

# DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.) COM GRÃO TIPO CARIOCA

COIMBRA, Jefferson L.M.<sup>1</sup> CARVALHO, Fernando I.F.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Eng.º Agr., Estudante do Curso de pós-graduação em Agronomia da UFPel. Pelotas, RS. Bolsista da CAPES. jlmcpes@ufpel.tche.br. Caixa Postal 354. 96001-970, Capão do Leão, RS.

<sup>2</sup> Eng.º Agr., PhD., Prof. da UFPel/FAEM Depto. de Fitotecnia. Pesquisador do CNPq.  
(Recebido para publicação em 30/08/98)

## RESUMO

Os objetivos do trabalho foram: 1) estimar a divergência genética entre nove genótipos fixos com suas respectivas combinações híbridas; 2) determinar as correlações entre a divergência genética dos genitores, estimadas pela estatística  $D^2$ , e a média dos caracteres de importância agrônômica de 36 combinações. A distância genética entre nove genótipos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), com grão do tipo carioca e suas combinações, foi calculada através da análise de variância multivariada, utilizando a estatística de Mahalanobis ( $D^2$ ). O experimento em blocos casualizados com quatro repetições por tratamento, foi conduzido no ano agrícola de 1996/97. Estes genótipos foram divididos em dois grupos pelo método de agrupamento de Tocher, onde o par formado pelos genótipos 6 (LM 93204319) e 9 (TB 94-05) são os mais similares e, que o genótipo 8 (LR 9115315) em relação aos demais, é mais divergente. As correlações entre a divergência genética ( $D^2$ ) dos genitores e a média das 36 combinações foram satisfatórias, principalmente em termos dos caracteres de dias entre a emergência e o florescimento, dias entre a emergência e a maturação de colheita e o ponto de inserção do primeiro legume onde evidenciaram uma correlação de 0,75; 0,76 e 0,63, respectivamente, obtida entre as medidas de dissimilaridade e os pares de genitores potenciais, expressa pela distância generalizada de Mahalanobis com a média das combinações.

Palavras-chave: feijão, variabilidade genética, feijão, Tocher, Mahalanobis

## ABSTRACT

GENETIC DIVERGENCE IN BEAN (*Phaseolus vulgaris* L.) WITH GRAIN OF CARIOCA TYPE. The objectives of the work were: 1) to estimate genetic divergence among nine fixed genotypes with its respective hybrid combinations; 2) to determine the correlations among genetic divergence of the parents, estimated by statistics  $D^2$ , and average of the characters of agronomic importance for 36 possible combinations.

Genetic distance between nine bean genotypes (*Phaseolus vulgaris* L.), with grain of carioca type and its combinations was calculated through multivariate analysis of variance, using the Mahalanobis statistics ( $D^2$ ). The experiment was performed with a randomized block design, with four repetitions for treatment, in the agricultural year of 1996/97. These genotypes was divided in two groups by the method of grouping of Tocher, where the pair formed by genotypes 6 (LM 93204319) and 9 (TB 94-05) are the most similar and, the genotype 8 (LR 9115315), in relation to the others, is more divergent. Correlations among genetic divergence ( $D^2$ ) of the parents and average of the 36 combinations were satisfactory, mainly in terms of characters of days between emergency and flowering, days between emergency and harvesting point, and the point of insert of the first pod, where they evidenced a correlation of 0.75; 0.76 and 0.63, respectively, obtained between the nonsimilar measures and the equal of potential parents, expressed by general distance of Mahalanobis with the average of combinations.

