

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DO FEIJOEIRO¹

FRANCISLEI VITTI RAPOSO², MAGNO ANTÔNIO PATTO RAMALHO³ e ANGELA DE FÁTIMA BARBOSA ABREU⁴

RESUMO - A eficiência de cinco métodos de condução de populações segregantes foi comparada na cultura do feijoeiro. Para isso foi utilizada a população segregante do cruzamento entre as cultivares Carioca x Flor de Mayo. Foram comparados os métodos genealógico, populacional ou *bulk*, descendentes de uma única semente ou *single seed descent* (SSD), *bulk* dentro de F₃ e *bulk* dentro de F₂, os quais foram conduzidos conforme o preconizado em relação a cada método. Os métodos foram avaliados em dois locais: Lavras, no sul de Minas Gerais, e Patos de Minas, localizado na região do Alto São Francisco. Utilizou-se delineamento látice triplo 18 x 18. Foram avaliadas 320 famílias: 64, derivadas de cada um dos métodos, os genitores, e mais duas testemunhas. Com os dados de produtividade de grãos (g/parcela), foram obtidas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos. Os principais critérios utilizados nas comparações foram o desempenho médio das famílias, o ganho esperado com diferentes intensidades de seleção, e o número de famílias em cada método com desempenho superior a um determinado padrão. Não houve diferenças marcantes entre os métodos, na obtenção de famílias superiores, ou seja: se conduzidos corretamente, todos os métodos permitem sucesso com a seleção. Contudo, considerando as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, juntamente com a facilidade e flexibilidade de condução, os métodos do *bulk* e do SSD foram os mais vantajosos.

Termos para indexação: *Phaseolus vulgaris*, cruzamento, cultivares, herdabilidade, segregação, variação genética, genética quantitativa, métodos de melhoramento, melhoramento de plantas.

COMPARISONS AMONG METHODS TO CONDUCT SEGREGATING BEAN POPULATIONS

ABSTRACT - The efficiency of five methods of conduction of segregating populations was compared in common beans. For this experiment, the segregating population from cross between the cultivars Carioca and Flor de Mayo was used. The methods pedigree, bulk, single seed descent (SSD), F₃ derived bulk and F₂ derived bulk were conducted as established for each method. They were evaluated in two locations, Lavras, in the south of Minas Gerais, and in Patos de Minas, located in the Alto São Francisco region. Utilizing a 18 x 18 triple lattice design, 320 families were evaluated, with 64 being derived from each method, with the parents and two other checks. Estimatives were obtained from genetic and phenotypic parameters for grain yield data (g/plots). The main criteria utilized to compare the breeding methods were the average performance of the families, the expected response with different selection intensities, and the number of families in each method with superior performance to a particular standard. There were no significant differences between the methods to obtain the superior families, that is, if correctly conducted, all the methods enable similar success with the selection. Considering the estimatives of the genetic and phenotypic parameters, together with the ease and flexibility of conduction, the bulk and SSD method proved to be the most advantageous.

Index terms: *Phaseolus vulgaris*, crossbreeding, cultivars, heritability, segregation, genetic variation, quantitative genetic, breeding methods, plant breeding.

¹ Aceito para publicação em 17 de janeiro de 2000.

Extraído da dissertação de mestrado do primeiro autor, apresentada à Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, MG.

² Eng. Agrôn., M.Sc., Dep. de Biologia, Caixa Postal 37, CEP 37200-000 UFLA, Lavras, MG.

E-mail: fvraposo@hotmail.com

³ Eng. Agrôn., Dr., Prof. Titular, Dep. de Biologia, UFLA. E-mail: magnoapr@ufla.br

⁴ Eng. Agrôn., Dra., Embrapa/EPAMIG, Dep. de Biologia, UFLA. E-mail: afabreu@ufla.br

INTRODUÇÃO

O melhoramento genético das plantas está entre as principais contribuições da ciência para o bem-estar da sociedade. Especialmente quanto ao atendimento às necessidades em termos de alimentos e fibras, tanto em quantidade como em qualidade. É estimado que cerca de 50% do aumento da produtividade das principais espécies cultivadas seja atribuído ao melhoramento genético. No futuro, sua contribuição deverá ser ainda maior, para atender a uma população crescente, exigente em qualidade e, principalmente, exigente na redução dos efeitos ambientais decorrentes de insumos agrícolas utilizados na produção de alimentos.

