

ESCOLHA DE GENITORES CONTRASTANTES PARA COMPOR O BLOCO DE CRUZAMENTOS DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO

CHOICE OF PARENTS COMPOSING FOR CONTRASTING BLOCK CROSSING OF COMMON BEAN GENOTYPES

Leiri Daiane Barili¹, Naine Martins do Vale¹, Bruna Arruda², Diego Toaldo¹, Fabiani da Rocha¹, Jefferson Luís Meirelles Coimbra^{3*}, Juliano Garcia Bertoldo⁴, Altamir Frederico Guidolin³.

RESUMO

O objetivo deste estudo foi avaliar a divergência genética entre 16 genótipos de feijão do grupo preto oriundos do Ensaio de Valor de Cultivo e Uso, no município de Lages-SC, nas safras agrícolas de 2006/07 e 2007/08. Utilizou-se análise multivariada dos coeficientes canônicos e da distância generalizada de Mahalanobis para promover o agrupamento e direcionar os cruzamentos entre plantas, e desta forma compor o bloco de cruzamentos. Os genótipos foram avaliados em delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições em dois anos de cultivo. As características agrônomicas com maior contribuição relativa para divergência genética (representando 89%) foram massa de mil grãos (MMG) e o número de dias para o florescimento (NDF), indicando que os mesmos devem ser priorizados em programas de melhoramento. Os genótipos AN 9021332, Diamante Negro, CHP 9726 e BRS Valente foram os mais dissimilares comparativamente com os outros doze genótipos, sendo assim, estes genótipos devem ser incorporados no bloco de cruzamento. Os resultados obtidos no presente trabalho permitiram caracterizar possíveis genótipos para serem utilizados em cruzamentos dirigidos. Sendo assim, as hibridações que devem ser priorizadas são: i) AN 9021332 x IAPAR 44; ii) AN 9021332 x Diamante Negro; iii) AN 9021332 x CHP9726; e iv) AN 9021332 x BRS VALENTE, visando à obtenção segregantes transgressivos.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., variabilidade genética, Mahalanobis (D^2), caracteres agrônomicos, variáveis canônicas.

ABSTRACT

The objective of this study was to evaluate the genetic divergence among 16 black bean genotypes from VCU (Cultivation Value and Use), from Lages-SC. Were used the multivariate analysis of the canonical coefficients and the Mahalanobis distance to group and direct the bean breeding. The genotypes were tested using a randomized block design, with four repetitions, in the growing seasons of 2006/07 and 2007/08. The agronomic traits with larger relative contribution for genetic divergence (representing 89%) were weight of a thousand grains (MMG) and number of days for the flowers (NDF), indicating that they should be prioritized in bean breeding programs. The AN 9021332, Diamante Negro, CHP 9726 and BRS Valente were the most dissimilar among all evaluated genotypes. Thus, they should be incorporated in the crossing block in order to be used in driven crossing studies. The following hybridizations should be prioritized to obtain breaking segregating: i) AN 9021332 x IAPAR 44; ii) AN 9021332 x Diamante Negro; iii) AN 9021332 x CHP9726 and; iv) AN 9021332 x BRS Valente.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L., genetic variability, Mahalanobis (D^2), agronomic traits, canonical variables.

INTRODUÇÃO

O cultivo do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é realizado em praticamente todos os estados brasileiros e em todos os meses do ano, acarretando em uma dezena de cenários aos quais a cultura é

¹ Engenheiro(a) Agrônomo(a), Aluno(a) de Mestrado em Produção Vegetal da Universidade do Estado de Santa Catarina- UDESC do Centro de Ciências Agroveterinárias-CAV pertencente ao Instituto de Melhoramento e Genética Molecular-IMEGEM.

² Aluna do Curso de Graduação em Agronomia da Universidade do Estado de Santa Catarina-UDESC do Centro de Ciências Agroveterinárias-CAV pertencente ao Instituto de Melhoramento e Genética Molecular-IMEGEM.

^{3*} Dr. Prof. Engenheiro Agrônomo da Universidade do Estado de Santa Catarina-UDESC do Centro de Ciências Agroveterinárias-CAV pertencente ao Instituto de Melhoramento e Genética Molecular-IMEGEM. Avenida Luiz de Camões, 2090, Bairro Conta Dinheiro, CEP 88520-000. Lages, SC, Brasil. E-mail: coimbrajefferson@cav.udesc.br.

