



Agrocien

ISSN: 1405-3195

agrocien@colpos.mx

Colegio de Postgraduados

México

Garcia-Bertoldo, Juliano; de Lima-Coutinho, Gilberto; Pelisser, Amanda; Favreto, Rodrigo;  
da-Silva, Raquel Paz

EL VALOR GENOTÍPICO EN LA SELECCIÓN DE LÍNEAS DE FRIJOL

Agrocien, vol. 49, núm. 5, julio-agosto, 2015, pp. 559-572

Colegio de Postgraduados

Texcoco, México

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=30240678007>

- [Cómo citar el artículo](#)
- [Número completo](#)
- [Más información del artículo](#)
- [Página de la revista en redalyc.org](#)

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

# EL VALOR GENOTÍPICO EN LA SELECCIÓN DE LÍNEAS DE FRIJOL

## GENOTYPIC VALUE IN THE SELECTION OF BEANS LINES

Juliano **Garcia-Bertoldo\***, Gilberto de **Lima-Coutinho**, Amanda **Pelisser**, Rodrigo **Favreto**, Raquel **Paz da-Silva**

Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária-FEPAGRO, Centro de Pesquisa do Litoral Norte, FEPAGRO Litoral Norte. (jgbertoldo@fepagro.rs.gov.br).

### RESUMEN

El mejorador puede usar diferentes procedimientos para identificar los genotipos superiores en los experimentos preliminares de líneas (EPLs); lo más común es la observación del fenotipo en campo (denominado de valor fenotípico) y se usan las medias obtenidas para estimar el rendimiento de grano. Una alternativa es predecir el valor genotípico por medio del predictor lineal e insesgado (BLUP), por lo cual el objetivo del presente estudio fue identificar líneas de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) superiores en un EPL para usar en pruebas de valor de cultivo y uso (VCU), a partir de la estimación de los valores fenotípicos y la predicción de los valores genotípicos. El experimento se realizó en campo en el año agrícola de 2012/2013 (1° y 2° ciclos de cultivo), se sembraron 34 genotipos de frijol: 29 líneas y cinco cultivares (tratamientos); el diseño experimental fue bloques completamente al azar con tres repeticiones, y se evaluaron 11 caracteres agronómicos. Los resultados se analizaron con ANDEVA, la prueba de F y el SNK para comparación de medias ( $p \leq 0.05$ ). El análisis conjunto incluyó las dos épocas evaluadas. El procedimiento usado para la predicción de valores genéticos fue BLUP. La evaluación conjunta de los valores fenotípicos y genotípicos permitió mejores inferencias y precisiones en la selección de las líneas que se deben incluir en pruebas de VCU. El criterio de selección de los genotipos superiores o inferiores debe estar basado en la combinación de los resultados de los valores observados en campo, en la combinación de los resultados observados en campo (evaluaciones visuales), los promedios de los valores obtenidos en el ensayo (valores fenotípicos) y los valores genotípicos estimados.

**Palabras clave:** *Phaseolus vulgaris* L., mejoramiento de plantas, BLUP.

### ABSTRACT

Breeders may use different procedures to identify superior genotypes in preliminary experiments of lines (EPL); the common practice is to observe the field phenotype (known as phenotypic value) from which its obtained statistical means are used to estimate the grain yield. An alternative is to predict the genotypic value by using the linear and unbiased predictor (BLUP). Because of these, the objective of the present study was to identify breeding lines of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) high in an EPL to be used in tests of the value for cultivation and use (VCU), based on the estimation of phenotypic values and the prediction of the genotypic values. The study was carried out during the 2012-2013 agricultural year (1st and 2nd cycles of cultivation), 34 common bean genotypes: 29 breeding lines and five cultivars (treatments) were sown; the experimental design was randomized blocks with three replicates, from which 11 agronomic traits were evaluated. The results were analyzed with an ANOVA, the F test and the SNK ( $p \leq 0.05$ ) for means comparison. The joint analysis included the two evaluated seasons. The procedure used for the prediction of genetic values was BLUP. Joint evaluation of the phenotypic and genotypic values allowed best inferences and precision in the selection of the breeding lines that should be included in trials of VCU. The criterion selection of the higher or lower genotypes must be based on the combination of the results of the values observed in the field (visual assessment), the averages of the values obtained in the trial (phenotypic values) and the estimated genotypic values.

**Key words:** *Phaseolus vulgaris* L., plant breeding, BLUP.

### INTRODUCTION

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is one of the most important grown legumes, especially for small farmers. In Brazil, 60 % of the national agricultural production comes from family agriculture (Comissão Técnica Sul-brasileira

\* Autor responsable ♦ Author for correspondence.

Recibido: febrero, 2015. Aprobado: abril, 2015.

Publicado como ARTÍCULO en *Agrociencia* 49: 559-572. 2015.

## INTRODUCCIÓN

El frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) es una de las leguminosas cultivadas más importantes, principalmente para pequeños agricultores. En Brasil, 60 % de la producción agrícola nacional viene de la agricultura familiar (Comissão Técnica Sul-brasileira de Feijão, 2010). Por tanto, es necesario implementar nuevos métodos de mejora en el cultivo del frijol para aumentar el rendimiento de grano aumentando la tolerancia de nuevas variedades al estrés abiótico en ambientes específicos, como temperaturas altas y déficit hídrico, o menos fertilizantes nitrogenados. Estos caracteres pueden ser de difícil mejoría, ya que están influenciados por varios factores (Hardarson, 1993; Ramírez-Vallejo y Kelly, 1998; Herridge y Rose, 2000), y el mejorador debe usar todas las herramientas disponibles para una adecuada selección de los genotipos superiores.

En cada cultivo, los materiales seleccionados en campo participan de un experimento inicial denominado experimento preliminar de evaluación de líneas (EPL), donde se evalúan caracteres como ciclo biológico, altura de planta, reacción a enfermedades y rendimiento de grano. En esa etapa las líneas promisoras seleccionadas son direccionadas a experimentos de valor de cultivo y uso (EVCU); las líneas descartadas pueden retornar al proceso anterior de selección, si son de interés para el mejorador y tienen variabilidad para la selección. Esa es una etapa fundamental, pues el éxito del programa de mejoramiento depende de la decisión del mejorador sobre cuáles líneas deben proseguir y cuáles no para los EVCU.

En ese sentido, el mejorador puede usar diferentes procedimientos para identificar los genotipos superiores en los EPL, para lo cual se hace la observación *per se* en campo (denominado valor fenotípico) y se usan los promedios obtenidos para estimar el rendimiento de grano. Sin embargo, muchas veces esta información no es suficiente debido a que después de esas evaluaciones, pueden surgir dudas o equivocaciones. En la evaluación fenotípica en campo se puede usar o no una escala de notas, y según Moura *et al.* (2013), el uso de esta escala se basa en la evaluación visual, es subjetiva y demanda experiencia para una evaluación precisa. Según Cruz *et al.* (2004), el desempeño fenotípico por sí solo no es la manera más adecuada de estimar los componentes de la varianza y se usa para la selección de genotipos superiores

de Feijão, 2010). Therefore, the implementation of new methods to improve the agronomic cycle of beans to increase its grain yield is necessary. That is, by increasing the tolerance of new varieties to the abiotic stress in specific environments, such as high temperatures and water deficit, or low nitrogen fertilization. These characters can be difficult to improve, because they are influenced by several factors (Hardarson, 1993; Ramírez-Vallejo and Kelly, 1998; Herridge and Rose, 2000), and breeders should use all available tools for proper selection of remarkable genotypes.

In each crop, the selected field materials take part of an initial experiment called preliminary evaluation of lines trial (EPL), where characters such as biological cycle, plant height, grain yield and response to diseases are evaluated. At that stage, the promising selected lines are routed to the cultivation value and use trials (EVCU); the discarded lines can return to the previous process of selection, if they are of interest to breeders and have variability for selection. This is a critical stage, as the success of breeding programs depends on the decision of breeders on which lines should continue to the EVCU and which does not.

