

**CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE  
ACESSOS DE FEIJÃO COMUM**

Luma Alana Vieira Henrique<sup>1</sup>; Juliana Parisotto Poletine<sup>1</sup>; Silene Tais Brondani<sup>1</sup>; Marco Antônio Aparecido Barelli<sup>2</sup>; Valvenarg Pereira da Silva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Maringá – UEM, Departamento de Ciências Agronômicas, Campus de Umuarama, Estrada da Paca s/n, CEP: 87500-000, Bairro São Cristóvão, Umuarama, PR.

E-mail: [luma-henrique@hotmail.com](mailto:luma-henrique@hotmail.com); [jppoletine@uem.br](mailto:jppoletine@uem.br); [silenetais@outlook.com](mailto:silenetais@outlook.com)

<sup>2</sup>Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Faculdade de Ciências Agro-Ambientais, Av. São João, s/nº, CEP 78200-000 Cáceres, MT. E-mail: [mbarelli@unemat.br](mailto:mbarelli@unemat.br); [silvabiologo@hotmail.com](mailto:silvabiologo@hotmail.com)

**RESUMO:** O feijoeiro comum é um alimento protéico e cultivado mundialmente, sendo de grande importância para alimentação em países subdesenvolvidos. O trabalho objetivou reunir informações sobre o comportamento e a divergência genética existente no germoplasma de cultivares tradicionais de *Phaseolus vulgaris* L. coletadas em várias regiões do Brasil e avaliadas naquelas produtoras. Acessos de feijoeiro comum foram avaliados em experimentos, utilizando-se o delineamento em blocos ao acaso, com três repetições e densidade de 10 plantas por metro, em vários locais de interesse. As características avaliadas foram número de dias para o florescimento, altura da inserção da primeira vagem, altura final das plantas, comprimento longitudinal das vagens, número de vagens por planta, número de sementes por vagem, número de sementes por planta, peso de grãos, ciclo, produtividade de grãos e peso hectolitro. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância, com as médias agrupadas pela metodologia de Scott Knott. A divergência genética foi estimada empregando-se análise multivariada com base na distância generalizada de *Mahalanobis* e análises de agrupamento pelos métodos de Tocher e UPGMA. Parâmetros genéticos, variáveis canônicas, importância relativa dos caracteres e correlações genotípicas e fenotípicas também foram estimadas, visando selecionar acessos divergentes e superiores para subseqüentes cruzamentos objetivando resposta heterótica.

**Palavras-chave:** Análise multivariada, *Phaseolus vulgaris* L., variabilidade.

**MORPHOAGRONOMIC CHARACTERIZATION AND GENETIC DIVERGENCE  
OF COMMON BEAN ACCESSIONS**

**ABSTRACT:** Common bean is a protein food and farming worldwide, being really important as a power source in underdeveloped countries. The work aimed to join scientific information in order to determine genetic divergence existing in germplasm accesses of *Phaseolus vulgaris* L. collected in several places and evaluated in that considered producers. Accesses of common bean were evaluated, using randomized blocks design with three replications and density of 10 plants per meter, in several interesting locations. The following characteristics were evaluated: number of days to flowering, medium height of first pod insertion, final medium of plants height, medium length of longitudinal pods, medium number of pods per plant, medium number of seeds per pod, medium number of seeds per plant, weight of 100 seeds, cycle, grain yield and hectoliter weight. Obtained data were submitted to variance analysis, with means grouped by Scott Knott methodology. Genetic divergence among accesses was estimated by using multivariate analysis based on *Mahalanobis* generalized

distance and clustering analysis by Tocher and UPGMA methodologies. Genetic parameters, canonical variables, relative importance of characters and genotypic and phenotypic correlations were also estimated, in order to select divergent and superior accesses in order to conduct subsequently crosses aiming to heterotic response.

**Key Words:** Multivariate analysis, *Phaseolus vulgaris* L., variability.

## INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais produzidas do mundo, sendo a terceira cultura mais importante, depois da soja (*Glycine max* L.) e do amendoim (*Arachis hypogea* L.). O feijão comum é a leguminosa mais importante para consumo humano, sendo fonte de proteína, fibra, ferro, carboidratos complexos, minerais, e vitaminas para milhões de pessoas de países desenvolvidos e subdesenvolvidos e é um dos alimentos básicos para as populações da América do Sul e Leste e Sul da África (Lin et al., 2008).

Por possuir uma alta adaptação nos diversos solos e situações climáticas, o cultivo do feijoeiro comum se estende por todo o ano, podendo ser cultivadas três safras durante esse período. A primeira safra, no período de agosto a fevereiro, é concentrada nas regiões Sul e Sudeste; a segunda safra, entre janeiro a junho, tem o plantio predominante nas regiões do Centro-Oeste e Sul; e, por fim, a terceira safra nos meses de março a junho, sendo cultivado nas regiões Centro-Oeste, Sudeste e Nordeste (Conab, 2017).

Em âmbito mundial o feijão possui pouca importância econômica, isso se deve à falta de conhecimento do seu mercado, além do baixo consumo em países de primeiro mundo, que acaba limitando o comércio internacional. Outro fator que deve ser levado em conta é que os maiores produtores são também os maiores consumidores, fazendo com que o produto produzido permaneça nos limites de seus territórios. Aproximadamente 61% da produção mundial são provenientes de seis países, sendo Myanmar o maior produtor, seguido da Índia e do Brasil. Surgem ainda como maiores produtores a China, EUA e México (Conab, 2018).

Nos países que compõem o Mercosul a produção média nos últimos quatro anos ficou em 3,6 milhões de toneladas. O Brasil se destaca tanto como produtor quanto consumidor, sendo responsável por mais de 90% da produção, com 3,1 milhões de toneladas, seguido da Argentina com 350 mil toneladas, Paraguai com 56 mil toneladas e do Uruguai com 3,5 mil toneladas (Conab, 2018).