⁴ Biólogo, Aluno de Doutorado da Universidade do Estado de Santa Catarina (UFSC) do Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais pertencente ao Instituto de Melhoramento e Genética Molecular-IMEGEM.

(Recebido para publicação em 13/10/2010, Aprovado em 09/09/2011)

submetida. Para tanto, existe a necessidade de cultivares adaptadas as diferentes condições ambientais, e é neste contexto que o melhoramento vegetal entra em cena.

O resultado mais importante do melhoramento de plantas é a criação de uma cultivar melhorada (COIMBRA et al., 2008c) e para isto a variabilidade genética é um fator imprescindível. A ausência de variabilidade inviabiliza o ganho genético e conseqüentemente aumenta o custo do programa de melhoramento e o tempo para lançamento da nova variedade. Frequentemente, esta variabilidade necessita ser ampliada, pois qualquer tipo de seleção (artificial e/ou natural) reduz o grau de variabilidade genética posta à disposição do melhorista de plantas. Assim, quanto maior o grau de divergência entre os genitores, maior será a variabilidade resultante na população segregante, e maior a probabilidade de reagrupar os alelos em novas combinações favoráveis (BARBIERI et al., 2005).

A classificação de géotipos em grupos heteróticos pode ser realizada com o auxílio de técnicas como a divergência genética. Segundo SUDRÉ et al. (2005), estudos sobre a divergência genética entre indivíduos ou populações nas espécies vegetais têm sido de grande importância em programas de melhoramento envolvendo hibridações, por fornecerem parâmetros para a identificação de genitores que possibilitam maior efeito heterótico na progênie e maior probabilidade de obtenção de géotipos superiores em gerações segregantes.

A viabilidade da utilização da divergência genética como critério de seleção de genitores tem sido relatada por alguns autores (SANTOS, 2005; CEOLIN et al., 2007), sendo que, a seleção de genitores contrastantes aumenta a possibilidade de selecionar combinações híbridas superiores (segregantes transgressivos).

A caracterização morfológica e o agrupamento de géotipos utilizando recursos de análise multivariada têm contribuído efetivamente para o melhoramento genético de várias culturas. Como exemplo temos os métodos aglomerativos, que dependem fundamentalmente de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, como a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) (CRUZ & REGAZZI, 2001). Por se tratar de uma análise que permite integrar as múltiplas informações, de um conjunto de caracteres, extraídas das unidades experimentais, a estatística multivariada tem sido amplamente utilizada para quantificar a divergência genética, oferecendo maior oportunidade de escolha de genitores divergentes em programas de melhoramento (FONSECA et al., 2006).

O objetivo deste estudo foi avaliar a divergência genética entre géotipos de feijão do grupo preto e promover seu agrupamento com o intuito de direcionar os cruzamentos entre os genitores de maior contraste que irão compor o bloco de

cruzamentos.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no município de Lages/SC, localizado no Planalto Sul do Estado de Santa Catarina (27°48'57" de latitude sul e 50°19'3 3" de longitude oeste), com altitude média de 916 metros e temperatura média anual de 15,6 °C.

Foram utilizados os dados provenientes do Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU), dos anos agrícolas 2006/07 e 2007/08 de 16 géotipos de feijão do grupo preto. O preparo do solo foi realizado segundo as recomendações técnicas conforme proposto por WILDNER, (1992). A adubação de base e cobertura foi realizada conforme as necessidades apontadas por meio da análise de solo. Foram realizados sempre que necessário tratamentos culturais. Não foi executada nenhuma medida de controle de moléstias, uma vez que, uma das características avaliadas foi a intensidade de doenças conforme escala proposta pelo CIAT (1991). As sementeiras foram realizadas em 21-10-2006 no primeiro ano de cultivo e em 28-10-2007 no segundo ano de cultivo, de acordo com o preconizado pelo Zoneamento Agroclimático de Santa Catarina.