In that sense, the breeders can use different procedures to identify genotypes in the EPL, for which a field observation *per se* is made (named phenotypic value), and from which the obtained averages are used to estimate the grain yield. However, this information is often insufficient, since after these evaluations, questions or mistakes may arise. During field phenotypic evaluation a scale of notes may be used, and according to Moura *et al.* (2013), the use of such a scale is based on visual assessment, is subjective and demands experience for the assessment to be accurate. According to Cruz *et al.* (2004), the phenotypic performance by itself is not the most appropriate way to estimate the components of the variance and is used to select superior genotypes, although it is strongly influenced by environmental factors. An additional alternative is to predict the genetic merit (Robinson, 1991) by means of a linear and unbiased predictor (BLUP) (Resende, 2002). Thus, the combination of the average values obtained with the predicted values using BLUP is the genotypic value. In addition, breeders can cross the information obtained by the phenotypic value with that obtained with the genotypic value, which allows greater inference and precision in their decisions.

res, aunque está muy influenciado por condiciones del medio ambiente. Una alternativa complementaria es predecir el mérito genético (Robinson, 1991) por medio del predictor lineal e insesgado (BLUP) (Resende, 2002). De este modo, la combinación de los valores promedios obtenidos con los valores predichos mediante BLUP, son los valores genotípicos. Además, el mejorador puede cruzar la información obtenida por el valor fenotípico con la obtenida con el valor genotípico, lo cual permite mayor inferencia y precisión en sus decisiones.

Por tanto, el objetivo de este experimento fue identificar líneas de frijol superiores en EPL para la utilización en EVCU, a partir de la estimación de los valores fenotípicos (evaluación en campo) y la predicción de los valores genotípicos (promedios + BLUP).

## MATERIALES Y MÉTODOS

El experimento se realizó el año agrícola de 2012/2013 en dos ciclos de cultivo, 1er ciclo (septiembre a noviembre), y 2º ciclo (enero a marzo), en el área experimental de la Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO) en el Centro de Pesquisa del Litoral Norte (FEPAGRO Litoral Norte), en Maquiné/RS, ubicada a 29° 39' 33.10" S, 50° 12' 35.80" O, y 15 m de altitud.

En este experimento se sembraron 34 genotipos de frijol, incluyendo 29 líneas y 5 cultivares comerciales tipo negro (FEPAGRO 26 y BRS Supremo), carioca (Pérola), blanco (Ouro Branco) y otros (Iraí) pertenecientes a la colección de frijol del Banco de Germoplasma de FEPAGRO (BAFFE). El diseño experimental fue de bloques al azar con tres repeticiones. Las parcelas fueron cuatro surcos de 4 m con espaciamiento de 0.45 m, totalizando 7.2 m<sup>2</sup>, el área útil correspondió a las dos hileras centrales, 3.6 m<sup>2</sup> en total, y se sembraron 15 semillas m<sup>-1</sup> lineal. Las labores culturales fueron control manual de plantas invasoras manual y aplicación de Fluazifop-p-butyl+fomesafen (1 L ha<sup>-1</sup>) y control de insectos con Metamidophos (1 L ha<sup>-1</sup>).

En la evaluación fenotípica en campo se adoptó una escala de notas, para lo cual el criterio fue: homogeneidad (parcelas uniformes), número de flores y vainas, y sanidad (presencia o ausencia de enfermedades): donde < 2, el genotipo fue malo; 2 ≤ 3, el genotipo fue bueno; > 3, el genotipo fue promisorio. Los caracteres evaluados fueron: número total de nódulos (NNT), peso seco de la parte aérea (g; PSA), peso seco de la raíz (g, PSR), tamaño de la raíz (cm, TR), número de días para la floración (DIF) y ciclo de la planta (CIC), evaluados antes de la cosecha; y después de la cosecha se evaluó: altura de la planta (cm, ALT), diámetro del tallo (cm, DIA), número de vainas por planta (NVP), número

Therefore, the objective of this study was to identify superior common bean lines in EPL for use in EVCU, based on the estimation of phenotypic values (field assessment) and the prediction of the genotypic values (averages + BLUP).

## MATERIALS AND METHODS

The study was carried out during the 2012-2013 agricultural year in two cultivation cycles, at the raining season (September to November or 1st cycle), and in the dry season (January to March or 2nd cycle) at the experimental area of the Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO) at the Centro de Pesquisa del Litoral Norte (FEPAGRO Litoral Norte), in Maquiné/RS, located at 29° 39' 33.10 "S, 50° 12' 35.80" W, and 15 m of altitude.

In this study 34 common bean genotypes were sown, including 29 lines and five commercial black type cultivars (FEPAGRO 26 and BRS Supremo), carioca (Pérola), white (Ouro Branco) and others (Iraí) that belong to the collection of common bean Germplasm Bank of FEPAGRO (BAFFE). The experimental design was of random blocks with three replications. The plots consisted of four rows, 4 m long and 0.45 m apart, totaling 7.2 m<sup>2</sup>, the useful area corresponded to the two central rows, 3.6 m<sup>2</sup> total, 15 seeds per linear m were sown. Cultural work consisted on manual control of invasive plants, the application of Fluazifop-p-butyl+fomesafen (1 L ha<sup>-1</sup>) and insects control with Metamidophos (1 L ha<sup>-1</sup>).

On the field phenotypic evaluation a scale of notes was adopted, for which the criterion was: homogeneity (plots uniformity), number of flowers and pods, and health (presence or absence of disease): where < 2, then the genotype was bad; 2 ≤ 3, then the genotype was good; > 3, then the genotype was promising. The following characteristics were evaluated: total number of nodules (NNT), aboveground dry weight (g; PSA), root dry weight (g, PSR), root size (cm, TR), number of days to flowering (DIF) and plant cycle (CIC), all evaluated before harvest; after harvest characteristics evaluated were: plant height (cm, ALT), stem diameter (cm, DIA), number of pods per plant (NVP), number of grains per pod (NGV), weight of 100 seeds (g, PCS), and grain yield (kg ha<sup>-1</sup>, REND). Five plants of the useful area per plot were extracted at the time of flowering to evaluate the number of nodules (stage R6). Then the roots were separated from aboveground for the base of the stem, nodules on the roots were separated and counted, the aboveground section and root were dried in an oven, at 65 °C, for 72 h and weighed with a precision scale.

The statistical model was:

de granos por vaina (NGV), peso de cien semillas (g, PCS) y rendimiento de granos ( $\text{kg ha}^{-1}$ , REND). Para evaluar el número de nódulos, se extrajeron cinco plantas del área útil por parcela en el momento de la floración (estadio R6). Después las raíces se separaron de la parte aérea por la base del tallo, los nódulos en las raíces se separaron y contaron, la parte aérea y raíz se secaron 72 h en estufa a 65 °C por y se pesaron con una balanza de precisión.

El modelo estadístico fue:

$$y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij}$$

donde  $y_{ij}$ : valor observado en la parcela que recibió el genotipo  $i$  en la repetición  $j$ ;  $m$ : media del experimento;  $g_i$ : efecto del genotipo  $i$ ;  $b_j$ : efecto debido al bloque  $j$ ;  $e_{ij}$ : error experimental.

Con los datos se realizó una ANDEVA, y las medias se compararon con la prueba de F y la prueba SNK ( $p \leq 0.05$ ). El análisis conjunto incluye las dos épocas evaluadas. El procedimiento para la predicción de valores genéticos fue BLUP. Los análisis fueron realizados con los programas GENES (Cruz, 2008) y SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2002).