No Brasil, a primeira safra de 2018 somou 1,28 milhão de toneladas, a segunda safra 1,29 milhão de toneladas e a terceira safra 734 mil toneladas, sendo que o total da produção na temporada 2018 foi de 3,3 milhões de toneladas (Conab, 2018). Para 2019 é esperada redução na produção, sendo a primeira safra a mais produtiva, com 1,25 milhão de toneladas, a segunda safra com 1,17 milhão de toneladas e a terceira com 502,8 mil toneladas, somando um total de 2,93 milhões de toneladas estimadas para o ano (Sidra, 2019).

O feijão comum é cultivado em uma ampla variedade de ecossistemas, possuindo assim, variabilidade genética expressiva para caracteres agronômicos de interesse (Singh, 1998). Com a utilização de programas de melhoramento, ocorre pressão para seleção de cultivares mais uniformes e produtivas, o que pode ocasionar a perda de alguns caracteres, como estabilidade de produção, resistência à doenças, entre outros. Em compensação materiais crioulos podem conter esses caracteres, devido à grande diversidade genética encontrada em tais genótipos (Loarce et al., 1996; Carbonell et al., 2003; Coelho et al., 2005; Rodrigues, et al., 2005).

O germoplasma do feijão comum apresenta grande variabilidade genética, reconhecidamente usada na agricultura brasileira. Esta variabilidade é indispensável, especialmente para os pequenos agricultores, pois os mesmos selecionam genótipos adaptados às suas condições agro ecológicas e socioeconômicas, diferentes das encontradas nos cultivos empresariais (Cordeiro e Marcatto, 1994). Neste contexto, a caracterização do germoplasma permite a mensuração e documentação de caracteres expressos em diversos ambientes (Lopes et al., 2005).

Segundo Voysestet et al. (1994), o melhoramento genético na cultura do feijão tem como finalidade melhorar o material crioulo de uma determinada região, com propriedades e características de produtividade e resistência semelhante à cultivares comerciais.

A caracterização morfológica e agrônômica das plantas cultivadas é importante, pois através destas, é possível conhecer a divergência genética do conjunto de germoplasma disponível para utilização em programas de melhoramento genético (Elias et al., 2007). A divergência genética tem sido avaliada por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação de heterose, ou por processos preditivos (Cruz e Regazzi, 2004).

A determinação da divergência genética, com o uso da análise multivariada, apresenta-se bastante vantajosa, já que possibilita a identificação de fontes de variabilidade genética, a importância de cada caráter avaliado em relação à divergência genética e, ainda, conhecimento das combinações com maiores chances de sucesso, antes de se realizarem os

cruzamentos. A análise detalhada da expressiva diversidade genética dos acessos tradicionais é muito útil para maximizar a base genética do feijão comum, por meio da introdução de acessos tradicionais em programas de melhoramento (Moura et al., 1999).

O estudo da divergência genética proporciona o conhecimento da variabilidade genética das populações (Cruz e Carneiro, 2006; Sudré et al., 2005), que consiste em ferramenta valiosa para os programas de melhoramento, pois identifica as combinações híbridas entre um grupo de genitores que possam ter maior efeito heterótico e maior heterozigose, de tal forma que, em suas gerações segregantes, ocorra maior possibilidade de identificar genótipos superiores (Cruz e Regazzi, 2001).

Além disso, com base nas estimativas de correlação, é possível praticar a seleção indireta para um caráter principal, principalmente se a seleção de um deles apresenta dificuldade, por baixa herdabilidade ou por problemas de medição e identificação. Ou seja, se dois caracteres apresentam correlações genéticas favoráveis, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta, onde, em alguns casos, com base na resposta correlacionada, pode levar a progressos mais rápidos, se comparado à seleção direta para o caráter desejado (Cruz et al., 2012).

A utilização de análises multivariadas tem a finalidade de evitar cruzamentos excessivos ou qualquer seguimento no programa de melhoramento genético e dessa forma, essas técnicas têm se tornado uma opção vantajosa na otimização do uso ou da avaliação de coleções de germoplasma (Dias, 1994).

Na predição da divergência genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados, entre os quais, citam-se a análise por componentes principais, por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos (Cruz et al., 2012). Critérios como, o conjunto de dados, a análise a ser realizada e qual a precisão requerida são fundamentais para a escolha do método multivariado a ser utilizado (Cruz e Regazzi, 2001).

Em vista do exposto este trabalho objetivou reunir informações sobre a caracterização da divergência genética existente no germoplasma de acessos tradicionais de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), coletados e avaliados em diversas regiões, analisando-se características morfoagronômicas, por meio de técnicas multivariadas, variáveis canônicas e estudo de correlações.

## **O FEIJOEIRO COMUM: ASPECTOS GERAIS E CENTRO DE ORIGEM**

O feijoeiro pertence à família das Fabáceas, subfamília Papilionoideae e gênero *Phaseolus*, possuindo 55 espécies conhecidas com apenas cinco cultivadas, sendo: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray var. *latifolius* Freeman e *P. polyanthus* Greeman (Debouck, 1993). Entre tais espécies, o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), é a mais importante, por tratar-se da espécie mais amplamente cultivada, mais antiga e utilizada para a alimentação de povos dos cinco continentes (Cepef, 2001).

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é originário das Américas e classificado como uma planta anual diplóide ( $2n=2x=22$ ), sendo apontado como uma espécie não cêntrica, pois não possui um centro específico de localização e origem, apresentando domesticação independente (Harlan, 1971).