As características avaliadas foram: i) número de dias da sementeira ao florescimento (NDF) em dias; ii) quantificação de bacteriose em %; iii) rendimento de grãos em kg ha⁻¹ (REND) iv) massa de mil grãos (MMG) em g; v) número de legumes por planta (NLP) e vi) número de grãos por legume (NGL).

O delineamento experimental utilizado foi de blocos completamente casualizados com quatro repetições por tratamento. Cada unidade experimental foi composta por quatro fileiras de quatro metros de comprimento, espaçadas 0,50 m entre si com 15 plantas por metro linear ou 250.000 plantas por hectare. A área útil da parcela foi constituída pelas duas linhas centrais, correspondendo a 3,00 m².

A colheita foi realizada no mês de janeiro nos respectivos anos agrícolas de plantio. Após a realização da trilha dos grãos, estes foram secos em estufa durante três dias a temperatura média de 26°C, a fim de uniformizar a umidade dos grãos para 13%.

Os dados foram submetidos à análise multivariada (MANOVA) utilizando o programa SAS (Statistical Analysis System, 2002). A divergência genética foi estimada por meio da estatística de Mahalanobis (D^2). A estimativa da correlação entre as matrizes de dissimilaridades genotípicas foi obtida a partir dos dados morfológicos (D_{mi}), empregando-se o teste de comparação de matrizes de Mantel, com 1000 permutações (MANTEL, 1967). Com base na matriz de dissimilaridade genética, foi obtido o dendrograma utilizando o método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*) (ROHLF, 2000).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias das seis características avaliadas

para cada um dos genótipos de feijão avaliados nas duas safras agrícolas estão apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1 - Desempenho médio de genótipos de feijão em relação aos caracteres agrônômicos número de dias da sementeira ao florescimento (NDF) em dias, bacteriose (BACT) em %, rendimento de grãos (REND) em Kg ha⁻¹, massa de mil grãos (MMG) em g, número de legumes por planta (NLP) e número de grãos por legume (NGL) cultivados em Lages-SC nas safras agrícolas 2006/07 e 2007/08.

Ordem	Genótipos	NDF	BACT	REND	MMG	NLP	NGL
01	LP 9805	91,3	4,3	2393,0	195,3	12,4	4,1
02	IAPAR 44	93,1	3,1	1695,2	188,3	11,3	4,4
03	FT SOBERANO	91,9	3,9	1878,3	188,0	13,3	3,6
04	FT NOBRE	90,9	4,6	1911,6	185,0	12,9	4,1
05	FT BIONOBRE	91,6	3,9	1542,1	174,0	12,0	4,0
06	FT 91370	91,8	3,1	1845,0	214,4	9,8	3,4
07	FT 84113	90,5	5,1	1823,1	188,8	9,9	4,4
08	DIAMANTE NEGRO	91,7	3,2	1746,8	198,1	11,3	4,2
09	CNFP 8104	92,0	3,4	1683,5	205,6	12,3	3,9
10	CI 9672V	90,6	4,8	1617,4	191,3	9,6	4,0
11	CHP 9726	93,1	3,6	1759,0	199,9	10,4	3,8
12	CHP 9718	90,6	4,6	1767,3	180,3	11,5	4,1
13	CHP 9714	90,6	4,9	1878,6	176,9	12,9	4,4
14	CHP 9713	92,0	4,0	1798,4	189,8	10,3	4,0
15	BRS VALENTE	92,1	3,9	1523,3	171,8	12,4	3,6
16	AN 9021332	91,6	3,9	1951,9	195,5	11,9	3,9
	Média Geral	91,6	4,0	1800,9	190,2	11,5	4,0

