

# IDENTIFICAÇÃO DA DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM (*Phaseolus vulgaris* L.) DO GRUPO PRETO

## GENETIC DISSIMILARITY AMONG BLACK-SEEDED COMMON BEAN (*Phaseolus vulgaris* L.) GENOTYPES

BENIN, Giovanni<sup>1</sup>; CARVALHO, Fernando I. F. de<sup>2</sup>; ASSMANN, Isidoro C.<sup>3</sup>; CIGOLINI, Jeanppiere<sup>4</sup>; CRUZ, Pedro J.<sup>5</sup>; MARCHIORO, Volmir S.<sup>5</sup>; LORENCETTI, Claudir<sup>5</sup>; SILVA, José A.G.<sup>5</sup>

### RESUMO

Com o objetivo de avaliar a dissimilaridade genética entre 58 genótipos de feijão preto (*Phaseolus vulgaris* L.), foram utilizados dados de seis caracteres agrônômicos obtidos em experimento conduzido em delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. Foram empregadas análises por variáveis canônicas e técnicas de agrupamentos por meio dos métodos de Tocher e vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) como medida de dissimilaridade. Os genótipos testados constituíram 22 grupos distintos pelo agrupamento de Tocher. O caráter peso de mil grãos apresentou a maior contribuição relativa para a dissimilaridade genética total. Os resultados obtidos permitiram discriminar genótipos para serem estrategicamente utilizados em hibridações artificiais dirigidas.

Palavras chave: Escolha de genitores, análise multivariada, variáveis canônicas, métodos de agrupamento.

### INTRODUÇÃO

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento básico na dieta da população brasileira, sendo uma notável fonte protéica. É também um dos produtos agrícolas de maior importância econômica e social, devido ao grande volume de mão-de-obra que emprega durante o ciclo da cultura.

Entre as principais decisões que os melhoristas de feijão tomam constantemente, está a escolha de genitores que darão origem às populações segregantes. A classificação de genótipos utilizando os recursos da análise multivariada tem oferecido contribuições efetivas no melhoramento genético de várias culturas (SANTOS et al., 2000), pois fornecem parâmetros para a identificação de genitores que possibilitem maior efeito heterótico na progênie e maior possibilidade de

recuperar recombinantes superiores nas gerações segregantes (CRUZ & REGAZZI, 1997). Para MOURA et al. (1999), a determinação da dissimilaridade genética, onde diversos caracteres podem ser dimensionados simultaneamente nos genótipos, se apresenta como muito vantajosa na identificação da variabilidade genética.

Os cultivares registrados e linhagens selecionadas em diversos programas de melhoramento, por possuírem características favoráveis, constituem importante fonte de variabilidade genética para a escolha de genitores (EMYGDIO et al., 1998), sendo necessária a identificação dos melhores genótipos. Neste sentido, os objetivos deste trabalho foram: 1) promover o agrupamento de genótipos em função da dissimilaridade genética; 2) indicar a contribuição relativa dos caracteres avaliados para a dissimilaridade genética e; 3) apontar as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinâncias superiores.

### MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado no sistema de plantio direto em fevereiro do ano agrícola 2000 (safrinha), no município de Pato Branco, localizado na região Sudoeste do estado do Paraná, sobre Latossolo Bruno Roxo Álico. A área experimental está situada à latitude de 26° 07' S e longitude de 52° 41' W (IAPAR, 1994), com 700 metros de altitude e clima na fase de transição Cfb (clima temperado) e Cfa (clima subtropical).

A adubação de base, conforme análise do solo, constou de 15, 55 e 60 kg ha<sup>-1</sup> de NPK. Em cobertura, no estágio de duas folhas trifolioladas, procedeu-se a aplicação de 50 kg ha<sup>-1</sup> de N (uréia). Os tratamentos foram arranajados em

<sup>1</sup> Engenheiro Agrônomo, estudante do Curso de Doutorado em Agronomia (Fitomelhoramento) da Universidade Federal de Pelotas (UFPel), Pelotas/RS - Bolsista do CNPq. E-mail: bening@ufpel.tche.br - gibn@ibest.com.br

<sup>2</sup> Engenheiro Agrônomo (Ph.D.), Prof. do Depto de Fitotecnia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM/UFPel), - Campus Universitário Cx. Postal: 354, CEP 96001-970, Pelotas/RS. E-mail: carvalho@ufpel.tche.br

<sup>3</sup> Engenheiro Agrônomo (Dr), Prof. do CEFET-PR/UNED-PB, Via do Conhecimento km 01, Caixa Postal 571, CEP 85503-390, Pato Branco/PR. E-mail: ica@pb.cefet-pr.br

<sup>4</sup> Acadêmico do Curso de Agronomia do CEFET-PR/UNED-PB. Email: jeanppiere@bol.com.br

<sup>5</sup> Engenheiro Agrônomo, estudante do Curso de Pós-Graduação em Agronomia (Fitomelhoramento) da UFPel.