Key words: bean, genetic variability, bean, Tocher, Mahalanobis

## INTRODUÇÃO

Feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), com grão tipo carioca, apresenta papel importante por seu alto conteúdo de proteína. De acordo com PÁRRAGA *et al.* (1981), as leguminosas de grão contém 2,5 vezes mais proteína do que os cereais, constituindo importante fonte de suprimento mundial de proteína e sendo consumido, principalmente, pela população de baixa renda. A produção mundial está em torno de 1,5 milhões de t/ano de grãos, sendo o Brasil o maior produtor de grãos por unidade de área (FAO, 1991). Diante de tal fato, os recursos genéticos à serem caracterizados e avaliados são de extrema relevância para o conhecimento, a "priori" da variabilidade existente tanto nas espécies selvagens como nas cultivadas. Para PETERSEN *et al.* (1994), entrave ao programa de melhoramento genético é a escassez de conhecimentos quanto a contribuição dos genes contidos na espécie selvagem, para o atual "gene pool" da cultura. Desta

forma, na implantação de um programa de melhoramento, é necessário a escolha criteriosa de genótipos com genes desejáveis com potencial para serem empregados em hibridações artificiais; com objetivo de identificar plantas que possuem genes superiores numa progênie segregante.

Atualmente, é dada ênfase a divergência genética entre os genitores escolhidos para expressar o máximo de efeito heterótico e maior probabilidade na identificação de genótipos superiores nas gerações segregantes. Para FALCONER e MACKAY (1996) a heterose manifestada em híbridos intervarietais é função dos efeitos da dominância dos genes para o caráter em questão e do quadrado da diferença de frequência gênica dos genitores. Deste modo, a divergência genética tem sido empregada como um indicativo de que os genitores intercruzados proporcionam alto efeito heterótico aos seus híbridos. CRUZ e REGAZZI (1997) apontam que a heterose pode ser estimadas de duas maneiras básicas; pela natureza quantitativa e preditiva.

Entre os métodos de natureza quantitativa da avaliação da heterose resultante de cruzamentos de vários genitores em programas de melhoramento, pode ser citado os de análises dialélicas. Estes métodos têm como vantagem a possibilidade de estimar a heterose e o desempenho do híbrido, por outro lado, apontam como desvantagem a dificuldade de efetuar grande número de cruzamentos, especialmente em espécies autógamas que são difíceis, onerosas e meticolosas, o que muitas vezes inviabiliza a execução deste método.

Para BARBOSA NETO e BERED (1998), o melhoramento genético tem contribuído na adaptabilidade e produtividade dos cultivos, entretanto, para a obtenção eficiente de ganhos genéticos, é necessário um conhecimento detalhado da constituição e variabilidade genética das espécies. Portanto, a classificação de genitores em grupos heteróticos e a realização de cruzamentos entre tipos geneticamente distintos pode contribuir para a ampliação da variância genética em populações segregantes (MESSMER *et al.*, 1993).

Os objetivos do presente estudo foram: 1) investigar a extensão da divergência genética sobre nove genótipos de feijão comum com grão tipo carioca, pela análise de variância multivariada e 2) determinar o grau de associação entre a divergência genética em genótipos fixos de feijão com a média dos caracteres avaliados para 36 possíveis combinações heteróticas.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido durante o ano agrícola de 1996/97, município de Lages/SC, no planalto catarinense.

O preparo do solo foi realizado segundo indicações técnicas de WILDNER (1992). As adubações seguiram as recomendações descritas pelos autores BALDISSERA e SCHERER (1992). O controle de plantas invasoras foi efetuado com aplicação de 2kg/ha de Metolachlor, sendo posteriormente realizada capina manual para eliminação de possíveis invasoras remanescentes. Para o controle de pragas foi empregado o inseticida Methamidophos nas doses de 1,0 l/ha do produto comercial.

Os genótipos de feijão comum com grão tipo carioca incluídos neste ensaio foram em número de nove (Tabela 4), avaliados segundo o delineamento experimental em blocos ao acaso, com quatro repetições. Cada unidade experimental foi composta por 2 fileiras de 5m de comprimento com 10 plantas/m linear ou 200.000 plantas/ha, a espaços de 0,5m entre fileiras e 0,2m entre covas dentro das fileiras. A área útil foi formada de duas fileiras, compreendendo 4m<sup>2</sup>.

Os dados da análise de variância univariada foram analisados como experimento unifatorial (genótipos) com as seguintes causas de variação: blocos, genótipos e erro médio. Para os testes de hipótese sobre os efeitos do modelo foi usado o erro médio; as médias comparadas pelo teste de Tukey em 5% de probabilidade. Para efeito de análise de variância, os dados da variável número de grãos por planta foram transformados para raiz quadrada.