Los componentes de la varianza fueron estimados por el método propuesto por Patterson y Thompson (1971). Matricialmente, el modelo mixto lineal general descrito en Harville (1977) es denotado por:  $y = Xb + Za + e$ , con las siguientes distribuciones y estructuras de medias y varianzas:  $a \sim N(0, G)$ ;  $e \sim N(0, R)$ ;  $E(y) = Xb$ ;  $\text{Var}(y) = V = ZGZ' + R$ . La estimación de los efectos fijos y la predicción de los efectos aleatorios se obtuvieron así (Searle *et al.*, 1992):  $\text{Var}(v) = E(vv') = G e \text{Var}(e) = E(ee') = E(ee') = R$ . La predicción de los valores genotípicos fue por  $VG = m + b_i$ , donde  $m$  es la media general del estudio y  $b_i$  es el valor predicho del genotipo  $i$ .

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El resultado del análisis de varianza mostró diferencias significativas entre los genotipos para los caracteres evaluados, excepto TR, NVP y REND, mientras que el efecto de la época de evaluación fue significativo para todos los caracteres (Cuadro 1 y 2). Además, el efecto de la interacción entre genotipo y época fue menos pronunciado y significativo para los caracteres NNT, DIF, CIC, NGV y PCS.

El análisis con ANDEVA y la prueba de F son análisis globales (Bertoldo *et al.*, 2007), esto es, sólo un indicador del efecto entre los tratamientos. Así, el efecto de un tratamiento no significativo por la prueba de F, puede ser significativo en una prueba de

$$y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij}$$

where  $y_{ij}$ : is the observed value in the plot that received the genotype  $i$  in  $j$  repetition;  $m$ : mean trial;  $g_i$ : effect of  $i$  genotype;  $b_j$ : effect due to the  $j$  block;  $e_{ij}$ : experimental error.

An ANOVA was performed with the data, and its means were compared with the F test and the SNK tests ( $p \leq 0.05$ ). The joint analysis included both evaluated seasons. The procedure for the prediction of genetic values was BLUP. Analyses were performed with the GENES (Cruz, 2008) and SELEGEN-REML/BLUP programs (Resende, 2002).

The components of variance were estimated using the method proposed by Patterson and Thompson (1971). In matrix notation, the general linear mixed model described in Harville (1977) is denoted by:  $y = Xb + Za + e$ , with the following distributions and structures of means and variances:  $a \sim N(0, G)$ ;  $e \sim N(0, R)$ ;  $E(y) = Xb$ ;  $\text{Var}(y) = V = ZGZ' + R$ . The fixed effects estimation and random effects prediction were obtained as follows (Searle *et al.*, 1992):  $\text{Var}(v) = E(vv') = G e \text{Var}(e) = E(ee') = E(ee') = R$ . The genotypic values were predicted by  $VG = m + b_i$ , where  $m$  is the general mean of the study and  $b_i$  is the predicted value of genotype  $i$ .

## RESULTS AND DISCUSSION

The analysis of variance showed significant differences among genotypes for the characteristics evaluated, except TR, NVP and REND, whereas the effect of the moment of evaluation was significant for all characteristics (Table 1 and 2). In addition, the effect of the interaction between genotype and age was less pronounced and significant for NNT, DIF, CIC, NGV and PCS.

Analysis of the ANOVA and the F test are global analysis (Bertoldo *et al.*, 2007), that is, they are only indicators of the effect between treatments. Thus, the effect of a non-significant treatment in the F test may be significant in the means or contrast test. And so it is important to verify minimal and specific differences - not global - between treatments.

Regarding the existing variability, genotypes were different from each other for most of the characters (Table 1 and 2), but, in different magnitudes, having as a basis the values of amplitude and coefficients of variation. The results show greater variation in NNT, PSA, TR, NVP and REND, characters whose range and coefficient of variation values were higher, indicating variability among genotypes for these

**Cuadro 1. Resumen del análisis de varianza (valor de F) de los caracteres en precosecha en el ciclo agrícola de 2012/13.****Table. Summary of the analysis of variance (F value) from the pre-harvest characters during the 2012-2013 agricultural cycle.**

FV	Pre cosecha						
	GL	NNT	PSA	PSR	TR	DIF	CIC
Bloque	2	241.96	12.08 <sup>†</sup>	0.414	35.84	0.83	31.57
Genotipo (G)	33	470.30 <sup>†</sup>	7.10 <sup>†</sup>	0.335	23.25	87.61 <sup>†</sup>	168.80 <sup>†</sup>
Época (E)	1	581.61 <sup>†</sup>	461.18 <sup>†</sup>	0.005	623.46 <sup>†</sup>	26.04 <sup>†</sup>	1707.34 <sup>†</sup>
GxE	33	293.56 <sup>†</sup>	3.59	0.269	37.23 <sup>†</sup>	12.67 <sup>†</sup>	38.57 <sup>†</sup>
Error	133	124.52	2.97	0.254	22.03	3.78	13.74
Media	-	19	4.53	0.59	18.62	42	91
Amplitud	-	99	12.85	6	49.20	14	29
CV (%)	-	58.06	37.97	84.21	25.20	4.58	4.04

<sup>†</sup>Significativo (F;  $p \leq 0.05$ ). NNT: número total de nódulos; PSA: peso seco de la parte aérea (g); PSR: peso seco de la raíz (g); TR: tamaño de la raíz (cm); DIF: número de días para floración; CIC: ciclo de planta ♦ Significant (F;  $p \leq 0.05$ ). NNT: total nodule number; PSA: dry weight of the aboveground plant region (g); PSR: root dry weight; TR: root size (cm); DIF: number of days to flowering; CIC: plant cycle.

promedios o contraste. Entonces, es importante verificar diferencias mínimas y específicas – no globales – entre los tratamientos.

Respecto a la variabilidad existente, los genotipos fueron distintos entre sí para la mayor parte de los caracteres (Cuadro 1 y 2), pero en diferentes magnitudes, teniendo como base los valores de amplitud y los coeficientes de variación. Los resultados muestran mayor variación en los caracteres NNT, PSA, TR,

characters and those of most interest to the breeder may be selected. The ideal type of bean for a breeding program may be a genotype with the highest total nodule number, number of pods per plant and grain yield, better if it shows greater biomass and root size. Results for plant height and cycle may be important, as they show positive and significant correlation with the grain yield and number of nodules (White, 1989; Ulukan *et al.*, 2003; Golparvar *et al.*, 2013).

**Cuadro 2. Resumen del análisis de varianza (valor de F) de los caracteres en poscosecha en el ciclo agrícola de 2012/13.****Table 2. Summary of the analysis of variance (F value) of the post-harvest characteristics during the 2012-2013 agricultural cycle.**

FV	Poscosecha						
	GL	ALT	DIA	NVP	NGV	PCS	REND
Bloque	2	94.95	0.02	7.72	0.26	12.25	28335
Genotipo (G)	33	251.96 <sup>†</sup>	0.09 <sup>†</sup>	6.51	2.22 <sup>†</sup>	444.02 <sup>†</sup>	73707.5
Época (E)	1	4431.83 <sup>†</sup>	0.06 <sup>†</sup>	1381.48 <sup>†</sup>	16.28 <sup>†</sup>	1238.14 <sup>†</sup>	39432011.46 <sup>†</sup>
GxE	33	36.09	0.03	7.88	0.68 <sup>†</sup>	31.87 <sup>†</sup>	63752.4
Error	133	52.34	0.05	7.65	0.45	4.25	62999.3
Media	-	38.6	0.51	8	4	24.82	848.22
Amplitud	-	54.80	0.46	19	4	47.65	1999.16
CV (%)	-	18.74	14.23	35.48	16.14	8.31	29.59

<sup>†</sup>Significativo (F;  $p \leq 0.05$ ). ALT: altura de la planta (cm); DIA: diámetro del tallo (cm); NVP: número de vainas por planta; NVG: número de granos por vaina; PCS: peso de cien semillas (g); REND: rendimiento de granos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ). ♦ Significant (F;  $p \leq 0.05$ ). ALT: plant height (cm); DIA: stem diameter (cm); NVP: number of pods per plant; NVG: number of grains per pod; PCS: weight of 100 seeds (g); REND: grain yield ( $\text{kg ha}^{-1}$ ).