(Recebido para publicação em 18/06/2002)

delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições, com parcelas de duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,4 metros, com uma área útil de 3,2 m<sup>2</sup>. Foram avaliados 58 genótipos de feijão preto, sendo 54 linhagens e as cultivares-padrão TPS Nobre, Diamante Negro, IAPAR 44 e Minuano. Não foram realizados tratamentos para o controle de moléstias, a fim de se verificar a ocorrência de patógenos nos diferentes genótipos.

Os caracteres avaliados foram: rendimento de grãos (RG), corrigido para 13% umidade; peso de mil grãos (PMG); ciclo vegetativo (CV), obtido através do número de dias entre a emergência das plantas e a floração; e reação às moléstias antracnose (*Colletotrichum lindumuthianum*) (Ant), vírus do mosaico dourado do feijoeiro (VMDF) (VMD) e mancha angular (*Phaeoisariopsis griseola*) (MA). As avaliações de reação a moléstias foram baseadas nos estádios de crescimento da cultura, segundo a escala proposta pelo CIAT (1991).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância univariada, pela qual foram obtidos os arquivos de média e a matriz de variância e covariância residuais, sendo comparados pelo teste de Scott-Knott (SCOTT & KNOTT, 1974). Foram aplicados o método de agrupamentos de Tocher (RAO, 1952) e vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D<sup>2</sup>), como medida de

dissimilaridade. A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética observada entre os genótipos foi realizada seguindo a metodologia empregada por MORAIS et al. (1998) e por meio da participação dos componentes de D<sup>2</sup>, relativos a cada característica, no total da dissimilaridade observada (SINGH, 1981).

Ao representar a dispersão dos escores dos 58 genótipos avaliados pela técnica das variáveis canônicas (CRUZ & REGAZZI, 1997), ocorreram sobreposições de genótipos, impossibilitando a visualização de detalhes das distâncias. Desta forma, foi necessário reunir os genótipos dos grupos formados pelo agrupamento de Tocher em um mesmo tratamento, permitindo assim a visualização da dispersão dos escores em relação às duas primeiras variáveis canônicas, para os 22 grupos formados. As análises foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2001).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variância (Tabela 1) apresenta diferenças significativas a 5% de probabilidade de erro em relação a todos os caracteres avaliados, sendo uma evidência da presença de variabilidade entre os genótipos avaliados.

Tabela 1 - Resumo da análise de variância univariada para caracteres avaliados em 58 genótipos de feijoeiro comum.

Caracteres	Quadrado Médio		Média	CV (%)
	Genótipo	Erro		
Rendimento de grãos (kg ha <sup>-1</sup> )	354624,37**	81441,46	1194,1	23,8
Peso de mil grãos (gramas)	2524,31**	41,67	150,6	4,2
Ciclo vegetativo (dias)	21,68**	2,08	46,1	3,1
Antracnose (nota)	0,58**	0,06	1,9	13,8
Vírus do mosaico dourado (Nota)	0,06**	0,01	2,0	5,8
Mancha angular (nota)	0,04**	0,01	5,2	2,0

\*\*Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F

Na Tabela 2 estão incluídos os resultados dos caracteres avaliados, em que foi utilizado o teste de Scott-Knott para comparação das médias. As diferenças entre os genótipos demonstram presença de variabilidade para os caracteres analisados. O caráter rendimento de grãos variou de 1886 kg ha<sup>-1</sup> (CNFP 8104) a 603 kg ha<sup>-1</sup> (CNFP 8101), ocorrendo diferenças significativas (5%) em relação a cultivar Padrão TPS Nobre, que produziu 1305 kg ha<sup>-1</sup>. A variável que apresentou a maior estratificação dos resultados foi o peso de mil grãos, permitindo a formação de dez classes distintas. Também na Tabela 2, pode ser visualizado que o método de agrupamento de Tocher possibilitou reunir os 58 genótipos de feijão em 22 grupos distintos. A formação destes grupos é de fundamental importância para a escolha de genitores, pois as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridade e no potencial per se dos genitores. Os genótipos reunidos em grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, podendo ser considerados como promissores em cruzamentos artificiais. Entretanto, além de dissimilares, é necessário que os genitores associem média elevada e variabilidade para os caracteres que estejam sendo melhorados.

A contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade genética, observado na Tabela 3, permite identificar que o caráter peso de mil grãos foi realmente eficiente em explicar a dissimilaridade genética entre os 58

genótipos de feijão avaliados, contribuindo com 65% para a dissimilaridade total, indicando que este deve ser priorizado na escolha de genitores em programas de melhoramento. Este resultado está de acordo com a literatura, onde se destacam que o peso de grãos foi o que mais contribuiu para a dissimilaridade total (COIMBRA et al., 1999; COIMBRA & CARVALHO, 1999). Os caracteres restantes apresentaram estimativas de S<sub>v</sub> de pequena magnitude, não se revelando, por conseguinte, de grande importância para a avaliação da dissimilaridade.

O critério de agrupamento adotado pelo método hierárquico vizinho mais próximo, representado na Figura 1, estabelece que primeiramente é formado um grupo de genótipos similares, e as distâncias dos demais são calculadas em relação aos grupos formados (CRUZ & REGAZZI, 1997). Por esta técnica, os genótipos TB 96-05 e TB 96-15 foram os de menor distância, e a maior distância em relação aos demais foi atribuída ao genótipo CNFP 8102. A distância do genótipo CNFP 8102, em relação aos demais genótipos, sugere que este pode ser utilizado com sucesso em hibridações. Entretanto, a fim de possibilitar maior efeito heterótico na progênie e populações segregantes de variabilidade superior, seriam indicadas as hibridações entre CNFP 8102 com os genótipos CI 9690, CNFP 8082, CNFP 8094, CNFP 8097, CNFP 8004 e CNFP 8078.

Tabela 2 - Grupos de similaridade estabelecidos pelo método de Tocher, e comparação de médias para os caracteres rendimento de grãos (RG), peso de mil grãos (PMG), ciclo vegetativo (CV), antracnose (Ant), vírus do mosaico dourado (VMD) e mancha angular (MA) de 58 genótipos de feijão preto.