Todas as evidências disponíveis, especialmente a disponibilidade de variabilidade genética, indicam a possibilidade de se continuar tendo sucesso com a seleção de plantas. É evidente, contudo, que as diferenças a serem detectadas são cada vez menores, exigindo, assim, maior eficiência dos programas de melhoramento. Entre os fatores que afetam essa eficiência está a escolha do método adequado de condução das populações segregantes em plantas autógamas. Esses métodos foram propostos no início do século, e algumas modificações ocorreram nas décadas de 50 e 60. De modo geral, foram limitadas as inovações introduzidas (Fehr, 1987; Borém, 1997).

As comparações entre os métodos de condução de populações segregantes em plantas autógamas são bem restritas, especialmente no Brasil. No caso específico do feijoeiro, as informações a esse respeito foram obtidas em outros países (Urrea & Singh, 1994; Ranalli et al., 1996). Considerando que a cultura do feijoeiro tem grande importância social e econômica no Brasil, onde se concentra a maior parte da produção mundial dessa leguminosa, e, sobretudo, pelo fato de a escolha do método de seleção ser dependente de fatores ambientais e da disponibilidade de infra-estrutura, é importante que seja avaliada a eficiência relativa dos métodos disponíveis nas condições prevalentes no país.

Foi realizado o presente trabalho com o objetivo de comparar a eficiência de vários métodos de condução de populações segregantes, nas condições em que são conduzidos os programas de melhoramento do feijoeiro no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Foi utilizada uma população segregante de feijão, proveniente do cruzamento inter-racial entre os genitores Carioca, raça Mesoamericana, conjunto gênico 3, que apresenta sementes pequenas de coloração bege com estrias marrons, hábito de crescimento indeterminado do tipo III e faseolina tipo S, com a cultivar Flor de Mayo, raça Jalisco, conjunto gênico 6, sementes médias de coloração bege com estrias rosas, hábito de crescimento indeterminado tipo IV e faseolina S. O cruzamento entre os genitores foi realizado de forma semelhante à descrita por Ramalho et al. (1993).

Os avanços das gerações foram conduzidos em Lavras, na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, localizada na região sul do Estado de Minas Gerais, de acordo com o preconizado para cada método de condução de populações segregantes. Já o experimento de comparação de métodos foi instalado em dois locais, Lavras e Patos de Minas, com semeadura em julho de 1998.

A população segregante foi avançada, utilizando cinco métodos, a partir da geração F_2 .

Método genealógico ou *pedigree*

Por ocasião da colheita da geração segregante F_2 , foram obtidas aleatoriamente 121 famílias $F_{2:3}$, que foram semeadas em uma linha de dois metros, em julho de 1997. Após a senescência das plantas, foram selecionadas visualmente 20% das melhores famílias, e, dentro destas, 15% dos indivíduos fenotipicamente superiores, mantendo, assim, novamente, 121 famílias $F_{3:4}$. O mesmo procedimento foi adotado na obtenção das famílias $F_{4:5}$ que foram multiplicadas para obtenção das sementes das famílias $F_{4:6}$. Destas, foram tomadas 64 famílias para participarem da etapa de comparação dos métodos.

Método da população ou *bulk*

As plantas da geração F_2 foram colhidas em conjunto, e suas sementes foram misturadas. Uma amostra representativa de aproximadamente 2.000 sementes foi retirada da população, para originar a geração seguinte, F_3 , semeada em julho de 1997. O processo foi repetido, para a obtenção das sementes F_4 , semeadura em novembro de 1997. As famílias $F_{4:5}$ foram multiplicadas, sendo retiradas 64 famílias $F_{4:6}$, para participarem da etapa de comparação dos métodos.

Método descendentes de uma única semente (SSD)

Uma semente de cada planta da população segregante F_2 foi colhida para constituir a geração F_3 , o mesmo ocor-

rendo em F₄, quando aleatoriamente 121 plantas foram colhidas individualmente dando origem às famílias F_{4:5}. A partir daí, adotou-se o mesmo procedimento do método anterior.

Método *bulk* dentro de F₃ (*bulk*/F₃)

Na colheita do método *bulk*, da geração F₃, safra de outono-inverno de 1997, foram retiradas aleatoriamente 100 famílias F_{3:4}. Elas foram multiplicadas na safra seguinte, mantendo-se 100 famílias F_{3:5}. Essas foram avaliadas utilizando-se um látice simples 10 x 10. A parcela foi constituída de uma linha de dois metros. Com base nesse experimento foram selecionadas as 64 melhores famílias F_{3:6}, que igualmente foram utilizadas no experimento de comparação de métodos.