NVP y REND, cuyos valores de amplitud y coeficiente de variación fueron mayores, lo cual indicaría variabilidad entre genotipos para estos caracteres y se puede seleccionar aquellos más interesantes para el mejorador. El tipo ideal para el programa de mejoramiento de frijol puede ser un genotipo con mayor número de nódulos total, número de vainas por planta y rendimiento de granos, mejor si presenta mayor biomasa y tamaño de raíz. Los resultados para altura de la planta y el ciclo pueden ser importantes, pues muestran correlación positiva y significativa con el rendimiento de granos y número de nódulos (White, 1989; Ulukan *et al.*, 2003; Golparvar *et al.*, 2013).

Así, las diferencias fenotípicas entre los genotipos permiten seleccionar los mejores tipos, con mayor número de caracteres de interés agregado. El experimento preliminar de líneas (EPL) es una etapa crucial para un programa de mejoramiento, donde el mejorador puede optar por los materiales más homogéneos, distintos y promisoros, desde una combinación de caracteres de valor agronómico favorables que se pueden evaluar en varios locales en el experimento de valor de cultivo y uso (EVCU). La evaluación del EPL es realizada en un ciclo (cosecha) agrícola y se puede extender a otro, cuando no es posible discriminarlos de manera confiable. En este experimento la evaluación fenotípica de las parcelas de cada genotipo en campo se realizó en dos ciclos de cultivo, con notas que variaron de 1 a 5 (Cuadro 3). Con los resultados se obtuvo el valor medio de cada genotipo evaluado y valor medio general, con las evaluaciones obtenidas en el ciclo agrícola de 2012/13. Así, 10 genotipos fueron considerados promisorios (SM0712, MAF1012, MAF1712, MAF0612, SM0411, MAF1212, SM0211, SM0611, MAF1312 y SM0511), 19 buenos y ninguno fue malo (Cuadro 3). Los genotipos MAF1812 y SM0112, a pesar de no alcanzar el valor para ser considerados promisoros ( $>3$ ), presentan valores mayores a la media general (valores positivos), por lo cual merecen ser destacados. Así, teniendo como base solamente la evaluación fenotípica, los genotipos promisoros podrían avanzar para la próxima etapa en el programa de mejoramiento, ser incluidos en los EVCU, porque los considerados buenos materiales se podrían evaluar de nuevo en el próximo ciclo agrícola. Los malos, de haberlos, podrían ser excluidos a criterio del mejorador.

Sin embargo, la evaluación visual es sólo un indicativo de superioridad. Según Poehlmann (1965)

Thus, the phenotypic differences between genotypes allow us to select the best types, with greater number of characteristics of added interest. The preliminary experiment of breeding lines (EPL) is a crucial stage for a breeding program, where breeders can select the most different, promising and homogeneous materials, since a combination of favorable characters of agronomical value can be evaluated in various localities in the experiment of value in cultivation and use (EVCU). The EPL is assessed during an agricultural cycle (harvest) and may be extended into another, when it is not possible to discriminate them in a reliable way. In this study, phenotypic evaluation of each genotype in the field plots was carried out in two growing cycles, with notes that varied between 1 to 5 (Table 3). With the results each genotype mean value was obtained along with the mean general value, by using the assessments obtained in the 2012-2013 agricultural cycle. Thus, 10 genotypes were considered promising (SM0712, MAF1012, MAF1712, MAF0612, SM0411, MAF1212, SM0211, SM0611, MAF1312 and SM0511), 19 of them were good and none bad (Table 3). Genotypes MAF1812 and SM0112, despite not reaching the value to be considered promising ( $> 3$ ), have values greater than the general average (positive values), which deserve to be highlighted. Thus, taking only the phenotypic evaluation as a basis, promising genotypes could advance to the next stage in the breeding program, be included in the EVCU, because those considered good materials could be evaluated again in the next agricultural cycle. The bad ones, if any, might be excluded according to the breeders criterion.

However, the visual evaluation is only indicative of superiority. According to Poehlmann (1965) and Allard (1999) the improvement is the art and science for genetically modifying plants; it is an art because it depends on the skill of the breeders to select certain plant, and is science because it is based on scientific principles, in this case genetics and statistics. So, it is necessary to validate the phenotypic results from the analysis of means of the characters of interest, mainly those related to grain yield. In that case, only the arithmetic mean may be used (similar to the phenotypic evaluation, but with numbers), validate the means with tests of mean comparison (SNK, Tukey) and use the BLUP to estimate the genotypic values.

y Allard (1999), el mejoramiento es el arte y la ciencia de modificar genéticamente las plantas; es arte porque depende de la habilidad del mejorador al seleccionar determinada planta, y ciencia por tener como base los fundamentos científicos, en este caso genética y estadística. Entonces, es necesario validar los resultados fenotípicos a partir del análisis de las medias de los caracteres de interés, principalmente los relacionados con el rendimiento de granos. En ese caso, se puede usar sólo la media aritmética (similar a la evaluación fenotípica, pero con números), validar las medias con aplicación de prueba de comparación de medias, (SNK, Tukey) y usar BLUP para estimar los valores genotípicos.

En la evaluación de las medias cursiva *per se* pueden usar los valores de los testigos como criterio y el valor medio general. En la evaluación conjunta de los datos y mediante la prueba de comparación de medias (Cuadro 4 y 5), los grupos de genotipos con mayores medias para cada característica fueron: SM2310 y SM0112 (número total de nódulos); SM1210 (peso seco aéreo); MAF1512 (peso seco de raíz), SM0512 (tamaño de la raíz), SM0512, MAF1612 y SM0212 (ciclo de la planta) (Cuadro 4); Pérola, SM0211 y MAF1612 (altura de la planta); FEPAGRO26 (diámetro del tallo), SM0211, MAF1612, Pérola, SM0311, SM1510 y MAF1712 (número de granos por vaina); Ouro Branco y SM2310 (peso de cien semillas); y SM0212 y MAF0612 (rendimiento de granos) (Cuadro 5).

La interpretación de los resultados requiere práctica y en algunos casos es difícil de visualizar, pues los datos se sobreponen. Pero, es una evaluación fundamental para inferir de modo conciso sobre los datos obtenidos y es un complemento de la evaluación fenotípica. Al confrontar los resultados de la evaluación fenotípica (Cuadro 3) con el promedio (Cuadros 4 y 5), se observa que algunos genotipos son promisoros en ambas evaluaciones (ejemplo, el genotipo MAF0612 fue promisor en ambas para el carácter rendimiento de grano). Pero, otros considerados promisoros fenotípicamente no obtuvieron promedios mayores para los caracteres de interés o viceversa (ejemplo, el genotipo SM0512 fue promisor en el promedio para el carácter rendimiento de grano, pero no fue promisor fenotípicamente). Algunos caracteres sólo se pueden evaluar después de la cosecha, como el número de granos por vainas, peso de semillas, etc. Así, no siempre los genotipos evalua-

**Cuadro 3. Valor fenotípico basado en notas visuales para 29 líneas de frijol evaluadas en el experimento preliminar de rendimiento (EPL) de frijol en el ciclo agrícola de 2012/13.**

**Table 3. Phenotypic value based on visual notes for 29 common bean lines evaluated in the preliminary experiment of performance (EPL) of beans during the 2012-2013 agricultural cycle.**

Genotipos	Notas <sup>†</sup>			Valor <sup>‡</sup>
	1° Ciclo	2° Ciclo	Promedio	
SM0712	4.70	4.70	4.70	+
MAF1012	4.00	4.00	4.00	+
MAF1712	3.70	4.30	4.00	+
MAF0612	3.30	4.00	3.70	+
SM0411	4.00	3.30	3.70	+
MAF1212	4.00	2.70	3.30	+
SM0211	3.70	3.00	3.30	+
SM0611	3.70	3.00	3.30	+
MAF1312	3.70	2.70	3.20	+
SM0511	2.00	4.30	3.20	+
MAF1812	2.70	3.30	3.00	+
SM0112	2.30	3.70	3.00	+
MAF1112	3.00	2.70	2.80	-
MAF1612	3.00	2.70	2.80	-
MAF1512	3.30	2.00	2.70	-
SM2310	2.00	3.30	2.70	-
SM2410	2.30	3.00	2.70	-
MAF1412	2.70	2.30	2.50	-
SM0111	2.70	2.30	2.50	-
SM0212	2.00	3.00	2.50	-
SM0412	2.70	2.30	2.50	-
SM1210	3.00	2.00	2.50	-
SM0612	2.30	2.30	2.30	-
SM1410	2.00	2.70	2.30	-
SM1510	2.00	2.70	2.30	-
MAF0812	2.30	2.00	2.20	-
SM0311	2.00	2.30	2.20	-
SM0312	2.30	2.00	2.20	-
SM0512	2.30	2.00	2.20	-
Media general	2.9	2.9	2.9	

<sup>†</sup><2: malo; 2≤3: bueno; >3: promisor ♦ <2: bad; 2≤3: good; >3: promising.