As variáveis avaliadas foram: dias entre a emergência e o florescimento (FL), dias entre a emergência e a maturação de colheita (MC), ponto de inserção do primeiro legume (PIL), número de grãos por legume (NGL), peso de mil grãos em gramas (PMG) e rendimento de grãos em kg/ha (REND) à 13% de umidade. Estas avaliações, foram baseadas nos estádios de crescimento da cultura, segundo a escala proposta pelo CIAT 1991. A emergência foi avaliada no estágio V<sub>1</sub>, a data de floração no estágio R<sub>6</sub> e a data de maturação de colheita no estágio R<sub>9</sub>, quando 50% dos legumes da parcela estavam aparentemente em maturação fisiológica.

Segundo o modelo de análise multivariada foram computadas as medidas de dissimilaridade com base em variáveis quantitativas. A divergência genética foi estimada usando a estatística de Mahalanobis (D<sup>2</sup>) e, para agrupamento dos genótipos foi empregado o método de Tocher, descrito por CRUZ e REGAZZI (1997).

Inicialmente, foi calculado a análise de variância univariada, usando a médias das parcelas. A análise de variância multivariada foi aplicada para os seis caracteres avaliados. Deste modo, as matrizes da soma de quadrados e dos produtos dos genótipos (G) e o erro

(E) foram obtidos da análise de variância univariada. A estatística de Wilk's ( $\lambda$ ), definida como  $\lambda = |E| / |H+E|$  transformada num valor que corresponde ao teste de F (HARRIS, 1975), foi empregada para detectar diferenças significativas entre as médias dos vetores dos genótipos.

A eficiência da predição do comportamento dos pares de genótipos pela divergência genética dos dois possíveis genitores foi avaliada com base nos coeficientes de correlação de Pearson e de Spearman, envolvendo as diferenças entre os pares de genótipos e as médias dos respectivos pares, para os vários caracteres estudados, segundo metodologias descritas por STEEL e TORRIE (1960). A hipótese de que o coeficiente de correlação é igual a zero ( $H_0: 0$ ) foi avaliada pela estatística t, segundo metodologia proposta por STEEL e TORRIE (1960). As análises foram realizadas, separadamente para cada caráter, usando o programa computacional GENES (CRUZ, 1997) e SAS (SAS Institute, 1985).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises da variância univariada de seis caracteres (Tabela 1) de importância

agronômica avaliados em nove genótipos de feijão comum com grão do tipo carioca, evidenciaram a existência de diferenças significativas entre médias de genótipos, a 1% de probabilidade, para os todos os caracteres avaliados dias entre a emergência e o florescimento, dias entre a emergência e a maturação de colheita, ponto de inserção do primeiro legume, número de grãos por legume, peso de mil grãos e rendimento de grãos em (kg/ha). Os coeficientes de variação foram da mesma ordem de magnitude daqueles obtidos em experimentos de feijão comum por COIMBRA *et al.* (1999a, 1999b). A análise da variância multivariada, fundamentada sobre a estatística  $\lambda$  detectou diferenças significativas ( $P < 0,0001$ ) entre os vetores médios dos genótipos  $F(32; 90) = 5,182$ . Os recursos genéticos para serem conservados e/ou incrementados, são de extrema relevância o conhecimento, a "*priori*", da variabilidade existente tanto nas espécies selvagens como nas cultivadas. Para PETERSEN *et al.* (1994), entrave ao programa de melhoramento é não conhecer quanto os genes contidos na espécie selvagem contribuem para o atual "*gene pool*" da cultura. Assim, esta questão pode ser respondida em parte pelo emprego da análise multivariada quantificada pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ).