Genótipos	Grupos	Caracteres avaliados <sup>1</sup>					
		RG (kg ha <sup>-1</sup> )	PMG (g)	CV (dias)	Ant (nota) <sup>2</sup>	VMD (nota) <sup>2</sup>	MA (nota) <sup>2</sup>
CNFP 8093	1	1196 b	140 f	47 a	1,0 c	2,0 b	5,2 b
LP 98-07	1	1123 b	134 g	48 a	1,0 c	2,1 a	6,2 a
TB 96-10	1	1371 a	162 d	48 a	1,0 c	2,0 b	5,5 b
CI 9664	2	1661 a	161 d	43 b	5,7 a	2,0 b	4,2 d
CNFP 8080	2	761 c	151 f	42 c	5,2 a	2,1 a	5,0 c
CNFP 8099	2	1533 a	164 d	40 c	4,0 b	1,7 d	5,2 b
CNFP 8097	2	1750 a	162 d	44 b	1,0 c	1,5 d	4,7 c
CI 9690	3	1725 a	142 f	43 b	1,0 c	1,7 d	5,0 c
CNFP 8085	3	1468 a	197 a	46 a	2,0 c	2,0 b	5,0 c
CNFP 8094	3	1291 a	186 b	40 c	3,2 b	1,7 d	5,0 c
CNFP 8082	4	1441 a	189 b	41 c	4,2 a	1,8 c	5,0 c
Diamante Negro *	4	1186 b	167 c	46 a	3,0 b	2,0 b	4,7 c
CNFP 8090	4	1073 b	170 c	48 a	1,0 c	2,1 a	5,5 b
LP 98-05	4	1116 b	142 f	47 a	1,0 c	2,1 a	5,7 a
CNFP 8083	4	1202 b	181 b	47 a	3,7 b	1,9 c	4,7 c
TB 96-13	4	1467 a	176 c	47 a	1,5 c	2,0 b	5,2 b
CNFP 8101	5	603 c	156 e	46 a	2,2 c	2,3 a	5,5 b
CNFP 8105	5	1145 b	171 c	47 a	2,0 c	2,1 a	5,0 c
TB 96-14	5	1191 b	161 d	47 a	1,7 c	2,0 b	4,5 d
CNFP 8091	5	1663 a	194 a	41 c	1,7 c	1,8 c	5,2 b
CNFP 8108	6	1213 b	153 e	47 a	1,0 c	2,4 a	5,2 b
IAPAR 44 *	6	882 c	146 f	46 a	2,2 c	1,9 c	4,7 c
Minuano *	7	812 c	134 g	44 b	3,7 b	2,3 a	6,0 a
TB 96-09	7	1180 b	153 e	47 a	1,0 c	1,8 c	5,2 b
CNFP 8100	7	1282 a	194 a	47 a	1,0 c	1,9 c	5,0 c
CNFP 7560	8	1239 b	165 c	48 a	1,0 c	1,9 c	4,2 d
CNFP 8103	8	1173 b	126 h	47 a	1,5 c	1,7 d	5,0 c
CNFP 8088	9	1074 b	122 h	47 a	1,2 c	2,3 a	6,0 a
CNFP 8102	9	786 c	104 i	42 c	3,2 b	2,1 a	5,5 b
FT Nobre *	10	1305 a	135 g	46 a	3,0 b	2,0 b	4,5 d
TB 96-08	10	1291 a	135 g	46 a	1,0 c	2,3 a	5,2 b
TB 96-12	10	1565 a	165 c	44 b	1,0 c	1,9 c	5,5 b
CI 9844	10	948 c	204 a	47 a	1,0 c	1,9 c	4,5 d
TB 96-01	11	940 c	93 j	48 a	1,2 c	2,1 a	6,0 a
TB 96-05	11	1090 b	120 h	48 a	1,2 c	2,0 b	5,5 b
CI 9841	11	785 c	116 h	47 a	5,5 a	2,0 b	4,2 d
CI 9851	12	1135 b	168 c	46 a	1,0 c	2,4 a	5,7 a
CNFP 8081	12	1510 a	138 g	47 a	1,5 c	2,0 b	6,0 a
CI 9637	12	883 c	142 f	46 a	1,0 c	2,0 b	5,2 b
CNFP 8098	13	815 c	130 g	46 a	5,5 a	2,1 a	5,2 b
LP 98-01	13	1211 b	148 f	47 a	1,0 c	1,9 c	6,0 a
CI 9849	14	994 b	143 f	46 a	1,2 c	2,0 b	6,0 a
CNFP 8095	14	1320 a	132 g	47 a	1,0 c	1,9 c	6,0 a
TB 96-07	14	1443 a	143 f	47 a	1,0 c	2,0 b	5,0 c
CNFP 8079	14	806 c	161 d	45 a	3,0 b	2,0 b	4,7 c
CNFP 8078	15	1697 a	173 c	40 c	1,0 c	1,6 d	5,5 b
TB 96-02	15	859 c	130 g	47 a	2,5 c	2,0 b	6,0 a
CNFP 8087	16	994 b	129 g	48 a	4,5 a	2,0 b	4,5 d
LP 98-13	16	1053 b	131 g	47 a	1,0 c	2,0 b	5,5 b
CI 972	17	835 c	114 h	47 a	1,0 c	2,1 a	5,0 c
TB 96-15	17	1125 b	123 h	47 a	1,7 c	2,0 b	5,5 b
CI 96144	18	1630 a	147 f	46 a	4,7 a	2,0 b	4,0 d
TB 96-11	18	1547 a	177 b	47 a	1,0 c	2,0 b	5,0 c
CNFP 8104	19	1886 a	162 d	40 c	1,0 c	1,8 c	5,2 b
LP 98-10	20	1064 b	102 i	48 a	1,0 c	2,1 a	5,7 a
CNFP 8106	21	778 c	125 h	47 a	5,2 a	2,0 b	5,2 b
CI 9867	22	1007 b	183 b	48 a	1,0 c	2,0 b	5,2 b
CI 971	22	1120 b	147 f	47 a	3,0 b	2,0 b	5,5 b

<sup>1</sup> Médias seguidas pela mesma letra não diferem significativamente entre si a 5% de probabilidade de erro pelo teste de Scott-Knott.