A planta possui hábito de crescimento determinado ou indeterminado, de acordo com sua constituição genética (Silbernagel, 1986; Vieira, 1998 e Teixeira et al., 2004). A espécie não tolera temperaturas muito baixas, entretanto apresenta ampla adaptação a climas quentes e amenos e tal condição favorece o cultivo da planta em uma faixa térmica que varia de 18°C a 30°C (Peixoto et al., 2002).

O surgimento da agricultura possibilitou o início de uma grande transformação demográfica global, pois a partir desse acontecimento houve o advento das civilizações (Diamond, 2002). Nesse contexto, a domesticação representou papel importante na transformação do homem, que passou de caçador e explorador para agricultor estabelecido, selecionando espécies que fariam parte da dieta da população no local escolhido para plantio (Bar-Yosef e Belfer-Cohen, 1992; Smith, 2001).

Conhecer a origem e domesticação do feijão comum é de importância fundamental para conservação e uso do germoplasma existente. Dessa forma tornou-se possível obter cultivares com maior potencial e adaptação às condições de cada região. Em nível mundial, é possível encontrar genótipos de feijão comum, extensamente distribuídos do Norte do México ao Noroeste da Argentina (Toro et al. 1990).

Ainda com relação à adaptação e centro de origem, dados relativos à diversidade de faseolina (proteína específica do feijão e responsável por até 50% do nitrogênio total armazenado na semente) sugerem que o feijoeiro comum possui vários locais de domesticação (Chiorato, 2004). Estudos sugerem que a domesticação das variedades atuais de feijão, ocorreu de forma independente como efeito de vários eventos, considerando dois centros primários, um na América Central e o outro ao Sul dos Andes (Sul do Peru, Bolívia,

Norte da Argentina). Sugere-se ainda que exista um terceiro centro na região da Colômbia (Debouck, 1986; Gepts e Debouck, 1991).

Considerando que a domesticação ocorreu de forma independente nas regiões Andinas e Mesoamericanas pode-se apontar dois centros primários de diversidade, ou seja, dois *pools* gênicos (Angioi et al., 2010). A partir dessa determinação pode-se observar nos feijões relacionados ao *pool* gênico Andino a presença de três raças: Nova Granada, Peru e Chile. Nos feijões relacionados ao *pool* Mesoamericano, é relatada a existência de quatro raças (Durango, Jalisco, América Central e Guatemala) (Singh et al., 1991; Beebe et al., 2001).

Segundo Smartt (1978), a domesticação do feijoeiro possibilitou mudanças em algumas características, tais como: redução do comprimento dos internódios; redução do número de nodos (hábito determinado de crescimento); e redução do número de ramificações.

Como conseqüências do processo de domesticação foi observado o surgimento das “síndromes de domesticação”, que é considerada como o conjunto de caracteres que distinguem as plantas cultivadas dos seus ancestrais silvestres (Fuller, 2007). A partir da utilização desse procedimento surgiram inúmeras variedades de diferentes espécies de plantas ou mesmo o surgimento de novas espécies e como resultado de tal ocorrência houve em alguns casos, aumento da variabilidade genética, enquanto que em outros, se obteve a diminuição. Esse fenômeno pode ser observado nos processos de seleção associado ao melhoramento genético de plantas, ou em função da atuação da deriva genética (Ladizinsky, 1998).

O processo de domesticação do feijoeiro ao longo dos anos reduziu profundamente a variabilidade genética, como pode ser observado nos tipos eletroforéticos da faseolina (marcador bioquímico) presentes nos feijões cultivados e silvestres. Essa informação é de grande importância para os programas de melhoramento genético do feijão, que devem priorizar à coleta, manutenção, e, principalmente, à utilização de germoplasma silvestre, para aumentar a base genética dessa planta (Pereira, 1990).

### IMPORTÂNCIA SÓCIO-ECONÔMICA

O feijão comum é uma cultura de significativa importância sócio-econômica no mundo, pois se constitui em alimento de grande importância na dieta alimentar humana (Angioi et al., 2010). É considerado o principal alimento básico da população de diversos países, especialmente aqueles em desenvolvimento, em regiões tropicais e subtropicais, que dependem dessa fonte protéica (Yokoyama, 2003).

Essa leguminosa representa um dos principais componentes da cesta básica das famílias brasileiras, a qual quando combinada com o arroz permite, do ponto de vista nutricional, uma dieta equilibrada de proteínas, sais minerais e substâncias energéticas. Essa combinação é fundamental para diminuir os índices de subnutrição no país, que poderiam ser ainda maiores sem esse alimento (Lollato et al., 2001).

A preferência do consumidor com relação ao tipo de feijão é diversificada de acordo com a região do país, sendo à cor e o tipo de grão as principais características levadas em consideração (Assunção, 2013). Os feijões de grão tipo carioca tem grande aceitação em praticamente todo o território brasileiro, enquanto o feijão preto é mais apreciado nos estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina, sul e leste do Paraná, Rio de Janeiro, sudeste de Minas Gerais e sul do Espírito Santo. E ainda os feijões do tipo mulatinho, mais populares na Região Nordeste, e os do tipo roxo e rosinha nos Estados de Minas Gerais e Goiás (Aidar, 2003).

A produtividade média da cultura do feijão no Brasil é considerada baixa, ainda que existam agricultores brasileiros que utilizam alta tecnologia na produção de feijão conseguindo ultrapassar a marca de 3000 kg ha<sup>-1</sup>. Contudo, a maior parte da produção nacional é obtida por meio de pequenos agricultores com pouca tecnologia e geralmente adubação e controle de pragas deficientes (Vieira et al., 2006).

