$r_F$	0,445*	-0,197*	-0,215*	-0,015 <sup>ns</sup>	-0,287*	-0,286*
	$r_G$	0,771**	-0,451*	-0,302*	-0,124 <sup>ns</sup>	-0,392*	-0,433*
	$r_E$	0,068 <sup>ns</sup>	0,029 <sup>ns</sup>	-0,156 <sup>ns</sup>	0,120 <sup>ns</sup>	-0,206*	-0,267*
MAT	$r_F$		-0,210*	-0,404*	-0,486*	-0,457*	-0,286*
	$r_G$		-0,262*	-0,436*	-0,529*	-0,592**	-0,433*
	$r_E$		-0,088 <sup>ns</sup>	-0,220*	-0,337*	0,016 <sup>ns</sup>	-0,267*
CVV	$r_F$			0,504*	0,453*	0,220*	0,025 <sup>ns</sup>
	$r_G$			0,585**	0,484*	0,335*	0,031 <sup>ns</sup>
	$r_E$			0,342*	0,400*	-0,059 <sup>ns</sup>	-0,019 <sup>ns</sup>
MVV	$r_F$				0,624**	0,727**	0,076 <sup>ns</sup>
	$r_G$				0,710**	0,813**	0,082 <sup>ns</sup>
	$r_E$				0,297*	0,441*	0,014 <sup>ns</sup>
NGV	$r_F$					0,802**	0,109 <sup>ns</sup>
	$r_G$					0,869**	0,123 <sup>ns</sup>
	$r_E$					0,601**	-0,125 <sup>ns</sup>
MCG	$r_F$						0,101 <sup>ns</sup>
	$r_G$						0,114 <sup>ns</sup>
	$r_E$						-0,077 <sup>ns</sup>

FL: início do florescimento; MAT: início da maturação; CVV: comprimento de vagens verdes; MVV: massa de vagens verdes; NGV: número de grãos em cinco vagens; MCG: massa de 100 grãos; PROD: produtividade de grãos secos; <sup>ns</sup>: não significativo; \*: significativo a 5%; \*\*: significativo a 1% pelo teste t.

FL: early flowering; MAT: early maturation; CVV: green pod length; MVV: green pod mass; NGV: number of grains per pod; MCG: mass of 100 grains; PROD: dry yield grains; <sup>ns</sup>: not significant; \*: significant at 5%; \*\*: significant at 1% by t-test.

eram esperadas, uma vez que o aumento na massa da vagem verde pode ser consequência do aumento no seu comprimento, no número de grãos ou na massa de grãos, ou vice-versa, assim como a tendência é que quanto mais cedo o início do florescimento mais precoce seja a maturação. Lopes *et al.* (2001), Oliveira *et al.* (2003) e Carvalho *et al.* (2012) também encontraram resultados semelhantes para esses pares de caracteres.

Cruz *et al.* (2004) atribuem isso à ocorrência de pleiotropismo ou de desequilíbrio de ligação gênica entre os pares de caracteres e favorecem a seleção simultânea de dois caracteres ou mais pela seleção em apenas um destes. Por outro lado, de acordo com esses autores, a seleção de um caráter pode acarretar uma seleção indesejável de outro.

As correlações genótípicas ( $r_G$ ) apresentaram igual sinal e, na maior parte dos casos, valores superiores às suas correspondentes correlações fenotípicas, indicando que a expressão fenotípica é diminuída ante as influências do ambiente. Embora os componentes da produção tenham se correlacionado positivamente com PROD, as estimativas de  $r_F$  e  $r_G$  foram de baixa magnitude e algumas não significativas. Resultados semelhantes foram obtidos por Oliveira *et al.* (2003), Matos Filhos *et al.* (2009) e Andrade *et al.* (2010).

Os caracteres FL e MAT se correlacionaram de forma negativa com a PROD, permitindo inferir que cultivares

precoces têm maior potencial de produção do que as tardias, resultado que contraria os obtidos por Correa *et al.* (2012). As estimativas negativas de correlação entre pares de características indicam que a melhoria em um caráter trará prejuízos ao outro, não se recomendando, nesses casos, seleção baseada em um deles. Os caracteres fenológicos FL e MAT se correlacionaram, fenotípica e geneticamente, de forma negativa com os componentes de produção MVV, CVV, NGV e MCG, reforçando a hipótese de que cultivares precoces tendem a ser mais produtivos.

As correlações ambientais ( $r_E$ ) entre os caracteres com diferenças em magnitude e sinal, em relação às respectivas  $r_G$ , revelou que o ambiente favoreceu um caráter em detrimento do outro e que as causas de variação genética e ambiental apresentam diferentes mecanismos fisiológicos, dificultando a seleção indireta.