O resultado pela verificação da homogeneidade da matriz de covariância por meio da estatística de verossimilhança generalizada ($\chi^2 = 439,34$; GL= 315 e; $Pr > \chi^2 = 0,001$) justifica o procedimento de testes para situação da matriz de covariância heterogênea. Observando os resultados inseridos na Tabela 2, nota-se que houve significância ($Pr < 0,01$) para todos os efeitos principais (genótipos e ambientes) e para o efeito da interação genótipos x ambientes. Este fato revela a existência de variabilidade entre os genótipos (SUDRÉ, 2005), indicando um comportamento diferenciado entre os genótipos frente aos diferentes ambientes. As diferenças significativas encontradas entre os genótipos de feijão se devem principalmente à diversidade entre

estes quando avaliados em mais de um ambiente. Para FALCONER (1987), um caráter medido em dois ambientes não deve ser visto como um único, e sim como dois caracteres, pois cada genótipo pode se comportar de maneira contrastante em diferentes épocas de cultivo. Frequentemente, a expressão do valor fenotípico em diferentes épocas de cultivo pode apresentar uma grande relevância na expressão do valor genotípico. De modo prático, a interação entre estes fatores de tratamento (genótipos e ambientes) pode decorrer, por exemplo, se um genótipo exibir um desempenho inconstante na expressão de caracteres tanto qualitativos (susceptibilidade a um determinado patógeno) quanto quantitativos (rendimento de grãos).

Tabela 2 - Resumo da análise de variância multivariada, por meio de quatro testes estatísticos, indicando a probabilidade para o teste *F* para seis variáveis respostas avaliadas simultaneamente, com dois fatores de tratamento: *i*) genótipo (com 16 níveis); e *ii*) ano de cultivo (com dois níveis)

Efeito	Teste estatístico	Valor	Valor F	Pr>F
Genótipos (G)	Lambda de Wilks	0,075	3,14	0,0001
	Pillai's Trace	1,758	2,49	0,0001
	Hotelling-Lawley	4,475	4,15	0,0001
	Roy's Greatest Root	3,057	18,34	0,0001
Ambientes (A)	Lambda de Wilks	0,019	717,55	0,0001
	Pillai's Trace	0,981	717,55	0,0001
	Hotelling-Lawley	50,651	717,55	0,0001
	Roy's Greatest Root	50,651	717,55	0,0001
G*A	Lambda de Wilks	0,039	4,21	0,0001
	Pillai's Trace	2,015	3,03	0,0001
	Hotelling-Lawley	6,615	6,14	0,0001
	Roy's Greatest Root	4,540	27,24	0,0001

¹/ $H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_k$, $H_A: \mu_1 \neq \mu_2 \neq \dots \neq \mu_k$

Na Tabela 3, pode ser observada diferença significativa ($P < 0,05$), pelos coeficientes da distância de Mahalanobis. De fato, analisando a dissimilaridade genética estimada, pode ser observada uma variabilidade genética entre os genótipos de feijão comum, exceto para os genótipos 1, 3, 6, 7, 9, 12, 13, 14 combinados com os demais genótipos. Por exemplo, todos os genótipos quando

comparados com o genótipo 1 não revelaram uma dissimilaridade significativa, ou seja, não deve ser recomendado a entrada deste genótipo no bloco de cruzamentos em virtude da proximidade genética entre estes genótipos. Por outro lado, o cruzamento dirigido entre os genótipos 2x8, 2x10, 2x11 e 2x16, deve ser recomendado em virtude da dissimilaridade genética evidenciada entre os pares supracitados.

Tabela 3 - Probabilidades dos coeficientes de dissimilaridade, para dados morfológicos (D_{mf}), baseadas na Distância de Mahalanobis (D^2), par a par em relação aos 16 genótipos de feijão

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	0,32	0,92	0,58	0,89	0,92	0,85	0,33	0,85	0,51	0,33	0,55	0,96	0,86	0,26	0,65
	2	0,25	0,37	0,54	0,19	0,07	0,02	0,16	0,02	0,00	0,93	0,51	0,81	0,11	0,04
		3	0,66	0,95	0,92	0,95	0,09	0,88	0,90	0,10	0,65	0,80	0,36	0,62	0,54
			4	0,99	0,21	0,33	0,02	0,52	0,51	0,00	0,86	0,98	0,37	0,56	0,43
				5	0,57	0,76	0,07	0,76	0,78	0,03	0,91	0,99	0,61	0,57	0,65
					6	0,93	0,51	0,93	0,45	0,45	0,43	0,55	0,44	0,40	0,15
						7	0,27	0,91	0,91	0,28	0,29	0,61	0,20	0,36	0,24
							8	0,66	0,03	0,23	0,07	0,15	0,14	0,09	0,00
								9	0,66	0,14	0,62	0,75	0,32	0,86	0,15
									10	0,02	0,18	0,50	0,06	0,46	0,40
										11	0,00	0,03	0,07	0,00	0,02
											12	0,84	0,62	0,67	0,10
												13	0,83	0,40	0,59
													14	0,06	0,23
														15	0,04
															16

⁷ $H_0 : D_{mf}=0$, pelo teste F ($P<0,05$).