<sup>‡</sup>Valores positivos: por encima de la media general; valores negativos: abajo de la media general ♦ Positive values: above the general average; negative values: down the general mean.

Means assessment *per se* can use the values of the controls as the criteria and the overall average value may be used. In the joint assessment of the data and using the means comparison test (Table 4 and 5), the groups of genotypes with highest averages for each trait were: SM2310 and SM0112 (total number of



**Cuadro 4. Valores promedio de los caracteres precosecha evaluados a partir de 34 genotipos de frijol en el 1<sup>er</sup> y el 2<sup>o</sup> ciclos de cultivo.****Table 4. Mean values of the characteristics pre-harvest evaluated from 34 common bean genotypes in the 1st and 2nd cycles of cultivation.**

Genotipos	NNT	PSA	PSR	TR	DIF	CIC
Fepagro26	19.23bc	5.04ab	0.67b	18.87ab	45.00a	95.00abcde
Iraí	21.20bc	3.08ab	0.34b	16.87ab	34.50b	74.50j
MAF0612	20.86bc	3.62ab	0.52b	18.00ab	43.33a	95.00abcde
MAF0812	17.43bc	4.86ab	0.55b	18.47ab	45.00a	93.17abcdef
MAF1012	21.55bc	5.48ab	0.68b	18.70ab	43.33a	88.33defg
MAF1112	11.98c	5.53ab	0.57b	17.87ab	45.00a	94.00abcde
MAF1212	17.83bc	4.77ab	0.54b	17.27ab	45.00a	96.60abcd
MAF1312	15.93c	5.88ab	0.79b	20.10ab	45.00a	96.00abcd
MAF1412	9.70c	4.75ab	0.60b	18.63ab	45.00a	92.50abcdefg
MAF1512	16.43c	6.03ab	1.66a	20.23ab	45.00a	92.00abcdefg
MAF1612	14.90c	4.92ab	0.52b	19.60ab	44.17a	98.33ab
MAF1712	11.93c	4.70ab	0.51b	20.08ab	45.00a	94.17abcde
MAF1812	18.97bc	3.26ab	0.44b	17.70ab	43.00a	95.67abcd
O. Branco	30.17bc	3.63ab	0.52b	17.47ab	34.50b	87.00efg
Pérola	14.07c	5.18ab	1.05b	18.33ab	45.00a	96.00abcd
SM0111	14.50c	6.20ab	0.84b	19.07ab	45.00a	93.50abcdef
SM0112	39.93b	3.56ab	0.55b	18.73ab	34.50b	86.00fgh
SM0211	18.53bc	5.42ab	0.46b	18.80ab	45.50a	96.67abcd
SM0212	15.87c	4.69ab	0.75b	16.67ab	43.00a	97.75abc
SM0311	12.27c	4.27ab	0.46b	20.37ab	45.00a	91.50abcdef
SM0312	17.70bc	4.41ab	0.57b	17.63ab	45.00a	93.50abcdef
SM0411	12.17c	2.97b	0.38b	16.13ab	36.17b	77.17ij
SM0412	22.73bc	4.40ab	0.46b	19.93ab	45.00a	89.67bcdefg
SM0511	25.13bc	3.21ab	0.37b	17.87ab	34.50b	85.67gh
SM0512	19.87bc	4.05ab	0.47b	25.90a	43.50a	98.75a
SM0611	24.67bc	4.94ab	0.71b	21.67ab	41.50a	93.67abcdef
SM0612	16.63c	5.51ab	0.67b	19.17ab	45.00a	94.83abcde
SM0712	21.53bc	5.97ab	0.64b	18.57ab	42.50a	89.50cdefg
SM1210	19.17bc	6.83a	0.61b	20.13ab	45.00a	94.83abcde
SM1410	9.02c	4.07ab	0.51b	13.50b	42.50a	96.60abcd
SM1510	10.13c	4.69ab	0.60b	18.13ab	45.00a	94.60abcde
SM2310	55.57a	2.75b	0.49b	18.17ab	37.00b	93.20abcdefg
SM2410	14.17c	2.50b	0.39b	16.94ab	36.17b	80.67hi
Supremo	22.08bc	2.97b	0.44b	17.68ab	43.00a	94.33abcde
Media	19.22	4.53	0.60	18.62	42.43	92.08

Medias con distinta letra en una columna son estadísticamente diferentes (SNK;  $p \leq 0.05$ ). NNT: número total de nódulos; PSA: peso seco de la parte aérea (g); PSR: peso seco de la raíz (g); TR: tamaño de la raíz (cm); DIF: número de días para floración; CIC: ciclo de planta ♦ Means with different letter in a column are statistically different (SNK;  $p \leq 0.05$ ). NNT: total number of nodules; PSA: dry weight of the aboveground plant tissue (g); PSR: root dry weight (g); TR: root size (cm); DIF: number of days to flowering; CIC: of plant cycle.

dos en campo son los mejores, porque el único criterio es la evaluación visual. En ese caso el mejorador debe usar los análisis más detallados, antes de incluir o excluir genotipos de los ensayos de evaluación.

Una herramienta disponible para el mejorador es la predicción de los valores genotípicos, que asocia

nodules); SM1210 (dry weight of aboveground plant tissue); MAF1512 (root dry weight), SM0512 (root size), SM0512, MAF1612 and SM0212 (the plant cycle) (Table 4); Pérola, SM0211 and MAF1612 (plant height); FEPAGRO26 (diameter of the stem), SM0211, MAF1612, Pérola, SM0311, SM1510 and

**Cuadro 5. Valores promedio de los caracteres poscosecha evaluados después de la cosecha a partir de 34 genotipos de frijol en el 1<sup>er</sup> y el 2<sup>o</sup> ciclos de cultivo.****Table 5. Mean values of the post-harvest characters evaluated from 34 genotypes of common bean in the 1st and 2nd cycles of cultivation.**