<sup>2</sup> 1= Resistente; 3= Moderadamente resistente; 5= Moderadamente suscetível; 7= Suscetível.

\*Cultivares Padrão

Tabela 3 - Contribuição relativa dos caracteres rendimento de grãos, peso de mil grãos, ciclo vegetativo, antracnose, vírus do mosaico dourado e mancha angular para a dissimilaridade genética de 58 genótipos de feijoeiro comum, baseada na estatística S de SINGH (1981).

Caracteres avaliados	Dissimilaridade genética		
	S <sub>v</sub>	%	% acumulada
Rendimento de grãos (kg ha <sup>-1</sup> )	3385,5	4,3	4,3
Peso de mil grãos (gramas)	50645,1	65,0	69,3
Ciclo vegetativo (dias)	8869,7	11,3	80,8
Antracnose (nota)	7234,9	9,2	90,0
Vírus do mosaico dourado (nota)	4471,9	5,7	95,7
Mancha angular (nota)	3232,3	4,1	100,0

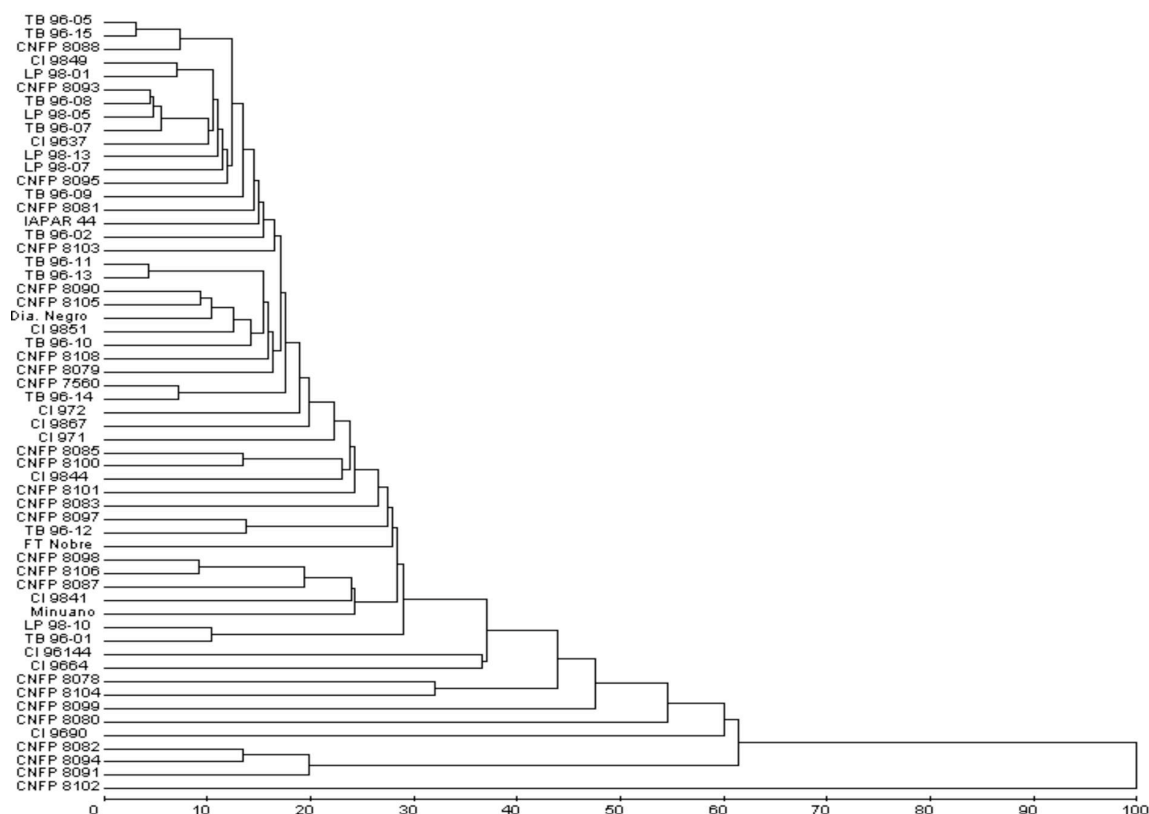


Figura 1 - Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 58 genótipos estudados, obtidas pela técnica do vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

Tabela 4 - Variâncias (autovalores), variâncias percentuais e variâncias acumuladas das variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade entre 58 genótipos de feijão preto.