## CONCLUSÃO

A população apresenta variabilidade genética e potencial para o melhoramento genético. Com base nos parâmetros avaliados, os caracteres dias para maturação, massa verde de vagens, número de grãos por vagem e produtividade de grãos são indicados para a seleção de genótipos promissores.

## LITERATURA CIENTÍFICA CITADA

ANDRADE, F. N.; ROCHA, M. M.; FERREIRA GOMES, R. L.; FREIRE FILHO, F. R.; RAMOS, S. R. R. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi avaliados para feijão fresco. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 2, p. 253-258, 2010.

BENVINDO, R. N.; SILVA, J. A. L.; FREIRE FILHO, F. R.; ALMEIDA, A. L. G.; OLIVEIRA, J. T. S.; BEZERRA, A. A. C. Avaliação de genótipos de feijão-caupi semi-prostrado em cultivo de sequeiro e irrigado. **Comunicata Scientie**, v. 1, n. 1, p. 23-28, 2010.

CARVALHO, L. C. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; SOUSA, M. B.; PIRES, C. J.; NUNES, J. A. R. Phenotypic correlations between combining abilities of F2 cowpea populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology (Impresso)**, v. 12, n. 1, p. 211-214, 2012.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C.; DESTRO, D.; SOUZA, L. C. F.; SOBRINHO, T. A. Estimates of genetic parameters in common bean genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 3, n. 3, p. 223-230, 2003.

CORREA, A. M.; CECCON, G.; CORREA, C. M. A.; DELBEN, D. S. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 88-94, 2012.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao Melhoramento Genético**. 3ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2004. 585 p.

- FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARRETO, P. D.; SANTOS, A. A. Melhoramento Genético. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. p. 29-92.
- LOPES, A. C. A.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA, R. B. Q.; CAMPOS, F. L.; ROCHA, M. M. Variabilidade e correlações entre caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 3, p. 515-520, 2001.
- MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, v. 39, n. 2, p. 348-354, 2009.
- OLIVEIRA, F. J.; COSTA, C. N.; RIBEIRO, A. M. B. Caracteres agronômicos aplicados na seleção de cultivares de feijão-caupi. **Revista Ciência Agronômica**, v. 34, p. 5-11, 2003.
- SANTOS, J. A. S.; SOARES, C. M. G.; CORRÊA, A. M.; TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; ABREU, H. K. A. Agronomic performance and genetic dissimilarity among cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes. **Global Advanced Research Journal of Agricultural Science**, v. 3, n. 8, p. 271-277, 2014a.
- SANTOS, J. A. S.; TEODORO, P. E.; CORRÊA, A. M.; SOARES, C. M. G.; RIBEIRO, L. P.; ABREU, H. K. A. Desempenho agronômico e divergência genética entre genótipos de feijão-caupi cultivados no ecótono Cerrado/Pantanal. **Bragantia**, v. 73, n. 4, p. 1-6, 2014b.
- SCHIAVO, J. A.; PEREIRA, M. G.; MIRANDA, L. P. M.; DIAS NETO, A. H.; FONTANA, A. Caracterização e classificação de solos desenvolvidos de arenitos da formação Aquidauana-σ. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 34, n. 3, p. 881-889, 2010.
- SILVA, P. S. L.; OLIVEIRA, C. N. Rendimentos de feijão verde e maduro de cultivares de caupi. **Horticultura Brasileira**, v. 11, n. 2, p.133-135, 1993.
- TEIXEIRA, N. J. P.; MACHADO, C. F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.;
- GOMES, R. L. F. Produção, componentes de produção e suas inter-relações em genótipos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] de porte ereto. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 54, p. 374-382, 2007.
- TEIXEIRA, I. R.; SILVA, G. C.; OLIVEIRA, J. P. R.; SILVA, A. G.; PELÁ, A. Desempenho agronômico e qualidade de sementes de cultivares de feijão-caupi na região do cerrado. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, p. 300-307, 2010.
- TEÓFILO, E. M.; ALVES, A. U.; ALBUQUERQUE, I. C.; BRUNO, G. B. Potencial fisiológicos de sementes de feijão caupi produzidas em duas regiões do estado do Ceará. **Revista Ciência Agronômica**, v. 39, p. 443-448, 2008.
- UBI, B. E.; MIGNOUNA, H.; OBIGBESAN, G. Segregation for seed wight, pod lenghts and days to flowering following a cowpea cross. **African Crop Science Journal**, v. 9, n. 3, p. 463-470, 2007.