Método *bulk* dentro de F₂ (*bulk*/F₂)

Da população segregante F₂, foram retiradas aleatoriamente 121 famílias F_{2:3}. Estas foram multiplicadas na safra seguinte, e avançadas pelo método do *bulk*, originando as famílias F_{2:4}, conduzidas no delineamento de látice simples 11 x 11. O mesmo procedimento foi realizado na geração F_{2:5}. Posteriormente, foram realizadas as análises individuais por geração e a análise conjunta das gerações (F_{2:4} e F_{2:5}), em que foram selecionadas 64 famílias com melhor desempenho, as quais representaram o método *bulk*/F₂, no experimento de comparação de métodos.

Após a obtenção das famílias em cada método, foi instalado o experimento de avaliação das famílias, constituído por 324 tratamentos, sendo 320 famílias segregantes (64 provenientes de cada método) e 4 testemunhas (Carioca, Flor de Mayo, Pérola e CI-140). O experimento foi semeado nos dois locais mencionados, em delineamento em látice triplo 18 x 18, sendo as parcelas constituídas de duas linhas de 2 m. Foram obtidos os dados da produção de grãos (g/parcela), e efetuadas as análises de variância inicialmente por local, e posteriormente, a análise de variância conjunta, utilizando os dados médios ajustados de cada local. A partir das esperanças dos quadrados médios, considerando todas as fontes de variação como aleatória, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância e alguns parâmetros genéticos e fenotípicos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Não foram detectadas diferenças significativas (P≤0,10) apenas nas comparações entre testemunhas, testemunhas vs. famílias e suas interações com lo-

cais, bem como na interação entre famílias do método genealógico x locais (Tabela 1). A existência de variabilidade entre as famílias, independentemente do método de condução da população segregante, pode ser confirmada pela estimativa da variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), associada ao valor obtido para a herdabilidade média no sentido amplo ($h_m^2 = 43,60\%$) (Tabela 2). O mesmo pode ser constatado na distribuição de freqüências, apresentada na Fig. 1. Verifica-se que a maior amplitude de variação entre a produtividade média de grãos ocorreu entre as famílias do método SSD (407,4 g/parcela), o que corresponde a 66,62% da média. Destaca-se o fato de que o desempenho médio das famílias, dentro de cada método, foi semelhante, exceto no caso do método genealógico, cuja média foi 4,5% inferior à média obtida nos demais (Fig. 1).

TABELA 1. Análise de variância conjunta da produtividade de grãos (g/parcela), do experimento de comparação de métodos de condução de populações segregantes. Lavras, MG, e Patos de Minas, MG.

Fontes de variação	GL	QM	Probabilidade
Locais (L)	1	1.099.960,72	0,000
Tratamentos (T)	323	26.711,82	0,000
Entre famílias (F)	319	26.883,35	0,000
Entre famílias do genealóg. (G)	63	20.581,89	0,000
Entre famílias do <i>bulk</i> (B)	63	27.036,51	0,000
Entre famílias do SSD (S)	63	36.822,27	0,000
Entre famílias do <i>bulk</i> /F ₃ (K)	63	20.876,07	0,000
Entre famílias do <i>bulk</i> /F ₂ (F)	63	26.868,23	0,000
Entre métodos (M)	4	62.033,47	0,000
Entre testemunhas (W)	3	10.228,22	0,420
Test. vs. famílias (A)	1	23.205,64	0,140
L x T	323	15.152,16	0,000
L x F	319	15.234,99	0,000
L x G	63	11.907,46	0,297
L x B	63	19.636,56	0,000
L x S	63	14.303,15	0,055
L x K	63	15.806,24	0,013
L x F	63	13.985,96	0,072
L x M	4	23.670,77	0,070
L x W	3	1.535,91	0,940
L x A	1	218,54	0,880
Erro efetivo médio	1.292	10.894,78	
Total	1.943		
Média		603,12	
CV (%)		17,30	
\hat{h}_m (%)		43,60	

TABELA 2. Estimativas da variâncias genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância da interação local x tratamentos ($\hat{\sigma}_{GxL}^2$), erro associado a variância genética ($\hat{s}_{\hat{\sigma}_G^2}$) e herdabilidade (\hat{h}_m^2), obtidas a partir da análise da produtividade de grãos (g/parcela).