TABELA 1. Análise de variância univariada de nove genótipos de feijão comum com grão tipo carioca para seis caracteres de importância agrônômica avaliados no delineamento experimental em blocos casualizados no município de Lages/SC, no ano agrícola de 1996/97

F.V	G.L	QUADRADO MÉDIO <sup>1</sup>					
		FL	MC	PIL	NGL	PMG	REND
Blocos	3	8,48	1,43	28,62	0,21	163,96	553014,22
Genótipos	8	19,2**	25,65**	49,91**	1,30**	877,44**	439528,56**
Erro	24	3,40	3,40	14,43	0,12	162,40	49.521,53
Média		36,61	82,03	20,35	4,82	224,17	2154,00
C.V(%)		5,04	2,25	18,67	7,12	5,68	10,33

\*\* : significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste de F, respectivamente.

<sup>1</sup>FL= número de dias entre a emergência e o florescimento; MC = número de dias entre a emergência e a maturação de colheita; PIL = ponto de inserção do primeiro legume medido em cm; NGL= número de grãos por legume, PMG = peso de mil grãos em g; REND= rendimento de grãos por unidade de área em kg/ha. Lages/SC, no ano agrícola de 1996/97.

O grau de divergência genética entre genótipos pode ser estimado através de diferentes métodos. Análises do coeficiente de parentesco (FRANCO e CARVALHO, 1987) e caracteres morfológicos (DIAS e KAGEYAMA, 1997) têm sido empregados; entretanto, ambas as metodologias apresentam limitações (BARBOSA NETO e BERED, 1998).

A grande diversidade constatada entre os genótipos era esperada, uma vez que foram escolhidos para estudo por apresentarem características fenotípicas bem contrastantes em situação exposta anteriormente sendo bastante favoráveis ao estudo sobre divergência genética, em razão de proporcionar maior facilidade de discriminação de combinações superiores a partir de genitores já sabidamente contrastantes (COIMBRA *et al.*, 1999b).

Na Tabela 2 são apresentadas as medidas de dissimilaridade expressas pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre cada par de genótipos e, na Tabela 3 os grupos resultantes da aplicação do método aglomerativo proposto por Tocher sobre estas medidas resultantes da estatística de Mahalanobis. Em ambas as tabelas é ressaltado o fato de que os genótipos 6 (LM 93204319) e 9 (TB 94-05) são os mais similares e que o genótipo 8 (LR 9115315), em relação aos demais, é mais divergente.

A caracterização e avaliação de genótipos com alta divergência genética tem sido objeto de muitos estudos de melhoramento. Para BARBOSA NETO e BERED (1998) a variabilidade genética é fundamental para a obtenção de êxitos na seleção e no ajuste genético de genótipos às condições de ambiente. Sem variabilidade genética e a sua interação com o ambiente é impossível a obtenção de genótipos superiores através do melhoramento genético. Este fato, possibilita maximizar a heterose manifestada nos híbridos e aumentar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas. Sendo assim, é vantajoso evitar cruzamentos entre genótipos do mesmo padrão de similaridade, para que a variabilidade, indispensável em qualquer programa de melhoramento, não seja restrita a inviabilizar os ganhos genéticos a serem obtidos pela seleção.

Apesar das considerações anteriores, deve ser ressaltado que a heterose é definida como medida relativa da geração  $F_1$  em relação a seu genitor (CRUZ e REGAZZI, 1997), e assim escolha dos genitores apenas com base em sua divergência, sem levar em consideração seus desempenhos pode não ser uma boa estratégia para o melhoramento genético de plantas. Pelo exposto, pode-se concluir que o mais apropriado é recomendar cruzamentos entre genótipos divergentes, mas que também evidenciam desempenho superior em relação aos principais caracteres de importância agrônômica.

Na Tabela 4 são apresentadas as médias referentes aos seis caracteres agrônômicos dos nove genótipos de feijão comum com grão do tipo carioca em estudo. Como pode ser observado, o genótipo 8 (LR 9115315) pode ser destacado como o de desempenho mais favorável, principalmente em termos de ciclo vegetativo, ciclo total, ponto de inserção do primeiro legume e peso de mil grãos. Coincidentemente, este é o genótipo mais divergente. Tal fato, prediz que cruzamentos que envolvam o genótipo (LR 9115315) podem ser mais promissores, principalmente para estes quatro caracteres de importância agrônômica citados anteriormente. Por outro lado, o cruzamento entre os genótipos 6 (LM 93204019) e 7 (LR 9115315), possivelmente, seja o cruzamento mais promissor, principalmente, em termos de rendimento de grãos por unidade de área e número de grão por legume. Certamente, o cruzamento entre estes genótipos não