O melhorista quando determina um conjunto de genótipos em *pools* heteróticos tem como objetivo principal a ampliação da variabilidade genética em populações segregantes. De maneira evidente, também se espera que o adequado desempenho manifestado por caracteres de interesse que caracterizam o indivíduo ideal (ideotipo) demonstre o potencial do indivíduo a ser selecionado pelo melhorista.

Algumas análises multivariadas como a distância generalizada de Mahalanobis consideram a dependência entre as variáveis-resposta (covariância), fato que na análise univariada não é contemplado (COIMBRA et al., 2007b). Segundo MOREIRA et al. (2009), a análise multivariada (D^2) pode ser empregada como uma poderosa ferramenta para estimar a divergência genética como intuito de auxiliar na escolha de combinações mais promissoras. A D^2 possui a relevância de apresentar um critério objetivo para identificação de genótipos tanto entre grupos, quanto dentro de grupos heteróticos, tornando-se assim, uma ferramenta importante para este tipo de análise.

Analisando a Figura 1, pode ser observada a formação de dois grandes grupos: i) 1, 13, 3, 5, 12, 14, 15, 4, 16, 2 e ii) 6, 7, 10, 11, 8, 9, sendo estes grupos formados pelo índice de dissimilaridade de Mahalanobis (D^2) por meio do método de agrupamento UPGMA, que permite visualizar com mais facilidade o relacionamento entre os mesmos (MACHADO et al., 2000). Esta informação a respeito da dissimilaridade, tanto entre quanto dentro dos grupos formados, pode ser muito útil para auxiliar o pesquisador na seleção e no direcionamento das hibridações artificiais, mais ou menos dissimilares. Os genótipos pertencentes ao mesmo grupo apresentam menor distância entre si, de modo que cruzamentos entre genitores do mesmo grupo resultam em variabilidade restrita nas gerações segregantes (BENIN, 2002). No entanto, poderia ser direcionado um cruzamento bem específico entre alguns genótipos pertencentes ao primeiro grupo heterótico, visando à seleção de alguma característica agrônômica importante, como por exemplo, os genótipos 2x16.