Estimativas	Todos os métodos	Métodos				
		Genealógico	<i>Bulk</i> ¹	SSD ²	<i>Bulk/F</i> ₃	<i>Bulk/F</i> ₂
$\hat{\sigma}_G^2$	1955,2	1445,72	1233,33	3753,18	844,97	2147,05
$\hat{s}_{\hat{\sigma}_G^2}$	±721,4	±1245,40	±1612,80	±2179,90	±1262,40	±3401,22
$\hat{\sigma}_F^2$	4480,5	3430,30	4506,09	6137,04	3479,35	4478,04
$\hat{\sigma}_{GxL}^2$	1419,1	337,56	2913,92	1136,12	1637,15	1030,39
$\hat{\sigma}_{GxL}^2/\hat{\sigma}_G^2$ (%)	72,6	23,34	236,26	30,27	193,75	47,90
\hat{h}_m^2 (%)	43,6	42,10	27,30	61,00	24,28	47,90

¹ Método populacional.

² Descendentes de uma única semente.

Um dos fatores que mais interfere no trabalho dos melhoristas é o componente da interação genótipos x ambientes. Considerando todas as famílias, independentemente do método, o componente da interação famílias x locais ($\hat{\sigma}_{GxL}^2$) foi de 72% da estimativa da variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) (Tabela 2). A ocorrência de interação genótipos x ambientes dessa magnitude, ou até mesmo mais expressiva, na cultura do feijoeiro tem sido freqüentemente relatada (Abreu et al., 1990; Takeda et al., 1991; Gonçalves, 1995). Contudo, há escassez de relatos sobre se a magnitude da interação é dependente do método de seleção utilizado. Neste trabalho, foi possível obter informações a esse respeito, pela constatação de ampla variação entre os métodos com relação à participação da interação na variação fenotípica entre as famílias. No método genealógico, o componente da interação correspondeu apenas a 23,34% da estimativa da variância genética. Por outro lado, nas famílias derivadas do método *bulk*, a relação entre a variância da interação pela variância genética foi cerca de 10 vezes o valor observado pelo método genealógico (Tabela 2). A explicação provável para essa diferença é a magnitude da variância genética entre as famílias. Isto porque, como no método genealógico a variância genética entre as famílias foi menos expressiva, a magnitude da interação também o foi. Considerando que as condições climáticas de Lavras e Patos de Minas são bem distintas, e como o avanço das gerações foi efetuado apenas em Lavras,

pode-se argumentar que a seleção natural que atua predominantemente no método do *bulk*, possa ter contribuído para selecionar indivíduos que deram origem a famílias mais ajustadas às condições prevalentes em Lavras.

Há várias alternativas que podem ser utilizadas na comparação de métodos de condução de população segregante. Uma delas é a manutenção da variabilidade genética até o momento em que serão efetuadas as avaliações em experimentos com repetição. É esperado que nos métodos *bulk* e SSD, cujas famílias foram obtidas a partir de F₄, a variabilidade disponível seja maior, porque em F₄, 87,5% em média, dos locos, já estão em homozigose, e é liberada 1,75 variância genética aditiva (σ_A^2). No *bulk/F*₂, a variabilidade entre as famílias, independentemente da geração em que foi efetuada a seleção, é a mesma da existente entre plantas F₂, ou seja, 1 σ_A^2 . No *bulk/F*₃ a variabilidade esperada é maior que na do *bulk/F*₂, pois ocorre 1,5 σ_A^2 . Coerentemente com esse fato, as famílias derivadas do SSD apresentaram maior estimativa da variância genética e de \hat{h}_m^2 (Tabela 2). No caso das estimativas de \hat{h}_m^2 para os métodos *bulk/F*₂, *bulk/F*₃ e *bulk*, os valores não foram coerentes com o esperado. Isso pode ter ocorrido devido ao efeito de amostragem ou de ambiente entre famílias derivadas do *bulk/F*₃ e do *bulk*, reduzindo a \hat{h}_m^2 , já no caso do genealógico, a seleção visual realizada nas sucessivas gerações antes da avaliação deve ter contribuído para reduzir a variabilidade genética.