A baixa produtividade apresentada nos cultivos de feijão é decorrente do uso de práticas culturais inadequadas e a ocorrência de várias doenças. Existe ainda uma preferência do consumidor brasileiro pelo feijão carioca e grãos semelhantes, os quais são, em sua maioria, suscetíveis a vários patógenos e apresentam plantas prostradas, favorecendo o contato das vagens com o solo, ocasionando danos às sementes (Ramalho e Abreu, 2006). Entretanto, a cada ano a cultura do feijão apresenta ganhos devido ao melhoramento genético (Abreu et al., 2004)

A cadeia produtiva do feijão, bem como sua comercialização e beneficiamento geram ocupação e renda, especialmente para a classe menos favorecida da população. Tal cadeia faz com que o feijão possa ser considerado um dos produtos agrícolas de maior importância econômico-social. Essa importância é em virtude, principalmente da mão-de-obra empregada que vai do preparo do solo, semeadura, condução, colheita, processamento, até o produto embalado nas prateleiras do mercado (Gonçalves et al., 2010).

## **DIVERGÊNCIA GENÉTICA**



A variabilidade genética representa grande importância para os programas de melhoramento, pois é a partir dela que se torna possível a obtenção de novas cultivares com caracteres de interesse, viabilizando o emprego de técnicas que possibilitam a identificação de genótipos superiores (Coimbra et al., 2004).

A caracterização e conservação dos recursos genéticos de uma espécie fornecem informações sobre esses genótipos, que são de grande relevância para utilização em programas de melhoramento (Querol, 1993). A partir desse procedimento é possível obter maiores ganhos genéticos no melhoramento e também potencializar o uso destes recursos pelos agricultores e produtores (Coelho, 2007).

O feijão-comum é cultivado em diversos ambientes e em muitos países, o que o torna uma das espécies com ampla variabilidade de caracteres agrônômicos, como hábito de crescimento, tamanho e cor de grãos e ciclo. Em razão disso, classificar as cultivares de acordo com os caracteres morfológicos, adaptativos e evolucionários é de grande utilidade para orientar as hibridações com vistas à populações segregantes (Singh, 1998).

Na caracterização dos genótipos do feijoeiro são gerados dados e informações a partir de caracteres qualitativos e quantitativos relacionados ao rendimento e aos fatores bióticos e abióticos, expressos como resultado da interação genótipo x ambiente (Costa et al., 2007).

É importante preservar a variabilidade genética de tal espécie para a obtenção de maiores ganhos genéticos para a cultura e para a agricultura no Brasil e no mundo. Para isso, o conhecimento e exploração da variabilidade genética favorecem o desenvolvimento de pesquisas, obtendo-se maiores produtividades, competitividade no sistema agrícola e garantia da sustentabilidade da cultura (Fonseca e Silva, 2005).

A diversidade genética pode ser conceituada como a distância entre as populações, indivíduos ou organismos, a partir de diversas características morfológicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares (Amaral Junior e Thiébaud, 1999).

O estudo da diversidade e divergência genética dentro de uma população é essencial para obtenção de informações sobre os recursos genéticos desta, que poderão ser utilizados em programas de melhoramento de plantas (Loarce et al., 1996). As coleções de germoplasma podem ter sua diversidade genética caracterizada a partir de atributos morfológicos de natureza qualitativa ou quantitativa (Moreira et al., 1994).

Através da estimativa da divergência genética é possível deduzir a capacidade específica da combinação da população. Tal medida auxilia melhoristas a concentrar suas pesquisas nas combinações mais promissoras, sem a necessidade de cruzamentos dialélicos



excessivos, pois a heterose que será manifestada nos cruzamentos está diretamente relacionada à divergência genética entre os pais (Falconer, 1981).

Segundo Cruz e Carneiro (2006) investigar a divergência genética das populações permite conhecer a variabilidade genética existente nelas, possibilitando o monitoramento de bancos de germoplasma. Os bancos de germoplasma têm grande importância para o melhoramento genético, pois a partir da manutenção e conservação de genótipos, é possível encontrar material genético de interesse para os programas melhoramento. Assim sendo, a caracterização dos acessos contidos nos bancos de germoplasma auxiliam a identificação de possíveis duplicatas e fornecem parâmetros para a escolha de progenitores para a obtenção de população segregantes (Costa et al., 2006).

A avaliação da diversidade genética pode ser realizada por meio de processos quantitativos e preditivos. Os métodos quantitativos utilizam-se de análises dialéticas, sendo necessário cruzamento entre os genitores e sua posterior avaliação. Os métodos preditivos baseiam-se em diferenças morfológicas, de qualidade nutricional, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em alguma medida de dissimilaridade que possa expressar o grau de diversidade genética entre os genitores (Cruz e Carneiro, 2006).

### ANÁLISE MULTIVARIADA

Para estimar a divergência genética podem ser usados diversos métodos e a escolha irá depender da precisão desejada pelo pesquisador, da facilidade da análise e da maneira como os dados foram obtidos. A análise multivariada pode ser utilizada como forma de estimar a divergência entre os acessos e para selecionar os descritores mais importantes na discriminação dos acessos de um banco de germoplasma (Pereira et al., 1992; Amaral Júnior, 1994).

Esta técnica constitui-se em ferramenta estatística que corresponde a uma variedade de métodos que utilizam, simultaneamente, todas as variáveis na interpretação teórica do conjunto de dados obtidos (Costello e Osborne, 2005). Ao trabalhar com essa técnica deve-se ter atenção para escolher dentre as opções de métodos, os mais apropriados para detectar os padrões esperados nos dados do pesquisador (Magnusson e Mourão, 2003).

A diversidade genética pode ser estudada por meio de técnicas multivariadas que serão utilizadas em planejamento de programas de melhoramento e para a definição de estratégias de trabalho (Toquica et al., 2003). A utilização de análises multivariadas permite avaliar um conjunto de variáveis aleatórias relacionadas entre si, onde cada uma possui o mesmo grau de

importância, fornecendo coeficientes de distância genética entre os genótipos. De acordo com esse conceito, quanto maior a distância genética entre dois genótipos, maiores são as chances de combinações mais promissoras (Chiorato, 2004).