Genotipos	ALT	DIA	NVP	NGV	PCS	REND
Fepagro26	38.77bcd	0.62a	9.67a	4.67abc	16.72k	1159.26abc
Iraí	38.00bcd	0.51ab	10.50a	3.00d	35.70e	734.21abc
MAF0612	37.63bcd	0.51ab	7.50a	4.50abc	18.72ijk	1221.29a
MAF0812	33.73bcd	0.50ab	7.33a	4.50abc	21.03ghij	882.31abc
MAF1012	37.73bcd	0.54ab	8.00a	3.83abcd	21.43ghij	845.51abc
MAF1112	38.17bcd	0.52ab	8.17a	4.00abcd	23.06ghi	983.61abc
MAF1212	36.17bcd	0.47ab	8.00a	3.67abcd	19.63hijk	776.22abc
MAF1312	38.47bcd	0.51ab	7.67a	4.17abcd	21.75ghij	975.51abc
MAF1412	33.77bcd	0.53ab	8.33a	4.33abcd	20.04hijk	881.48abc
MAF1512	33.90bcd	0.56ab	9.17a	4.50abc	20.43ghijk	813.52abc
MAF1612	48.70b	0.50ab	7.67a	5.00ab	18.37jk	687.18abc
MAF1712	35.67bcd	0.45b	6.50a	4.83abc	18.93ijk	891.11abc
MAF1812	37.80bcd	0.49ab	7.00a	4.67abc	19.06ijk	672.84bc
O. Branco	36.32bcd	0.56ab	8.00a	3.20d	49.11a	1032.15abc
Pérola	60.96a	0.45ab	6.80a	5.00ab	22.85ghi	1007.22abc
SM0111	34.50bcd	0.54ab	7.00a	4.33abcd	20.37ghijk	737.96abc
SM0112	47.60cb	0.45b	7.67a	3.50bcd	30.09f	801.94abc
SM0211	59.87a	0.46ab	7.50a	5.17a	19.22ijk	713.70abc
SM0212	42.64bcd	0.53ab	8.00a	4.20abcd	24.56g	1284.03a
SM0311	31.83cd	0.55ab	8.83a	5.00ab	16.65k	863.72abc
SM0312	34.50bcd	0.51ab	6.83a	4.17abcd	21.12ghij	754.44abc
SM0411	36.07bcd	0.53ab	6.33a	3.17d	45.86b	684.12abc
SM0412	40.20bcd	0.49ab	8.83a	3.83abcd	21.15ghij	634.58bc
SM0511	30.01cd	0.48ab	7.00a	3.17abcd	39.41d	743.84abc
SM0512	39.04bcd	0.44b	6.60a	4.60abc	20.76ghijk	1111.60abc
SM0611	35.20bcd	0.52ab	6.17a	4.33abcd	22.24ghij	921.39abc
SM0612	31.60d	0.48ab	8.33a	4.17abcd	23.14ghi	849.30abc
SM0712	43.00bcd	0.55ab	8.50a	4.17abcd	23.85gh	1084.63abc
SM1210	37.29bcd	0.57ab	9.17a	4.50abc	20.55ghijk	733.61abc
SM1410	38.52bcd	0.51ab	8.00a	3.80abcd	20.91ghijk	684.55abc
SM1510	34.00bcd	0.54ab	7.20a	5.00ab	20.24ghijk	969.94abc
SM2310	35.96bcd	0.44b	7.60a	3.00d	48.58a	978.50abc
SM2410	35.73bcd	0.55ab	8.33a	3.17d	42.03c	590.97c
Supremo	43.70bcd	0.55ab	6.00a	4.50abc	18.71ijk	799.81abc
Media	38.74	0.51	7.77	4.17	24.89	867.82

Medias con distinta letra en una columna son estadísticamente diferentes (SNK;  $p \leq 0.05$ ). ALT: altura de la planta (cm); DIA: diámetro del tallo (cm); NVP: número de vainas por planta; NVG: número de granos por vaina; PCS: peso de cien semillas (g); REND: rendimiento de granos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) ♦ Means with different letter in a column are statistically different (SNK;  $p \leq 0.05$ ). ALT: plant height (cm); DIA: stem diameter (cm); NVP: number of pods per plant; NVG: number of grains per pod; PCS: weight of 100 seeds (g); REND: grain yield ( $\text{kg ha}^{-1}$ ).

los valores de las medias con el valor del genotipo *per se*. La estimación de los valores genotípicos mediante BLUP puede ser un método importante en la orientación de los programas de mejoramiento, pues permite predecir valores genéticos sin las influencias del ambiente (Chiorato *et al.*, 2008). Según Bhering *et*

MAF1712 (number of grains per pod); Ouro Branco and SM2310 (weight of 100 seeds); and SM0212 and MAF0612 (grain yield) (Table 5).

The interpretation of the results requires practice and in some cases it is difficult to visualize it, because data are superposed. But, it is a fundamental

*al.* (2012), el uso de criterios de selección que permitan la predicción de las ganancias genéticas orienta, de manera eficaz, el proceso de mejoramiento porque posibilita la previsión de los resultados de los esquemas adoptados y la toma de decisión con base en datos científicos.

Con la inferencia genotípica ( $m + BLUP$ ) es posible observar cuales genotipos presentan valores positivos en relación a la media para las características deseadas. Si el interés del mejorador es el de plantas con ciclo corto, se pueden escoger genotipos con predicción negativa, pero si el objetivo es de plantas de mayor altura, los genotipos con predicción positiva tienen prioridad. Además, el mejorador puede cruzar la información de los valores fenotípicas, de medias y genotípicas para perfeccionar la inferencia y selección o descarte de genotipos. Entender los factores que constituyen el fenotipo puede tener importancia fundamental para los programas de mejoramiento, porque permite al mejorador seleccionar individuos en función de los mayores valores genéticos predichos (Bertoldo *et al.*, 2009).

El valor genotípico se puede obtener de los valores obtenidos, sumando el valor medio del genotipo al valor del BLUP. Para el carácter rendimiento de granos, por ejemplo, el genotipo FEPAGRO 26 tuvo media de 1159.26 kg ha<sup>-1</sup> y predicción de -12.00, y por tanto el valor predicho fue 1147.26 kg ha<sup>-1</sup> (Cuadro 6). Al realizar el mismo procedimiento para todos los genotipos, se observan aquellos genotipos con mayores o menores valores para los caracteres evaluados. Así, algunos genotipos presentaron valores mayores a la media general (con mayor valor predicho) y otros abajo (con menor valor predicho). Y con más rigor, se puede seleccionar los genotipos con valor genotípico por encima de la media general y con valores predichos positivos. Así, para el carácter rendimiento de granos, 15 genotipos fueron superiores: MAF0812, MAF1012, MAF1112, MAF1312, MAF1412, MAF1712, Pérola, SM0212, SM0311, SM0512, SM0611, SM0612, SM0712, SM1510 y SM2310 (Cuadro 6).

Al realizar los mismos procedimientos para el carácter número total de nódulos, 10 genotipos obtuvieron valores genotípicos mayores a la media general: SM2310, SM0212, Ouro Branco, SM0611, SM0412, SM0712, SM0612, Iraí, MAF0612 y MAF1012 (datos no presentados). Para los demás caracteres, 18, 13, 14 y 12 genotipos fueron considerados superiores para peso seco de la parte aérea, altura

evaluación to infer concisely on the data obtained and is a complement to the phenotypic evaluation. When the results of the phenotypic evaluation are compared (Table 3) with the mean (Table 4 and 5), it is observed that some genotypes are promising in both evaluations (*e.g.*, genotype MAF0612 was promising in both of them for the grain yield character). But other genotypes considered phenotypically promising did not obtain higher averages for the characters of interest or vice versa. But other specificities considered phenotypically not obtaining higher averages for the characters of interest or *vice versa* (*e.g.*, genotype SM0512 was promising on the mean of the grain yield character, but it was not phenotypically promising). Some characters can only be evaluated after harvest, in contrast with the number of grains per pods, seed weight, among others. Thus, genotypes evaluated in field are not always the best, because the sole criterion is the visual assessment. In that case, breeders should use more detailed analyses, before including or excluding genotypes on the assessment tests.

An available tool for the breeders is the prediction of the genotypic values, which associates mean values with the genotype value *per se*. The estimation of the genotypic values through BLUP may be an important method in the direction of breeding programs, because it allows the prediction of the genetic values without the influences of the environment (Chiorato *et al.*, 2008). According to Bhering *et al.* (2012) the use of selection criteria that enable the prediction of genetic gains directs, effectively, the improvement process because it allows for the forecast of the results of the adopted schemes and take the decision based on scientific data.

With the genotypic inference ( $m + BLUP$ ) it is possible to observe which genotypes have positive values in relation to the mean for the desired characteristics. If the interest of the breeders is short-cycle plants, genotypes with negative forecast can be selected, but if the objective is higher plants, genotypes with positive prediction would be prioritized. In addition, breeders can cross the information of the phenotypic values, means and genotypes to perfect the inference and selection or genotypes screening. Understanding factors that constitute the phenotype may be of fundamental importance to breeding programs, because it allows breeders to select individuals on the basis of the highest predicted genetic values (Bertoldo *et al.*, 2009).