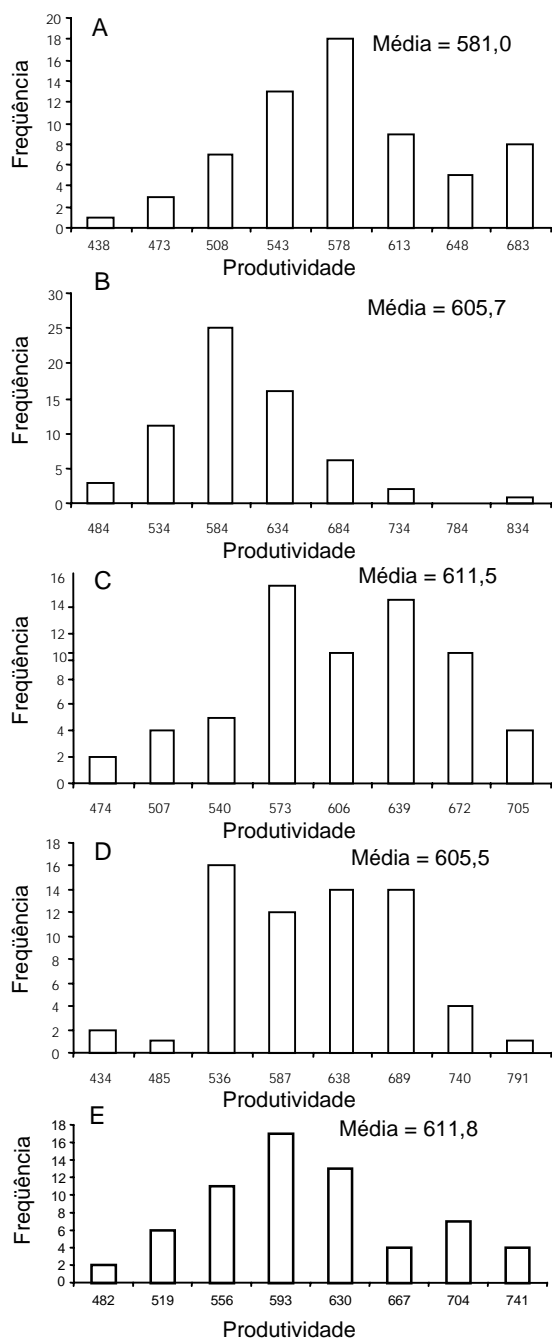


FIG. 1. Distribuição de freqüência da produtividade média geral de grãos (g/parcela) dos experimentos de comparação de métodos. A: genealógico; B: *bulk* (método populacional); C: SSD (descendentes de uma única semente); D: *bulk/F₃*; E: *bulk/F₂*.

Um aspecto a se considerar na escolha de um dado método, além do desempenho médio das famílias, é a probabilidade de maior ganho com a seleção. Isto é, um método será tanto melhor quanto maior for a magnitude do ganho genético, para um mesmo diferencial de seleção. Nesse contexto, foram obtidas as médias das melhores ou piores famílias, considerando 7,8% (5 famílias), 15,6% (10 famílias) e 31,2% (20 famílias) de proporção de famílias selecionadas. Constatou-se que, no caso da seleção no sentido de reduzir a expressão da característica, os métodos não diferiram. Quando se considerou a seleção em sentido contrário, foi detectada diferença, em todas as intensidades de seleção utilizadas (Tabela 3). Neste sentido, o método genealógico e o *bulk/F₃* foram menos eficientes.

Outro critério, que também pode ser utilizado para a comparação da eficiência dos diferentes métodos, é o número de famílias cujo desempenho médio supera, em valores absolutos, a média de um padrão previamente escolhido. Na Tabela 4, são apresentados esses números para cada método em relação a cada uma das quatro testemunhas utilizadas, e também a média geral das testemunhas. Inicialmente, é preciso salientar que as testemunhas com melhor desempenho foram as cultivares Flor de Mayo e Pérola. Destaque deve ser dado ao fato de que todos os métodos apresentaram famílias com desempenho superior à média das quatro testemunhas. Esse fato foi especialmente evidenciado, quando, exceto no caso do genealógico, o número de famílias que superou a média das quatro testemunhas foi superior a 15, ou seja quase 25% das famílias avaliadas, o que evidencia o potencial produtivo das famílias derivadas do cruzamento utilizado.

Do exposto, e considerando todos os critérios, ocorreu uma ligeira superioridade dos métodos *bulk* e SSD em relação aos demais, especialmente quando comparado com o genealógico. Dos trabalhos de comparação de métodos na cultura do feijoeiro, o realizado por Ranalli et al. (1996), com duas populações segregantes, também apresenta o SSD com desempenho ligeiramente superior ao *bulk/F₂*; entretanto, os pesquisadores não descartaram a utilização do *bulk/F₂* associado ao SSD. Já em outro trabalho, conduzido na Colômbia, Urrea & Singh (1994), obtiveram resultados contraditórios, em que o *bulk/F₂*

TABELA 3. Produtividade média das 5, 10 e 20 famílias mais e menos produtivas de cada método de condução de população segregante em Lavras, MG, e em Patos de Minas, MG¹.