levaria a nenhum estreitamento da base genética, pois estes genótipos são bem divergentes em relação aos demais materiais. FEDERIZZI, (1998) comenta que muitos dos caracteres de importância agrônômica como rendimento de grãos e peso de grãos são controlados por um grande número de genes, cada um com pequeno efeito no fenótipo, e são de difícil identificação e seleção. Portanto, a identificação de genótipos contrastantes através da estatística multivariada ( $D^2$ ) é relevante para o programa de melhoramento lograr êxito na seleção.

Na Tabela 2 são também apresentadas as médias referentes aos seis caracteres em questão, dos possíveis híbridos, dentre os cinco genitores em estudo. Pode ser observado que os cruzamentos de melhor desempenho foram aqueles que envolveram o genitor 7 (LP 93-81), enquanto os cruzamentos dos genitores 1x8 ( $D^2=23,93$ ), 8x9 ( $D^2=37,25$ ) e 6x9 ( $D^2=1,21$ ) não se mostraram tão promissores.

A eficiência na predição pode também ser constatada pela magnitude dos coeficientes de correlação, tanto de Pearson quanto de Spearman, entre a divergência genética dos genitores, expressa em  $D^2$ , e o desempenho de seus híbridos para a maioria dos caracteres avaliados. Deste modo, pode ser destacado o número de dias entre a emergência e o florescimento, número de dias entre a emergência e a maturação de colheita e o ponto de inserção do primeiro legume, cujas as correlações com  $D^2$  foram 0,75, 0,76 e 0,63, respectivamente. A correlação entre divergência genética e a heterose nos híbridos também foi estimada por MALUF *et al.* (1983) em 0,72 com trabalhos em tomate SHAMSUDDIN (1985), em 0,45, com trabalhos em trigo e, por CRUZ *et al.* (1994) em 0,79 com trabalhos em milho.

Apesar da maioria das correlações entre a divergência genética dos genitores e do desempenho médio dos possíveis híbridos ter sido positiva, também constatou-se correlação negativa. Este foi, o caso da correlação entre as divergências dos pais e a média do híbrido para o caráter rendimento de grãos por unidade de área. Para CRUZ *et al.* (1994) a eficiência da predição é dependente da existência de efeitos de dominância unidirecionais no controle gênico do caráter a ser estimado.

Algumas considerações devem ser feitas a respeito da correlação negativa verificada entre a diversidade genética ( $D^2$ ) dos genitores e dos caracteres número de grãos por legume e rendimento de grãos por unidade de área nas possíveis combinações híbridas. Estas condições foram estabelecidas entre uma estatística multivariada e dois caracteres quantitativos de herança genética complexa, determinadas por um grande número de interações inter e intra-gênica, bem como suscetível a influência do ambiente. Deste modo, torna-se difícil estabelecer relações de alta magnitude e positiva neste tipo de estudo (MIRANDA *et al.*, 1988).

TABELA 2. Estimativas da divergência genética entre pares de genitores, expressas pela distância generalizada de Mahalanobis e, das médias dos híbridos referentes a seis caracteres agrônômicos e as suas respectivas correlações<sup>1</sup>