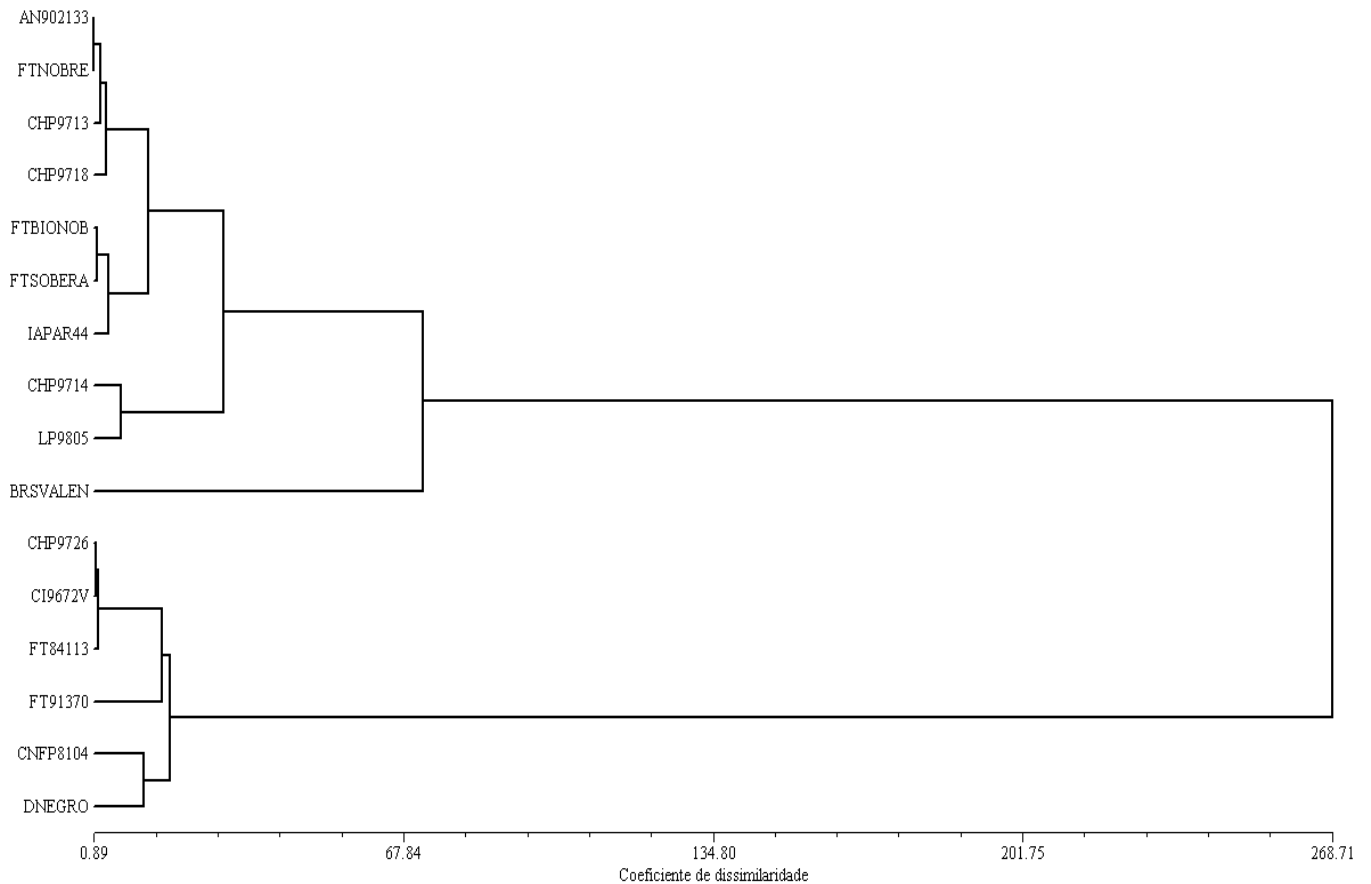


Figura 1- Dendrograma referente aos 16 genótipos de feijão comum, utilizando o índice de dissimilaridade de Mahalanobis (D^2) por meio do método de agrupamento UPGMA. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) foi de 0,84.

Na Tabela 4 são apresentados os coeficientes associados às variáveis analisadas, que expressam as suas importâncias relativas no estudo de divergência genética. Variáveis com pequena variabilidade ou que estão correlacionadas com outras variáveis apresentam coeficientes de grande magnitude nos últimos autovetores (CRUZ & CARNEIRO, 2003). Considerando as últimas variáveis canônicas, que representam pouco mais de 10% da variação total, pode-se indicar a exclusão dos caracteres rendimento de grãos e número de semente por legume (NSL).

De maneira similar, os coeficientes canônicos padronizados (Tabela 4) podem ser representados por uma função discriminante canônica (FDC). Para o primeiro contraste realizado na análise conjunta os coeficientes canônicos padronizados, para a primeira variável canônica (Can_1), mostram que os caracteres diferem amplamente na combinação linear das variáveis respostas ($FDC_1 = 1,03 \times NDF + 0,19 \times BACT + 0,14 \times RND + 3,64 \times MMG + 0,02 \times NLP + 0,01 \times NSL$), ou seja, valores absolutos dos coeficientes canônicos classificam a importância dos caracteres. O alto valor dos coeficientes canônicos para os caracteres MMG (massa de mil grãos) e

NDF (número de dias para o florescimento), respectivamente, indicam que a separação entre os vetores médios dos genótipos de feijão, foi fortemente influenciada pelos caracteres em questão. Também, observa-se que estes dois caracteres evidenciam uma forte influência sobre a variabilidade total encontrada. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por CEOLIN et al. (2007) e BERTINI et al. (2009), que avaliaram a divergência genética entre genótipos de feijão e concluíram que o caráter massa de mil grãos foi o caráter que mais contribuiu para a dissimilaridade genética.