A análise de agrupamento é uma técnica na qual um grupo inicial de observação é dividido em vários outros grupos, essa divisão ocorre a partir de critérios de similaridade ou dissimilaridade genética. Esse método pode ser ainda, complementado com a análise de variáveis canônicas (Cruz et al., 2004).

Existem diversos métodos multivariados que podem ser usados na predição da divergência genética, como a análise por componentes principais, por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. Para a escolha do método mais adequado deve ser considerada a precisão que se deseja, bem como a facilidade de análise e a forma com que os dados foram obtidos (Cruz, 1990; Cruz et al., 1994).

Para estimar a divergência genética podem-se utilizar além de técnicas de análise multivariadas as associações entre elas, como por exemplo, as variáveis canônicas e as distâncias multivariadas (Cruz, 1990).

Rodrigues et al. (2002), em seu trabalho com genótipos de feijão, caracterizaram a variabilidade genética de parte do germoplasma em poder de produtores de feijão no Rio Grande do Sul e de cultivares indicadas pela pesquisa. Concluíram que as cultivares de feijão em poder dos agricultores apresentaram maior variabilidade genética, quando comparadas com as geradas pela pesquisa.

Nos estudos de Oliveira et al. (2003), com variedades de feijão de porte semi-prostrado, os autores verificaram que os materiais que apresentaram maiores contribuições para a identificação da divergência genética foram: comprimento da vagem (36,87%), peso de 100 sementes (19,21%), número de sementes por vagem (9,26%), número de vagens por planta (3,89) e número de nós do ramo principal (1,62%).

Segundo Silva (2011) em seu trabalho com feijão comum, foi possível obter um painel de diversidade contendo 180 genótipos, pela seleção de cultivares de maior interesse para o programa de melhoramento e pelos acessos mais divergentes, apresentando 97,5% da diversidade genética observada no conjunto original de 500 indivíduos.

De acordo com os estudos de Coimbra et al. (1999), sobre divergência genética em feijão preto, avaliando-se caracteres de importância agrônômica através da estatística de *Mahalanobis* e do método de Tocher, verificou-se alto grau de divergência genética entre os

acessos, indicando caracteres agronômicos de número de dias entre a emergência e o florescimento e peso de mil grãos como os que apresentaram maior contribuição relativa.

Chiorato (2004) avaliou a divergência genética entre 993 acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do Banco de Germoplasma do Instituto Agrônomo de Campinas, por meio de descritores botânicos e informações agronômicas, onde observou que os métodos multivariados foram eficientes para análise da diversidade do germoplasma de feijoeiro.

Elias et al. (2007) estudaram a divergência genética em 45 cultivares tradicionais de feijão do grupo comercial preto por meio de técnicas multivariadas, onde puderam constatar que havia divergência genética entre as cultivares tradicionais e as testemunhas comerciais de feijão do grupo preto.

De acordo com Machado et al. (2002) ao avaliarem as técnicas multivariadas para se estimar a divergência genética entre genótipos de feijoeiro utilizando técnicas de análise multivariada, observaram que as técnicas multivariadas foram parcialmente concordantes na identificação da divergência genética entre os genótipos.

Entre os métodos para determinação de análises multivariadas pode-se citar os métodos de agrupamento por otimização e os hierárquicos. O método de otimização mais utilizado é o de Tocher que tem como objetivo separar os indivíduos de forma que otimize (maximize ou minimize) alguma medida predefinida (Cruz e Carneiro, 2006). No método hierárquico, destacam-se o do vizinho mais próximo e o UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Means*), neste, os agrupamentos são identificados na forma de dendogramas.

O método de otimização de Tocher citado por Cruz e Carneiro (2006), é um método de agrupamento simultâneo onde os genótipos são divididos em grupo. Nesse método é utilizado apenas um único critério de agrupamento, sendo a distância média dentro dos grupos sempre menor que a distância média entre os grupos.

No método de agrupamento não-ponderado (UPGMA) são usadas médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, dessa forma evitando-se valores extremos de dissimilaridade (máximo e mínimo) entre os genótipos (Cruz et al., 2004). Nos métodos de agrupamentos, há necessidade da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada, como a distância Euclidiana ou a de *Mahalanobis* (Cruz e Regazzi, 1994). A distância generalizada de *Mahalanobis* é a medida de dissimilaridade utilizada em ensaios experimentais que são conduzidos com repetições, permitindo a obtenção da matriz de covariâncias residuais (Cruz e Regazzi, 2001).

O objetivo da análise de agrupamento é dividir, por meio de algum critério de similaridade ou dissimilaridade, um grupo original de observações em vários outros grupos, essas técnicas podem ainda serem complementadas com a análise de variáveis canônicas para a simplificação estrutural dos dados amostrais (Cruz, 1990; Cruz et al., 2004).

Nos estudos de Cabral et al., (2011) com feijão comum, avaliaram a divergência genética entre 57 acessos utilizando a análise multivariada através do método de agrupamento UPGMA e variáveis canônicas com base na distância generalizada de *Mahalanobis*. Concluindo que as duas análises foram capazes de separar os acessos de acordo com os centros de origem.

### **ESTUDO DE CORRELAÇÕES, PARÂMETROS GENÉTICOS, VARIÁVEIS CANÔNICAS E IMPORTÂNCIA RELATIVA DOS CARACTERES**

Em programas de melhoramento, ao longo do processo de seleção, objetiva-se melhorar um caráter principal, manter ou aprimorando a expressão de outros simultaneamente. Conhecer as relações existentes entre caracteres, tais como os estimados pelas correlações, tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois auxiliam no processo seletivo (Nogueira et al., 2012).