Genitores	D <sup>2</sup>	FL	MC	PIL	NGL	PMG	REND
1 e 2	12,89	36,1	81,3	16,6	4,7	236,3	2.061,5
1 e 3	6,23	36,0	80,9	16,8	4,5	237,6	1.955,0
1 e 4	24,42	37,5	81,4	19,9	4,5	214,5	1.944,3
1 e 5	24,56	36,0	82,0	18,2	4,9	230,4	2.074,3
1 e 6	18,98	35,9	82,0	18,3	4,7	222,8	2.027,0
1 e 7	32,09	37,9	81,9	17,9	4,8	231,0	2.227,2
1 e 8	23,93	38,9	85,3	21,8	4,0	232,5	1.662,3
1 e 9	15,13	36,5	82,4	18,9	4,7	225,4	1.978,4
2 e 3	2,69	34,6	79,9	17,1	4,8	239,1	2.235,0
2 e 4	21,97	36,1	80,4	20,3	4,9	216,0	2.224,3
2 e 5	5,11	34,6	81,0	18,6	5,3	231,9	2.354,3
2 e 6	6,44	34,5	81,0	18,6	5,0	224,3	2.307,0
2 e 7	12,57	36,5	80,9	18,3	5,2	232,5	2.507,2
2 e 8	52,80	37,5	84,3	22,1	4,3	234,0	1.942,3
2 e 9	6,34	35,1	81,4	19,3	5,1	226,9	2.258,4
3 e 4	20,48	36,5	80,0	20,5	4,7	217,4	2.117,8
3 e 5	12,68	35,0	80,6	18,8	5,1	233,3	2.247,8
3 e 6	11,53	34,9	80,6	18,8	4,9	225,6	2.200,5
3 e 7	18,19	36,9	80,5	18,5	5,0	233,9	2.400,7
3 e 8	42,81	37,9	83,9	22,3	4,2	235,4	1.835,8
3 e 9	9,93	35,5	81,0	19,5	4,9	228,3	2.151,9
4 e 5	21,35	36,5	81,1	21,9	5,1	210,1	2.237,0
4 e 6	10,30	36,4	81,1	21,9	4,9	202,5	2.189,8
4 e 7	17,56	38,4	81,0	21,6	5,0	210,8	2.389,8
4 e 8	37,81	39,4	84,4	25,5	4,2	212,3	1.825,0
4 e 9	9,51	37,0	81,5	22,6	4,9	205,1	2.141,2
5 e 6	4,61	34,9	81,8	20,3	5,3	218,4	2.319,8
5 e 7	8,14	36,9	81,6	19,9	5,4	226,6	2.519,9
5 e 8	58,77	37,9	85,0	23,8	4,6	228,1	1.955,0
5 e 9	3,74	35,5	82,1	20,9	5,3	221,0	2.271,2
6 e 7	12,73	36,8	81,6	19,9	5,2	219,0	2.472,7
6 e 8	46,45	37,8	85,0	23,8	4,4	220,5	1.907,8
6 e 9	1,21	35,4	82,1	20,9	5,1	213,4	2.223,9
7 e 8	58,72	39,8	84,9	23,5	4,5	228,8	2.107,9
7 e 9	10,07	37,4	82,0	20,6	5,2	221,6	2.424,1
8 e 9	37,25	38,4	85,4	24,5	4,4	223,1	1.859,2
Correlação Pearson		0,75*	0,76*	0,63*	-0,68*	0,11	-0,57*
Correlação Spearman		0,76*	0,48*	0,44*	-0,69*	0,04	-0,60*

<sup>1/</sup> \* significativo pelo teste t ao nível de 0,01, de Prob>|R| sob H<sub>0</sub>:Rho=0 /N=36.

<sup>1</sup>FL= número de dias entre a emergência e o florescimento; MC = número de dias entre a emergência e a maturação de colheita; PIL = ponto de inserção do primeiro legume medido em cm; NGL= número de grãos por legume, PMG = peso de mil grãos em g; REND= rendimento de grãos por unidade de área em kg/ha. Lages/SC, no ano agrícola de 1996/97.

TABELA 3. Grupos de similaridades entre nove genótipos de feijão comum com grão tipo carioca estabelecidos pelo método de Tocher a partir das distancias generalizadas de da estatística multivariada de Mahalanobis. Lages/SC, no ano agrícola de 1996/97

GRUPOS	GENÓTIPOS
<I>	6. (LM 93204319), 9. (TB 94-05), 5. (IAPAR 31), 2. (CARIOCA), 3. (CARIOCA 80 SH), 7. (LR 9115315), 4. (FT 206), 1. (AN 9022180)
<II>	8. ( LR 9115315)

TABELA 4. Média de nove genótipos de feijão comum com grão tipo Carioca referentes a seis caracteres