Grupo de famílias	Número de famílias	Métodos				
		Genealógico	<i>Bulk</i> ²	SSD ³	<i>Bulk/F</i> ₃	<i>Bulk/F</i> ₂
Mais produtivas	5	684,8b	752,0a	752,1a	698,9b	742,0a
	10	674,5b	711,0a	728,2a	687,1b	726,8a
	20	649,2b	679,8a	702,2a	670,0b	692,4a
Menos produtivas	5	472,2a	497,9a	481,7a	487,0a	501,3a
	10	490,6a	513,9a	502,1a	511,3a	519,2a
	20	518,3a	535,9a	524,3a	536,4a	543,3a

¹ Na mesma linha as médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste Scott & Knott ($P \leq 0,1$).

² Método populacional.

³ Descendentes de uma única semente.

TABELA 4. Número de famílias de cada método, superiores a cada testemunha e à média das testemunhas. Lavras, MG, e Patos de Minas, MG.

Testemunhas	Métodos				
	Genealógico	<i>Bulk</i> ¹	SSD ²	<i>Bulk/F</i> ₃	<i>Bulk/F</i> ₂
Carioca	21	31	33	35	30
Flor de Mayo	1	4	11	3	10
CI-140	20	27	33	34	29
Pérola	14	22	29	26	22
Média	13	20	23	23	18

¹ Método populacional.

² Descendentes de uma única semente.

demonstrou ser mais eficiente que o método *bulk* e SSD, visando à identificação de famílias superiores. Contudo, os próprios autores salientam que o número de 32 famílias avaliadas em cada método foi pequeno, devendo ter ocorrido problemas de amostragem.

Finalmente, na decisão sobre qual método de condução de população segregante utilizar, está o custo envolvido na sua condução. Como era esperado, o método do *bulk* é o menos oneroso, sobretudo porque na sua condução, antes da avaliação das famílias o gasto com área experimental e mão-de-obra é pequeno. No caso do SSD, o gasto com área é ainda menor. Contudo, especialmente a mão-de-obra no momento da colheita, de uma vagem por planta, acarreta ônus adicional em relação ao *bulk*. Os métodos que envolvem a avaliação de famílias, desde o início, evidentemente são os mais caros, especialmente o *bulk/F*₂ ou *bulk/F*₃, pois necessitam da condução de experimentos com repetições, o que acarreta mai-

or tempo no preparo do material, maior área, maior quantidade de insumos, e dedicação do melhorista na condução e nas análises dos dados. Com base nos resultados encontrados, pode-se inferir que os métodos do *bulk* e do SSD foram as melhores opções, e o emprego destes deveria ser mais generalizado na cultura do feijoeiro, tendo sempre o cuidado de avançar as populações segregantes, utilizando um grande número de plantas no caso do método *bulk*, para reduzir as perdas por amostragem. Os métodos do *bulk/F*₂ ou *bulk/F*₃ devem ser preferencialmente utilizados quando se tem um cruzamento muito promissor e o melhorista deseja maior atenção no avanço das gerações.

CONCLUSÃO

1. Os métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro não apresentam diferenças marcantes na obtenção de famílias superiores.
2. Considerando a facilidade e flexibilidade de condução, os métodos *bulk* e SSD são mais vantajosos para os melhoristas.

REFERÊNCIAS

- ABREU, A. de F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; PEREIRA FILHO, I.A. Effects of genotype x environment interaction on estimations of genetic and phenotypic parameters of common beans. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.13, n.1, p.75-82, mar. 1990.

- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa : Editora da UFV, 1997. 547p.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York : MacMillan, 1987. 525p.
- GONÇALVES, P.R. **Obtenção de linhagens de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) com grãos tipo carioca e resistentes a antracnose e mancha angular**. Lavras : UFLA, 1995. 65p. Dissertação de Mestrado.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia : UFG, 1993. 271p.
- RANALLI, P.; RUARO, G.; RE, P. del; 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**, Rome, v.50, n.2, p.103-108, June 1996.
- TAKEDA, C.; SANTOS, J.B. dos; RAMALHO, M.A.P. Choice of parental lines for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. II. Reaction of cultivars and of their segregating populations to variations in different environments. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.14, n.2, p.455-465, June 1991.
- URREA, C.A.; SINGH, S.P. Comparison of mass, F_2 - derived family, and single-seed-descent selection method in an interracial population of common bean. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.74, n.3, p.461-464, 1994.