O desenvolvimento de novas cultivares com maior potencial genético para a produtividade é a principal meta dos programas de melhoramento segundo Nogueira et al. (2012). Os estudos de correlações contribuem para a determinação de caracteres que poderão ser utilizados na seleção indireta para a produtividade de grãos (Bárbaro et al., 2007).

A produtividade de grãos é uma característica complexa, resultante a partir da expressão e da associação de diferentes componentes, que são considerados pelo melhorista no processo de seleção de novos genótipos. Para realizar a seleção de forma eficiente são necessários conhecimentos sobre a natureza e a magnitude das variações fenotípicas observadas, bem como sobre as correlações de outras características agrônômicas com a produtividade, ou mesmo entre elas, e sobre a influência ambiental na manifestação dos caracteres (Gomes et al., 2007).

A partir das estimativas de correlação é possível realizar a seleção indireta para um caráter principal, baseando-se na resposta correlacionada, permitindo assim progressos mais

rápidos quando comparado à seleção direta para o caráter desejado. Entretanto essas correlações não determinam a importância relativa das influências diretas e indiretas dos outros caracteres com a produção. Nesse contexto, a análise de trilha pode ser utilizada para determinar a relação causa efeito, permitindo a participação dos coeficientes de correlações tanto em efeitos diretos quanto indiretos (Cruz et al., 2012).

O estudo dos parâmetros genéticos, tais como coeficiente de determinação genotípica, componente de variabilidade genotípica e a relação entre os coeficientes de variação genética e variação ambiental, são de grande importância para o melhorista, pois auxiliam na tomada de decisões quanto ao método de melhoramento para a cultura (Cruz et al., 2012), e as estimativas destes parâmetros genéticos devem ser consideradas na escolha do método de seleção a ser adotado em função da característica de interesse. A herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que ela reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (Vivas et al., 2012).

A variabilidade observada em certos caracteres, como, por exemplo, tolerância à doença, pode ser causada, em maior parte pelas diferenças genéticas existentes entre os indivíduos, enquanto em outros caracteres como produtividade, maior parte da variabilidade identificada pode ser devido às diferenças ambientais aos quais os indivíduos foram expostos. Nesse sentido, nota-se a importância de se determinar a relação da herança genética e do ambiente na expressão do caráter, determinada por meio do cálculo da herdabilidade (coeficiente de determinação) que corresponde à proporção da variabilidade total que é de natureza genética, ou o quociente entre a variância genética e a total (Cruz e Regazzi, 2001).

Além disso, sabe-se que a utilização de genitores não divergentes ou similares reduz as chances de obtenção de progressos na seleção, pois, além da perda de tempo com hibridações e condução de populações segregantes a campo, diminui a probabilidade de desenvolver uma cultivar superior, com características competitivas, para um mercado cada vez mais exigente (Ribeiro e Storck, 2003).

A análise de variáveis canônicas é uma técnica multivariada relatada por Rao (1952) e consiste em processo alternativo para determinar o grau de similaridade genética entre os acessos, considerando tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância entre médias fenotípicas dos caracteres avaliados (Cruz e Regazzi, 2001). Esta técnica possibilita a identificação de genótipos similares em gráficos bi ou tridimensionais para determinar a divergência genética. Apresenta a vantagem de manter o princípio do processo de

agrupamento com base na distância de *Mahalanobis* ( $D_{ii}^2$ ), levando-se em conta as correlações residuais existentes entre as médias dos genótipos avaliados (Cruz et al., 2012).

As informações extraídas da análise de Variáveis Canônicas podem ser utilizadas para a caracterização de coleções de germoplasma e na exploração do vigor híbrido, em programas de melhoramento (Pereira e Cruz, 2003). Quando as primeiras variáveis canônicas explicam acima de 80% da variação total, sua utilização é satisfatória no estudo da divergência genética por meio da avaliação da dispersão gráfica bidimensional dos escores em relação às variáveis canônicas (Cruz e Regazzi, 2001).

As análises de agrupamento e as variáveis canônicas possibilitam que os indivíduos de inúmeras populações sejam representados em espaços multidimensionais, onde as dimensões correspondem ao número de características medidas. Nesse espaço, a proximidade ou a distância dos indivíduos irá apontar a similaridade genética entre eles (Campbell e Atchley, 1981).

Nos estudos conduzidos por Costa et al. (2006), para estimar a divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira, foram utilizadas técnicas de estatística multivariada com base em variáveis canônicas e análise de agrupamento, tendo-se empregado a distância euclidiana média. Nesse estudo os autores constataram que existia reduzida variabilidade genética entre os genótipos estudados.

Tendo por objetivo caracterizar e avaliar o potencial produtivo e a divergência genética de populações de milho, Coimbra et al. (2010) utilizaram para os descritores quantitativos, as análise de variáveis canônicas. Verificaram que havia variabilidade genética entre as populações de milho estudadas e que algumas das populações apresentaram potencial para serem utilizadas em programas de melhoramento.

Machado et al. (2002) avaliaram a diversidade genética entre genótipos de feijão por meio de variáveis canônicas e observaram que as três primeiras variáveis explicaram 99% da variação total. Com o objetivo de avaliar a divergência genética entre 32 clones de café conilon (*Coffea canephora* Pierre ex Frohener) por meio de técnicas multivariadas, empregando-se a técnica de variáveis canônicas, Fonseca et al. (2006) relataram que a técnica de variáveis canônicas foi eficaz na identificação dos genótipos, ou grupos de genótipos mais divergentes.

Segundo Vogt et al. (2010), estimando a divergência genética entre 17 cultivares de girassol, e constataram que apenas as duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) foram suficientes para apresentar mais de 83% da variação genética das cultivares. Tendo por

objetivo avaliar a divergência genética entre 57 acessos de feijão comum, Cabral et al. (2011) verificaram que a dispersão gráfica das variáveis canônicas demonstraram com maior clareza a alta similaridade genética entre as cultivares comerciais, entre os acessos provenientes da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e entre ambos e também a maior diversidade genética dos acessos locais distribuídas nos dois grupos formados.