A técnica de variáveis canônicas permite a simplificação do conjunto de dados, e de acordo com MARTINS (2002) um conjunto p-dimensional (com p sendo número de características consideradas em estudo) pode ser avaliado por um complexo bi ou tridimensional de fácil interpretação geométrica, resumindo as informações originalmente contidas em um grupo de n variáveis, em poucas variáveis, que apresentam as propriedades de reterem o máximo da variação originalmente disponível e serem independentes entre si (CRUZ & CARNEIRO, 2003).

Na Tabela 4 são apresentados os autovalores e os autovetores cujos elementos são os coeficientes

de ponderação dos caracteres analisados. Pode ser verificado que as duas primeiras variáveis canônicas (VC_i) explicam aproximadamente 87% da variação disponível nos dados amostrados, sendo assim, é possível realizar a análise da diversidade genética por meio da dispersão gráfica, pois segundo CRUZ &

REGAZZI (2001), quando as duas primeiras variáveis canônicas explicam acima de 80% da variação total, sua utilização é satisfatória no estudo da divergência genética por meio de avaliação da dispersão gráfica.

Tabela 4 - Autovalores (λ_i) e variação percentual correspondente, explicada pelas variáveis canônicas (VC_i) e coeficientes canônicos padronizados (autovetores) dos caracteres: NDF = número de dias da sementeira ao florescimento; BACT = Bacteriose; REND = Rendimento de grãos; MMG = massa de mil grão; NLP = número de legumes por planta; NSL = número de semente por legume) avaliados em 16 genótipos elites de feijão

VC _i	Autovalores		Coeficientes canônicos padronizados						
	λ_i	Acumulado (%)	NDF	BACT	REND	MMG	NLP	NSL	
Ambiente I	VC ₁	* 0,59	0,59	0,59	0,83	0,14	2,30	0,04	0,00
	VC ₂	* 0,16	0,75	0,82	-1,42	0,39	-0,09	0,85	-0,42
	VC ₃	* 0,15	0,89	0,53	0,32	-1,03	0,24	-0,31	0,14
	VC ₄	0,05	0,94	0,98	1,57	1,28	-0,45	-0,51	-0,29
	VC ₅	0,05	0,99	0,26	-1,59	0,48	-0,51	-0,61	0,89
	VC ₆	0,01	1,00	0,51	1,57	-0,54	0,42	0,81	0,54
Ambiente II	VC ₁	* 0,67	0,67	0,44	0,23	0,32	2,84	0,08	-0,05
	VC ₂	* 0,22	0,89	0,51	0,53	-1,65	0,71	0,25	-0,28
	VC ₃	0,06	0,96	1,06	-0,19	1,07	-0,47	0,12	-0,56
	VC ₄	0,03	0,98	0,14	0,03	-0,86	0,62	1,41	0,16
	VC ₅	0,02	1,00	0,62	-0,29	-0,43	0,44	0,04	1,15
	VC ₆	0,00	1,00	0,30	1,55	-0,01	0,26	0,07	0,09
Análise Conjunta	VC ₁	* 0,69	0,69	1,03	0,19	0,14	3,64	0,02	0,01
	VC ₂	* 0,19	0,87	1,99	0,55	-1,42	0,73	0,07	-0,31
	VC ₃	0,07	0,94	3,06	-0,44	1,49	-0,26	0,56	-0,49
	VC ₄	0,04	0,98	1,36	-0,04	1,53	-0,69	-1,27	0,33
	VC ₅	0,02	0,99	1,46	-0,14	-0,99	0,57	0,45	1,05
	VC ₆	0,02	1,000	0,80	1,31	0,02	0,23	0,20	0,07

* significativo a 5% de probabilidade de erro pela estatística de teste da razão de verossimilhança.

Em relação aos caracteres de menor importância para explicar a variabilidade total como, por exemplo, rendimento de grãos, resultados similares foram encontrados por COIMBRA et al. (1999a) estudando a dissimilaridade genética em feijão comum utilizando dados de dois ambientes contrastantes, bem como em estudo realizados por COELHO et al. (2009), estudando feijão crioulo.

de feijão estudados.