Variáveis Canônicas	Variâncias (autovetores)	Variâncias Percentuais	Variâncias Acumuladas (%)
1	28,6	76,3	76,3
2	4,1	11,1	87,4
3	2,7	7,3	94,8
4	0,9	2,6	97,4
5	0,6	1,6	99,0
6	0,3	0,9	100,0

As variâncias (autovetores), as variâncias percentuais e as variâncias acumuladas das variáveis canônicas, relativas aos 22 grupos estabelecidos pelo método de Tocher, podem ser visualizadas na Tabela 4. Pelo fato das duas primeiras variáveis canônicas terem explicado mais do que 80% da variância total contida no conjunto total de caracteres analisados (87,4% da variância total acumulada) possibilitam explicar satisfatoriamente a variabilidade manifestada entre os genótipos avaliados e, portanto, permitem interpretar o fenômeno com considerável simplificação (CRUZ, 1987), permitindo serem utilizadas em um gráfico de dispersão bidimensional (CRUZ & REGAZZI, 1997), o qual pode ser visualizado na Figura 2.

Pode ser observado que o grupo 19 e 3 constituíram grupos unitários característicos. No primeiro grupo está o

genótipo CNFP 8104, que evidenciou o maior rendimento de grãos, e no segundo grupo foram reunidos os genótipos CI 9690, CNPF 8085 e CNPF 8094, também de superior rendimento de grãos. Pode ser observado que a técnica de variáveis canônicas dispersou os 22 grupos estabelecidos pelo método de Tocher em 10 agrupamentos distintos, e que os grupos de Tocher mais similares e dissimilares entre si apresentaram distâncias relativas equivalentes no plano bidimensional. Entretanto, pode ser observado que grupos distantes pelo método de Tocher estão representados graficamente muito próximos pela técnica de variáveis canônicas. A separação destes grupos no gráfico é dependente da escala utilizada, o que evidencia um dos aspectos subjetivos desse tipo de análise de dissimilaridade genética, comentada por CRUZ (1990).

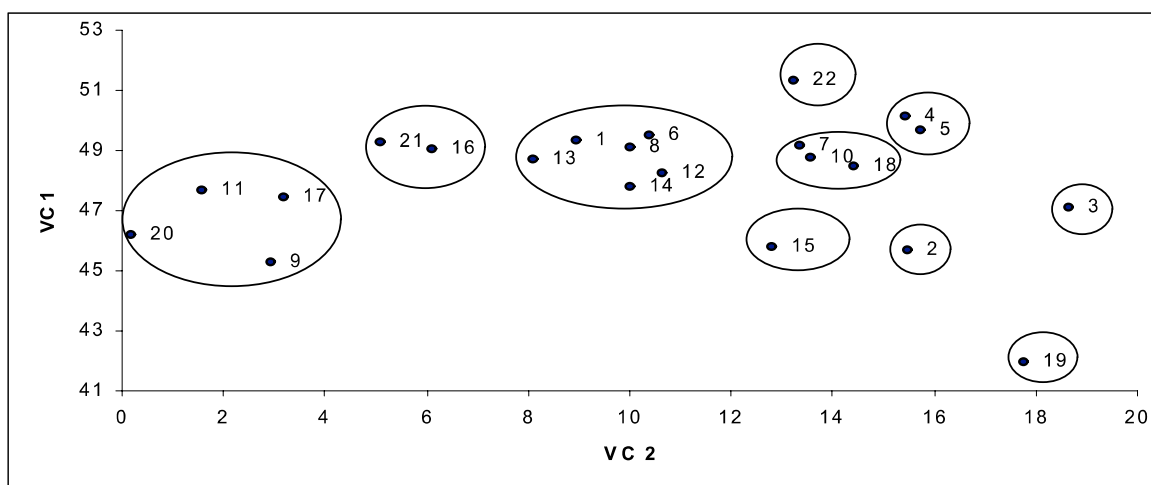


Figura 2 - Dispersão gráfica dos escores da variável canônica 1 (vc1) e da variável canônica 2 (vc2) relativo aos 22 grupos estabelecidos pelo método de agrupamento de Tocher.