Pela análise da importância de caracteres é possível classificar variáveis estudadas de acordo com sua contribuição para a diversidade genética e eliminar aquelas com menor contribuição. De acordo com Cruz (2006), o estudo de diversidade genética entre um conjunto de acessos é feito a partir de um conjunto de informações que, em alguns casos, necessita da avaliação de muitos caracteres, demandando grande mão-de-obra e custo. Nesses estudos, é necessário avaliar a importância de cada um deles para a diversidade, identificando-se aqueles que menos contribuem, sendo recomendável seu descarte em estudos futuros.

Segundo Amaral Junior (1996), com base no princípio de que a importância relativa das Variáveis Canônicas decresce da primeira para a última, a variável com maior coeficiente de ponderação no componente de menor autovalor por ser descartada, por apresentar relevância para uma variável canônica de participação pequena, na variação total. Para o descarte de novas variáveis, procede-se da seguinte forma: na penúltima variável canônica, identifica-se o maior elemento e, caso este esteja associado à característica já descartada, passa-se imediatamente para a antepenúltima variável canônica, sem identificar na anterior uma segunda característica de menor importância. Caso contrário, identifica-se o maior elemento na penúltima variável canônica, e, conseqüentemente, a segunda característica menos importante torna-se definida.

Segundo o mesmo autor, o procedimento, assim, continua até alcançar-se a primeira variável canônica, classificando-se as características originais quanto aos graus relativos de participação na dispersão geral dos genótipos avaliados.

## REFERÊNCIAS



ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; CARNEIRO, J.E.S.; GONÇALVES, F.M.A.; SANTOS, J.B.; PELOSO, M.J.D.; FARIA, L.C.; CARNEIRO, G.E.S.; PEREIRA FILHO, I.A. BRSMG Talismã : cammon bean cultivar with carioca grains type. **Annual Report of the Bean improvement Cooperative**, v.47, p.372-374, 2004.

AIDAR, H. **Cultivo do feijoeiro comum**: Embrapa arroz e feijão, 2003. Disponível em: 'http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Feijao/CultivodoFeijoeiro/.Acesso em: 20 abr. 2015.

AMARAL JÚNIOR, A.T. **Análise multivariada e isoenzimática da divergência genética entre acessos de moranga (*Cucurbita maxima* Duchesne)**. 1994. 95p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1994.

AMARAL JUNIOR, A.T. **Análise dialélica de betacaroteno, vitamina C, sólidos solúveis e produção e variabilidade em cultivares de tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill.) via marcadores RAPD**. 1996. 198p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.

AMARAL JUNIOR, A.T.; THIÉBAUT, J.T.J. **Análise multivariada na avaliação da diversidade genética em recursos genéticos vegetais**. Campos dos Goytacazes: UENF, 1999. 55p.

ANGIOI, S.A.; RAU, D.; ATTENE, G.; NANNI, L.; BELLUCCI, E.; LOGOZZO, G.; NEGRI, V.; SPAGNOLETTI ZEULI, P.L.; PAPA, R. Beans in Europe: origin and structure of the European landraces of *Phaseolus vulgaris* L. **Theoretical and Applied Genetics**, v.121, p.829-843, 2010.

ASSUNÇÃO, P.E.V. **Análise da competitividade da cadeia de produção do feijão-comum: um estudo de caso utilizando a matriz de análise de política (map)**. 2013. 81p. Tese (Mestrado em Agronegócio) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.

BÁRBARO, I.M.; CENTURION, M.A.P.; MAURO, A.O.D.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M.; MUNIZ, F.R.S; SILVEIRA, G.D.; SATI, D.G.P. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agronômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas para a reforma de canavial. **Científica, Jaboticabal**, v.35, n.2, p.136-145, 2007.

BAR-YOSEF, O.; BELFER-COHEN, A. From Foraging to Farming. In: GEBAUER, A.B.; PRICE, T.D. (Ed.). **Transitions to Agriculture in Prehistory**. Monographs in World Archaeology, 1992. p.21-48.

BEEBE, S.; RENGIFO, J.; GAITAN, E. Diversity and origin of Andean landraces of common bean. **Crop Science**, v.41, n.3, p.854–862, 2001.

CABRAL, P.D.S.; SOARES, T.C.B.; LIMA, A.B.P.; ALEVES, D.S.; NUNES, J.A. Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.42, n.4, p.898-905, 2011.

CAMPBELL, N.A.; ATCHLEY, W.R. The geometry of canonical variate analysis. **Systematic Zoology**, v.30, n.3, p.268-280, 1981.

CARBONELL, S.A.M.; CARVALHO, C.R.L.; PEPREIRA, V.R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantia**, Campinas, v.62, n.3, p.369-379, 2003

CEPEF – Comissão Estadual de Pesquisa de Feijão. **Feijão: recomendações técnicas para cultivo de feijão no Rio Grande do Sul**. São Cristóvão: Erechim, 2001. 112p.

CHIORATO, A.F. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do banco de germoplasma do Instituto Agrônomo-IAC**. 2004. 85p. Tese (Mestrado em Agronomia) - Instituto Agrônomo-IAC, Campinas, 2004.

COELHO, C.M.M; TSAI, SM.; VITORELLO, V.A. Dynamics of inositol phosphate pools (tris-, tetrakis- and pentakisphosphate) in relation to the rate of phytate synthesis during seed development in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Plant Physiology**, Leipzig, v.162, n.1, p.1-9, 2005.

COELHO, M.M.; COIMBRA, J.L.M.; SOUZA, C.A.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A.F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v.37, n.5, p.1241-1247, 2007.