**Cuadro 6. Promedios, BLUP y valores genotípicos (promedios general + BLUP) para el carácter rendimiento de granos para 34 genotipos de frijol evaluados en 1° y 2° ciclos de cultivo.**

**Table 6. Mean values, BLUP and genotypic values (mean + BLUP) for the grain yield character of 34 common bean genotypes evaluated in the 1st and 2nd agricultural cycles.**

Genotipos	Rendimiento de granos (promedio general 848 kg ha <sup>-1</sup> )	
	BLUP	Valor genotípico
Fepagro 26	-12.00	836.00
Iraí	-10.60	837.40
MAF0612	-5.98	842.02
MAF0812	15.57	863.57
MAF1012	9.07	857.07
MAF1112	14.77	862.77
MAF1212	-16.79	831.21
MAF1312	32.04	880.04
MAF1412	15.43	863.43
MAF1512	3.42	851.42
MAF1612	-18.91	829.09
MAF1712	17.13	865.13
MAF1812	-21.44	826.56
O. Branco	-1.80	846.2
Pérola	17.01	865.01
SM0111	-9.93	838.07
SM0112	1.37	849.37
SM0211	-14.22	833.78
SM0212	31.02	879.02
SM0311	-4.02	843.98
SM0312	-7.02	840.98
SM0411	-19.45	828.55
SM0412	-28.20	819.8
SM0511	-8.89	839.11
SM0512	8.59	856.59
SM0611	22.48	870.48
SM0612	9.74	857.74
SM0712	51.32	899.32
SM1210	-10.70	837.3
SM1410	-32.14	815.86
SM1510	11.81	859.81
SM2310	12.35	860.35
SM2410	-35.91	812.09

de la planta, número de granos por vaina y peso de cien semillas, respectivamente. Para el carácter altura de la planta fueron considerados genotipos superiores aquellos con valor mayores a la media, pues el interés del programa de mejoramiento son plantas con mayor altura.

Además de la estimación de los valores fenotípicos, de las medias y de los valores genotípicos, la

The genotypic value can be obtained adding the mean value of the genotype to the BLUP value. For the grain yield character, for example, the FEPAGRO 26 genotype had average of 1159.26 kg ha<sup>-1</sup> and predicted -12.00, and therefore the predicted value was of 1147.26 kg ha<sup>-1</sup> (Table 6). When performing the same procedure for all genotypes, those genotypes with higher or lower values for the characters evaluated are observed. Thus, some genotypes showed higher values than the general mean (with higher predicted value) and others showed lower than it (with lesser predicted value). Genotypes with genotypic values above the general mean value and positive predicted values can be thoroughly selected. Thus, for the of grain yield character 15 genotypes were higher: MAF0812, MAF1012, MAF1112, MAF1312, MAF1412, MAF1712, Pérola, SM0212, SM0311, SM0512, SM0611, SM0612, SM0712, SM1510 and SM2310 (Table 6).

When the same procedures were performed for the total number of nodules character, 10 genotypes obtained genotypic values greater than the general mean: SM2310, SM0212, Ouro Branco, SM0611, SM0412, SM0712, SM0612, Iraí, MAF0612 and MAF1012 (data not shown). Genotypes 18, 13, 14 and 12 were considered superior for the dry weight of the aboveground plant, plant height, number of grains for pod and 100-seed weight, respectively. For the plant height character, genotypes with higher than the average value were considered superior, because the breeding program interest are taller plants.

In addition to the assessment of the phenotypic values, the means and genotypic values, the correlation between characters is relevant information that may facilitate the taking decision process to breeders. If due to lack of manpower and available time it is not possible to evaluate with detail all characters, then the indirect correlation values may be used. Studies of correlated characters are important in breeding programs, mainly in programs of highly segregating generations (Kurek *et al.*, 2001). Indirect selection is important for breeding programs, especially if the selection based on the main character presents difficulties (Cruz *et al.*, 2004).

The grains yield character (REND) had positive and significant correlation with the majority of the characters (Table 7), with the exception of the total number of nodules (NNT), root dry weight (PSR) and days to flowering (DIF). The aboveground plant

correlación entre los caracteres es información pertinente y que puede facilitar la decisión al mejorador. Si debido a falta de mano de obra y tiempo disponible no siempre es posible evaluar con detalle todos los caracteres, entonces se puede usar indirectamente los valores de la correlación. Los estudios de caracteres correlacionados son importantes en los programas de mejoramiento, principalmente en generaciones altamente segregantes (Kurek *et al.*, 2001). La selección indirecta es importante para los programas de mejoramiento, en especial si la selección con base en el carácter principal presenta dificultades (Cruz *et al.*, 2004).

El carácter rendimiento de granos (REND) presentó correlación positiva y significativa para la mayoría de los caracteres (Cuadro 7), con excepción del número total de nódulos (NNT), peso seco de la raíz (PSR) y días para floración (DIF). El carácter peso seco de la parte aérea (PSA) destaca porque obtuvo correlación positiva y significativa con todos los caracteres, excepto peso de cien semillas (PCS). El carácter número total de nódulos presentó correlación con los caracteres evaluados en pocos casos, pero la correlación fue positiva y significativa para tamaño de da raíz y negativa y significativa para días para floración (Cuadro 7). La correlación entre los carac-

tissue dry weight character (PSA) stands out because its positive and significant correlation with all characters, but the weight of 100 seeds (PCS). The total number of nodules showed limited correlations with the other characters evaluated, but correlation was positive and significant with root size and negative and significant regard days to flowering (Table 7). The significant correlation between characters and grain yield may benefit the breeders and particularly the phenotypic evaluation in this case. If breeders choose genotypes with greater biomass, height, cycle and number of pods, they might get higher yields. All of these characters can be directly evaluated in field; however, the correlations are only an indicator of general behavior, because it is not always evident for all genotypes. Therefore, the breeder must cross phenotypic values with the genotypes as often as it is possible.

In the final results, from the information crossing obtained, the decision was that the MAF0612, MAF1312, SM0512, SM0712 (black), MAF1012, MAF1712, SM0212, SM0611 (cariocas), SM2310 (white), MAF1612, SM0411 and SM0112 (others) genotypes may be included in experiments of cultivation value and use (VCU). Others will be reevaluated in a preliminary lines experiment in the next cycle.

**Cuadro 7. Resultados del análisis de correlación de Pearson para 13 caracteres agronómicos de frijol.**  
**Table 7. Results of the Pearson correlation for 13 agronomic characteristics in common bean.**

	NNT	PSA	PSR	TR	DIF	CIC	ALT	DIA	NLP	NGL	PCS	REND
NNT	-	-0.09481	-0.03947	0.14823 <sup>‡</sup>	-0.36950 <sup>‡</sup>	-0.04477	-0.00136	-0.05547	-0.03518	-0.17406 <sup>‡</sup>	0.11685	-0.12380
PSA		-	0.28240 <sup>‡</sup>	0.58759 <sup>‡</sup>	0.21594 <sup>‡</sup>	0.46761 <sup>‡</sup>	0.38703 <sup>‡</sup>	0.21960 <sup>‡</sup>	0.51525 <sup>‡</sup>	0.34317 <sup>‡</sup>	-0.11285	0.59097 <sup>‡</sup>
PSR			-	0.12882	0.11925	0.09577	0.05062	0.09993	0.05863	0.05027	-0.14986 <sup>‡</sup>	0.02902
CPR				-	-0.02523	0.28640 <sup>‡</sup>	0.18363 <sup>‡</sup>	0.04415	0.28434 <sup>‡</sup>	0.17332 <sup>‡</sup>	-0.06628	0.31079 <sup>‡</sup>
DIF					-	0.42048 <sup>‡</sup>	0.02697	0.00296	-0.09778	0.42425 <sup>‡</sup>	-0.67656 <sup>‡</sup>	0.00058
CIC						-	0.24413	-0.05328 <sup>‡</sup>	0.27386 <sup>‡</sup>	0.49919 <sup>‡</sup>	-0.41076 <sup>‡</sup>	0.43123 <sup>‡</sup>
ALT							-	0.29711 <sup>‡</sup>	0.49303 <sup>‡</sup>	0.34082 <sup>‡</sup>	0.04771	0.50688 <sup>‡</sup>
DIA								-	0.57125 <sup>‡</sup>	0.27763 <sup>‡</sup>	0.03160	0.30109 <sup>‡</sup>
NVP									-	0.24808 <sup>‡</sup>	0.15708 <sup>‡</sup>	0.69235 <sup>‡</sup>
NGV										-	-0.45119 <sup>‡</sup>	0.34839 <sup>‡</sup>
PCS											-	0.22921 <sup>‡</sup>
REND												-