GENÓTIPOS	FL	MC	PIL	NGL	PMG	REND
1- AN 9022180	37,00 a b c	82,3 b	16,2 b	4,3 c d	234,8 a	1782 c d
2- CARIOCA	34,25 c	80,3 b	16,9 b	5,0 a b c	237,8 a	2342 a b
3- CARIOCA 80 SH	35,00 b c	79,5 b	17,3 b	4,7 b c	240,5 a	2129 b c
4- FT206	38,00 a b c	80,5 b	23,6 a b	4,7 b c	194,3 b	2107 b c
5- IAPAR 31	35,00 b c	81,8 b	20,3 a b	5,6 a	226,0 a	2367 a b
6- LM 93204319	34,75 b c	81,8 b	20,3 a b	5,1 a b c	210,8 a b	2273 a b c
7- LP 93-81	38,75 a	81,5 b	19,6 a b	5,3 a b	227,3 a	2672 a
8- LR 9115315	40,75 a b	88,3 a b	27,4 a b	3,7 d	230,3 a	1543 d
9- TB 94-05	36,00 b c	82,5 b	21,6 a b	5,1 a b c	216,0 a b	2175 a b c

<sup>1/</sup> as médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey, a 0,05 de probabilidade.

FL= número de dias entre a emergência e o florescimento; MC = número de dias entre a emergência e a maturação de colheita; PIL = ponto de inserção do primeiro legume medido em cm; NGL= número de grãos por legume, PMG = peso de mil grãos em g; REND= rendimento de grãos por unidade de área em kg/ha. Lages/SC, no ano agrícola de 1996/97.

TABELA 5. Contribuição relativa dos seis caracteres agrônômicos avaliados para a divergência genética em nove linhagens de feijão comum com grão tipo carioca caracterizados no município de Lages/SC, no ano agrícola de 1996/97.

Caracteres	Contribuição <sup>1/</sup>
número de grãos por legume	25,87
produção de grãos por unidade de área	22,57
peso de mil grãos	14,81
emergência a maturação de colheita	13,59
emergência ao florescimento	13,07
ponto de inserção do primeiro legume	10,10

<sup>1/</sup> contribuição relativa em percentagem

A contribuição relativa dos caracteres avaliados para a divergência genética dos nove genótipos de feijão comum com grão tipo carioca estão descritas na Tabela 5. Pode ser observado nesta tabela que os caracteres não tiveram a mesma estimativa da contribuição relativa. Para RAMALHO *et al.* (1993) é importante salientar que caracteres com herança qualitativa são bons marcadores genéticos, porque são pouco influenciados pelo ambiente e, provavelmente controlados por poucos genes de grande efeito sobre o fenótipo. Por outro lado, a avaliação de caracteres morfológicos para a estimativa de relacionamento genético sofre a influência de fatores do ambiente, o que pode determinar desvios significativos nas estimativas realizadas (BARBOSA NETO e BERED, 1998). Assim sendo, os caracteres número de grãos por planta (25,86%) e rendimento de grãos (22,56) evidenciaram uma estimativa da contribuição relativa para a divergência genética elevada e de valores muito próximos entre os dois caracteres avaliados. Fato este, sugere que estes caracteres podem ser priorizados nos estudos de divergência genética do feijão comum com grão tipo carioca, possivelmente, sem redução na variabilidade destes caracteres avaliados. Além disto, estes resultados sugerem que o progresso genético pode ter êxito mediante aplicação direta de diversos métodos de seleção empregados no melhoramento clássico, pois a variabilidade existente em feijão comum com grão tipo carioca provavelmente, não será fator limitante na

seleção de genótipos superiores e, que a técnica de análise multivariada pelas distâncias generalizadas de Mahalanobis, pode ser utilizada para detecção da diversidade genética entre os genótipos de feijão em programas de melhoramento genético da cultura.