A análise de comparação de médias, juntamente com os agrupamentos estabelecidos pelo método de Tocher, vizinho mais próximo e variáveis canônicas, permitem a identificação de quais serão os cruzamentos promissores, bem como aqueles que poderão resultar em variabilidade restrita nas gerações segregantes, como aqueles realizados entre genitores de um mesmo grupo. Neste sentido, poderão ser esperadas como promissoras as seguintes hibridações: CNFP 8097 x CNFP 8104, CI 9690 x CNFP 8104, TB 96-10 x CNFP 8104, CNFP 8102 x CI 9690, CNFP 8102 x CNPF 8082, CNFP 8102 x CNPF 8094, CNFP 8102 x CNPF 8097, CNFP 8102 x CNPF 8004 e CNFP 8102 x CNPF 8078 pois, além de serem dissimilares (Figura 1), apresentam médias elevadas para os caracteres avaliados (Tabela 2), sugerindo que, quando utilizados em hibridações dirigidas em programas de melhoramento genético, possibilitarão ampliar o número de recombinantes desejáveis, a fim de que possam ser utilizados como fontes de obtenção de constituições genéticas superiores.

#### CONCLUSÕES

O caráter peso de mil grãos foi o que mais contribuiu para a dissimilaridade genética total entre os 58 genótipos de feijão testados. A presença de variabilidade possibilitou a

identificação de genótipos dissimilares e com média elevada para os caracteres analisados. As seguintes combinações - CNFP 8097 x CNFP 8104, CI 9690 x CNFP 8104, TB 96-10 x CNFP 8104, CNFP 8102 x CI 9690, CNFP 8102 x CNPF 8082, CNFP 8102 x CNPF 8094, CNFP 8102 x CNPF 8097, CNFP 8102 x CNPF 8004 e CNFP 8102 x CNPF 8078 - são promissoras para cruzamentos e obtenção de populações segregantes com variabilidade superior.

#### ABSTRACT

Multivariate techniques were utilized to evaluate the genetic dissimilarity among 58 genotypes of the black-seeded common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Six traits were evaluated in a field experiment using a randomized complete block design with four replications. Canonical variable analysis and cluster analysis using Tocher's agglomerative method and hierarchical method (nearest neighbor) were applied. Generalized Mahalanobis distance ( $D^2$ ) was used to measure dissimilarity. Genotypes comprised twenty two distinct groups by Tocher's method. Thousand seed weight was the most important trait to the total genetic dissimilarity. The obtained results allowed to characterize genotypes to be strategically used in artificial hybridizations.

Key words: choice of parents, multivariate analysis, canonical variables, cluster analysis.

BENIN et al. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto

#### REFERÊNCIAS

- CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). **Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol**. 2º ed. Cali, Colômbia: CIAT, 1991. 56p.
- COIMBRA, J.L.M.; CARVALHO, F.I.F. Divergência genética em linhagens de feijão preto (*Phaseolus vulgaris* L.) preditas através de variáveis quantitativas. **Revista Científica Rural**, Bagé, v.4, n.1, p.47-53, 1999.
- COIMBRA, J.L.M.; CARVALHO, F.I.F.; HEMP, S. et al. Divergência genética em feijão preto. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.29, n.3, p.427-431, 1999.
- CRUZ, C.D. **Algumas técnicas de análise multivariada no melhoramento de plantas**. Piracicaba: ESALQ, 1987. 75p.
- CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba, 1990. 188 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/ Universidade de São Paulo.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, Editora UFV, 2001. 648p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Divergência genética In: CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, UFV: Imprensa Universitária, 1997. cap. 6, p.287-324.
- EMYGDIO, B.M.; ANTUNES, I.F. SILVEIRA, E.P. et al. Capacidade combinatória para rendimento de grãos de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) recomendadas para o Sul do Brasil. **Agropecuária de Clima Temperado**, Pelotas, v.1, n.1, p.83-89, 1998.
- INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ. **Cartas Climáticas do Estado do Paraná 1994**. Londrina, 49p. (IAPAR-Documento, 18), 1994.
- MORAIS, O.P.; SILVA, J.C.; CRUZ, C.D. et al. Divergência genética entre os genitores da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, p. 150-158, 1998.
- MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D. et al. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação a eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.2, p.217-224, 1999.
- RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952. 390p.
- SANTOS, R.C.; MOREIRA, J.A.N.; FARIAS, R.H. et al. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.55-59, 2000.
- SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v.30, p.507-512, 1974.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, New Delhi, v.41, p.237-245, 1981.