<sup>‡</sup>significativo (F; p≤0.05). NNT: número total de nódulos; PSA: peso seco de la parte aérea (g); PSR: peso seco de la raíz (g); TR: tamaño de la raíz (cm); DIF: número de días para floración; CIC: ciclo de planta; ALT: altura de la planta (cm); DIA: diámetro del tallo (cm); NVP: número de vainas por planta; NVG: número de granos por vaina; PCS: peso de cien semillas (g); REND: rendimiento de granos (kg ha<sup>-1</sup>) \* <sup>‡</sup>Significant (F; p≤0.05). NNT: total number of nodules; PSA: dry weight of the aboveground plant (g); PSR: dry root weight (g); TR: root size (cm); DIF: number of days to flowering; CIC: plant cycle; ALT: plant height (cm); DIA: stem diameter (cm); NVP: number of pods per plant; NVG: number of grains per pod; PCS: weight of 100 seeds (g); REND: grain yield (kg ha<sup>-1</sup>).

teres y el rendimiento de granos puede beneficiar al mejorador y en este caso en la evaluación fenotípica principalmente. Si él optara por genotipos con mayor biomasa, altura, ciclo y número de vainas, se pueden obtener mayores rendimientos. Todas estas características pueden ser evaluadas directamente en campo; sin embargo, la correlación es sólo un indicador del comportamiento general, pues no siempre es pronunciada para todos los genotipos. Por lo tanto, el mejorador debe cruzar los valores fenotípicos con los genotipos las veces que sea posible.

En los resultados finales, a partir del cruzamiento de toda la información obtenida, la decisión fue que los genotipos MAF0612, MAF1312, SM0512, SM0712 (negros), MAF1012, MAF1712, SM0212, SM0611, (cariocas), SM2310 (blanco), MAF1612, SM0411 y SM0112 (otros), se podrán incluir en experimentos de valor de cultivo y uso (VCU). Los demás serán reevaluados en un experimento preliminar de líneas en el próximo ciclo.

## CONCLUSIONES

La evaluación conjunta de los valores fenotípicos y genotípicos permitió mejores inferencias y precisiones en la selección de las líneas que se deben incluir en experimentos de valor de cultivo y uso. El criterio de selección de los genotipos superiores o inferiores debe basarse en la combinación de los resultados observados en campo (evaluaciones visuales), los promedios de los valores fenotípicos de los genotipos (valores fenotípicos) y los valores genotípicos estimados con el interés del mejorador. De las 29 líneas evaluadas, 12 fueron consideradas aptas para avanzar para los experimentos de valor de cultivo.

## AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS) y a Financiadora de Estudos e Projetos (FINEP) por los apoyos otorgados en esta investigación.

## LITERATURA CITADA

- Allard, R. W. 1999. Principles of Plant Breeding. 2ª. ed. John Wiley & Sons. New York. 264 p.
- Bertoldo, J. G., F. Rocha, J. L. M. Coimbra, D. Zitterell, e V. F. Grah. 2007. Teste de comparação de médias: dificuldades e acertos em artigos científicos. Rev. Bras. Agric. 13(4): 441-447

## CONCLUSIONS

Joint evaluation of the phenotypic and genotypic values allowed best inferences and refinements in the selection of lines that should be included in trials of cultivation value and use. Criteria for selection of the higher or lower genotypes should be based on the combination of the results observed on field (visual assessment), average phenotypic values (phenotypic values) of genotypes and genotypic values estimated with the breeders interests. Among the 29 evaluated lines, 12 were considered suitable to advance to the value of crop trials.

—End of the English version—



- Bertoldo, J. G., J. L. M. Coimbra, A. F. Guidolin, R. O. Nodari, H. T. Elias, L. D. Barili, N. M. Vale e D. S. Rozzetto. 2009. Rendimento de grãos em feijão preto: o componente que mais interfere no valor fenotípico é o ambiente. Ciencia Rural 39: 1974-1982.
- Bhering, L. L., B. G. Laviola, C. C. Salgado, C. F. Barrera-Sanchez, T. B. Rosado, and A. A. Alves. 2012. Genetic gains in physic nut using selection indexes. Pesq. Agropec. Bras. 47: 402-408.
- Chiorato, A. F., S. A. M. Carbonell, L. A. S. Dias, and M. D. V. Resende. 2008. Prediction of genotypic values and estimation of genetic parameters in common bean. Braz. Arch. Biol. Technol. 51: 465-472.
- Comissão Técnica Sul-brasileira de Feijão. 2010. Informações técnicas para o cultivo do feijão na Região Sul brasileira 2009. Florianópolis: Epagri. 163 p.
- Cruz, C. D., A. J. Regazzi, e P. C. S Carneiro. 2004. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3. ed. Ed. UFV. Viçosa 1: 480.
- Cruz, C. D. 2008. Programa Genes - Diversidade Genética. 1. ed. UFV, Viçosa, Brasil. 648 p.
- Golparvar, A. R., A. Shenavar, and H. Beheshtizadeh. 2013. Efficiency of indirect selection to improve nitrogen fixation biologically in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions. Tech. J. Engin. & App. Sc. 3(23): 3429-3432.
- Hardarson, G. 1993. Methods for enhancing symbiotic nitrogen fixation. Plant Soil. 152: 1-17.
- Harville, D. A. 1977. Maximum likelihood approaches to variances component estimation and to relate problems. J. Am. Stat. Assoc. 72(3): 320-340, 1977.
- Herridge, D. F., and I. Rose. 2000. Breeding for enhanced nitrogen fixation in crop legumes. Field Crop. Res. 65(2/3): 229-248.
- Kurek, A. J., F. I. F. Carvalho, I. C. Assmann, V. S. Marchioro, e P. J. Cruz. 2001. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. Rev. Bras. Agrociência 7(01): 29-32.

- Moura, M. M., P. C. S. Carneiro, J. E. S. Carneiro, e C. D. Cruz. 2013. Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão. *Pesq. Agropec. Bras.* 48(4): 417-425.
- Patterson, H. D., and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58(3): 545-554.
- Poehlmann, J. M. 1965. Mejoramiento Genético de las Cosechas. Limusa. México D. F. 453p.
- Ramirez-Vallejo, P., and J. D. Kelly. 1998. Traits related to drought resistance in common bean. *Euphytica* 99: 27-136.
- Resende M., D. V. 2002. Software SELEGEN-REML/BLUP. (Documentos 77) Embrapa Floresta, Colombo. 67 p.
- Robinson, G. K. 1991. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. *Stat. Sci.* 6(1): 15-51.
- Searle, S., Casella G., McCulloch C. E. 1992. *Variance components*. New York: John Wiley. 501p.
- Ulukan, H., M. Guler, and S. Keskin. 2003. A path coefficient analysis some yield and yield components in faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes. *Pak. J. Bio. Sci.* 6(23): 1951-1955.
- White, J. W. 1989. Aspectos fisiológicos de la precocidad en el frijol común. *In: Beebe, S. (ed). Temas Actuales en Mejoramiento Genético del Frijol Común*. Programa de Frijol, CIAT; Cali, Colombia. 47: 465.