## CONCLUSÕES

Os genótipos 6 (LM 93204319) e 9 (TB 94-05) são os mais similares. O genótipo 8 (LR 9115315) é o mais divergente em relação aos demais. A predição do comportamento dos híbridos é satisfatório, principalmente em termos de ciclo vegetativo, ciclo total e o ponto de inserção do primeiro legume. Entretanto, a eficiência da predição é dependente da existência de efeitos de dominância no controle gênico.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BALDISSERA, I. T.; SCHERER, E.E. Correção da acidez do solo e adubação da cultura do feijão. In: EPAGRI. **A cultura do feijão em Santa Catarina**. EPAGRI, Florianópolis, 1992. p.115-136. 285p.
- BARBOSA NETO, J.F.; BERED, F. Marcadores moleculares e diversidade genética no melhoramento de plantas. In: **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre, 1998. p. 29-41. 141p.

- CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. Sistema Estándar para la evaluación de Germoplasma de Frijol. Cali, Colômbia.1991. 2 ed. 56p.
- COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; CARVALHO, F.I.F. Estimativas de parâmetros genéticos do rendimento de grãos e seus componentes com implicações na seleção indireta em genótipos de feijão preto. *Ciência Rural*. Santa Maria, v.29, n.01, 1999 a (no prelo).
- COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; CARVALHO, F.I.F. *et al.*. Análise de trilhar. I: Análise do rendimento de grãos e seus componentes. *Ciência Rural*. Santa Maria, v.29, n.02, 1999 b (no prelo).
- CRUZ, C.D. **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Ed. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1997. 442p.
- CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P.; VENCOVSKY, R. Estudo sobre divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência genética de progenitores. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 41, n. 234. p. 183-191, 1994.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2. Ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacao (*Theobroma cacao* L.). *Revista Brasileira de Genética*. Ribeirão Preto, v.20, n. 1. p.63-70, 1997.
- FALCONER, D.S., MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. England: Longman, 1996. 463 p.
- FAO - Food and **Agriculture Organization of the United Nations** (1991). Productions yearbook. V. 45. Rome, p. 100-101.
- FEDERIZZI, L.C. Estrutura de um programa de melhoramento de plantas e possíveis aplicações de marcadores moleculares: Visão do melhorista. In: **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre, 1998. p. 03-17. 141p.
- FRANCO, F.A.; CARVALHO, F.I.F. Progresso genético no rendimento de trigo e sua associação com diferentes caracteres sob variáveis ambientais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, v.22, p.311-321, 1987.
- HARRIS, R.J. **A primer of multivariate statistics**. Academic Press, New York. 1975p.
- MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F<sub>1</sub> hybrids. *Revista Brasileira de Genética*. Ribeirão Preto. v.3, p. 453-468. 1983.
- MESSMER, M.M.; MELCHINGER, A.E.; HERMANN, R.G. *et al.*. Relationships among early european maize inbreds: I. Comparison of pedigree and RFLP data. *Crop Science*. v.33, p. 944-950. 1993.
- MIRANDA, J. E. C.; CRUZ, C. D.; COSTA. C. P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum* L.) pela divergência genética dos progenitores. *Revista Brasileira de Genética*. Ribeirão Preto, v.11, n. 4. p.929-937, 1988.
- PÁRRAGA, M.S.; NETTO, A.J.; PEREIRA, P. *et al.*. Avaliação do conteúdo de proteína total de duzentos cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) visando seu melhoramento genético. *Revista Ciência e Prática*. Lavras, v.5, n.1. p.7-11, 1981.
- PETERSEN, L.; OSTERGARD, H.; GIESE, H. Genetic diversity among wild end cultivated barley as revealed by RFLP. *Theor. Appl. Genet.* v. 89, p. 676-681, 1994.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M, J de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Aplicações ao Melhoramento do Feijoeiro. Goiânia, 1993, 271p.
- SAS **User's Guide**: Statistics, Version 5 Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc., 1985. 965 pp.
- SHAMSUDDIN, A.K.M. Genetic diversity in relation to heterosis and combining ability in spring wheat. *Theor. Appl. Genet.* v.70, p. 306-308. 1985.
- STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. 1960. **Principles and procedures of statistics**. 2nd. Ed. New York, McGraw-Hill. 473p.
- 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.