As características de importância agrônoma avaliados permitiram caracterizar e selecionar genitores dissimilares.

Populações segregantes promissoras podem ser obtidas com as hibridações dos seguintes genótipos contrastantes: i) AN 9021332 x IAPAR 44; ii) AN 9021332 x Diamante Negro; iii) AN 9021332 x CHP 9726 e; iv) AN 9021332 x BRS VALENTE.

CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre os genótipos

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARBIERI, R.L.; LEITE, D.L.; CHOER, E.; SINIGAGLIA C. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.02, p.303-308, 2005.
- BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; ASMANN, I.C.; CIGOLINI, J.; Cruz, P.J.; MARCHIORO, V.S.; LORENCETTI, C.; Silva, J.A.G. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.8, p.179-1984, 2002.
- BERTINI, C.H.C.M.; TEÓFILO, E.M.; DIAS, F.T.C. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v.40, n.1, p.99-105, 2009.
- CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. **Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol**. 2.ed. Colômbia, Cali, 1991, 56p.
- CEOLIN, A.C.G.; GONÇALVES-VIDIGAL, C.; FILHO, P.S.V.; KVITSCHAL, M.V.; GONELA, A.; SCAPIM, C.A. Genetic divergence of the common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, v.144, p.1-9, 2007.
- COELHO, C.M.M.; SCHMIDT, D.; ZÍLIO, M. Relação entre as diferentes características morfológicas dos grãos e o tempo para cocção de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) **Magistra**, Cruz das Almas, v.21, n.2, p.104-110, 2009.
- COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; CARVALHO, F.I.F.; COIMBRA, S.M.M.; MARCHIORO, V.S. Análise de trilha I: Análise do Rendimento de grãos e seus componentes. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 29, n. 2, p. 213-218, 1999a.
- COIMBRA, J.L.M.; SANTOS, J.C.P.; ALVES, M.V.; BARZOTTO, I. Técnicas multivariadas aplicadas ao estudo da fauna do solo: contrastes multivariados e análise canônica discriminante. **Revista Ceres**, Viçosa, v.54, p.214-218, 2007b.
- COIMBRA, J.L.M.; BARILI, L.D.; VALE, N.M.; GUIDOLIN, A.F.; BERTOLDO, J.G.; ROCHA, F.; TOALDO, D. Seleção para caracteres adaptativos em acessos de feijão usando REML/BLUP. **Magistra**, Cruz das Almas, v.20, n.2, p.177-185, 2008c.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. rev. Viçosa: **UFV**, 2001, 390p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa : **UFV**, 2003, 579p.
- FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa: **Imprensa Universitária**, 1987, 279p.
- FONSECA, A.F.A.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SAKAYAMA, N.S.; FERRÃO, M.A.G.; BRAGANÇA, S.M. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.4, p.599-605. 2006.
- MACHADO, C.F.; SANTOS, J.B.; NUNES, G.H.S. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência avaliada a partir de caracteres morfo-agronômicos. **Bragantia**, Campinas, v.59, p.12-19, 2000.
- MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, New York v.27, n.2, p.209-220, 1967.
- MARTINS, I.S.; PIRES, I.E.; OLIVEIRA, M.C. Divergência genética em progênies de uma população *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v.9, p.81-89, 2002.
- MOREIRA, R.M.P.; FERREIRA, J.M.; TAKAHASHI, L.S.A.; VANCONCELOS, M.E.C.; GEUS, L.C.; BOTTI, L. Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v.30, suplemento 1, p. 1051-1060, 2009.
- ROHLF, F.J. NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. New York: Exeter Software, 2000.
- SANTOS, V.S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseada em índices**. 104p. Tese (Doutorado) - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.
- SAS Institute Inc. SAS 9.1.3 (TS1M3) for Windows Microsoft. Cary. NC. **Sas Institute Inc.**, 2007.
- SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL, A.T.J. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Campinas, v.23, p.22-27, 2005.
- WILDNER, L.P. Manejo do solo para cultura do feijão: Principais características e recomendações técnicas. In: EPAGRI. **A cultura do feijão em Santa Catarina**. EPAGRI, Florianópolis, 1992. p.83-114. 285p.