COIMBRA, J.L.M.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; GUIDOLIN, A.F. Criação de variabilidade genética no caráter estatura de planta em aveia: hibridação artificial x mutação induzida. **Revista Brasileira Agrociência**, Pelotas, v.10, n.3, p.273-280, 2004.

COIMBRA, J.L.M.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C. HEMP, S.; OLIVEIRA, A.C.; SILVA, S.A. Divergência genética em feijão preto. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.29, n.3, p.427-431, 1999.

COIMBRA, R.R.; MIRANDA, G.V.; CRUZ, C.D.; MELO, A.V. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v.41, n.1, p.159-166, 2010.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Compêndio de Estudos Conab / Companhia Nacional de Abastecimento**. v.5, Brasília, 2017.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Perspectivas para a agropecuária**. Brasília, v.6, p.1-112, 2018.

CORDEIRO, A.; MARCATTO, C. Milho: a volta das variedades crioulas. In: GAIFANI, A.; CORDEIRO, A. (Org.). **Cultivando a diversidade: recursos genéticos e segurança alimentar**. Rio de Janeiro: Assessoria e Serviços a Projetos em Agricultura Alternativa, 1994. 205 p.

COSTA, I.R.S.; CAJUEIRO, E.V.M.; MONTEIRO, J.S.; HIRAGE, G.O.; ALVES, P.P.F. Documentação e informação de recursos genéticos. In: NASS, L.L.; (Ed) **Recursos genéticos vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p.605-626.

COSTA, M.N.; PEREIRA, W.E.; BRUNO, R.L.A.; FREIRE, E.C.; NÓBREGA, M.B.M.; MILANI, M.; OLIVEIRA, A.P. Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.11, p.1617-1622, 2006.

COSTELLO, A.B; OSBORNE, J.W. Best practices in exploratory factor analysis: Four recommendations for getting the most from your analysis. **Practical Assessment Research & Evaluation**, v.10, n.7, p.13-24, 2005.

CRUZ, C.D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1990.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1994. 490p.

CRUZ C.D; REGAZZI AJ. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2006. 585p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; CARVALHO, S.P. Estudo sobre divergência genética. III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, Viçosa, v.41, n.234, p.191-201, 1994.

DEBOUCK, D.G. Primary diversification of *Phaseolus* in the Americas: three centers? **Plant Genetic Resources Newsletter**, v.67, p.2-8, 1986.

DIAMOND, J.M. Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. **Nature**, v.418, p.700-707, 2002.

DIAS, L.A.S. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. 94p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1994.

ELIAS, H.T.; VIDIGAL, M.C.G.; GONELA, A.; VOGT, G.A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.10, p.1443-1449, 2007.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman, 1981. 340p.

FONSECA, J.R.; SILVA, H.T. Banco ativo de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 8, 2005 Goiânia. **Anais**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, p.1131-1135.

FULLER, D.Q. Contrasting patterns in crop domestication and domestication rates: recent archaeobotanical insights from the Old World. **Annals of Botany**, v.100, n.5, p.903-924, 2007.

GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Ed.). **Common beans: research for crop improvement**. Cali: CIAT, 1991. p.7-53.

GOMES, C.N.; CARVALHO, S.P.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T.D. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.42, p.112-1130, 2007.

GONÇALVES, J.G.R.; CHIORATO, A.F.; MORAIS, L.K.; PERINA, E.F.; FARIAS, F.L.; CARBONELL, S.A.M. Estudo da estabilidade fenotípica de feijoeiro com grãos especiais. **Ciência e Agrotecnologia**, v.34, n.4, p.922-931, 2010.

HARLAN, J.R. Agricultural origins: centers and no centers. **Science**, Washington, v.174, p.468-474, 1971.

LADIZINSKY, G. **Plant evolution under domestication**. London: Kluwer Academic, 1998. 254p.

LIN, L.Z.; HARNLY, J.M.; PASTOR-CORRALES, M.A.; LUTHRIA, D.L. The polyphenolic profiles of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Chemistry**, v.107, n.1, p.399-410, 2008.

LOARCE, Y.; GALLEGO, R.; FERRER, E. A comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, Wageningen, v.88, n.2, p.107-115, 1996.

LOLLATO, M.A.; SEPULCRI, O.; DEMARCHI, M. **Cadeia produtiva do feijão: Diagnósticos e demandas atuais**. Londrina: IAPAR, 2001. 48p.

LOPES, M.A.; NASS, L.L.; MELO, I.S.; Bioprospecção: Biotecnologia aplicada à prospecção e uso de serviços e funções da Biodiversidade, **Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**, n.34, 2005.

MACHADO, C.F.; SOUSA, G.H.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir das técnicas multivariadas. **Ciência rural**, Santa Maria, v.32, n.2, p.251-258, 2002.

MAGNUSSON, W.E.; MOURÃO, G. **Estatística sem matemática: a ligação entre as questões e a análise**. Curitiba: Planta, 2003. 136p.

MOREIRA, J.A.N.; SANTOS, J.W.; OLIVEIRA, S.R.M. **Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma**. Campina Grande: Embrapa-CNPA, 1994. 115 p.

MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; LIMA, P.C. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.34, n.2, p.217-224, 1999.

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, O.T.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, D.G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.28, n.6, p.877-888, 2012.

OLIVEIRA, F.J.; ANUNCIÇÃO FILHO, C.J.; BASTOS, G.Q.; REIS, O.V. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v 38, n.5 p.605-611, 2003.

PEIXOTO, N.; BRAZ, L.T.; BANZOTTO, D.A.; OLIVEIRA, A.P. Adaptabilidade e estabilidade em feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.20, n.4, p.616-618, 2002.

PEREIRA, P.A.A. Evidências de domesticação e disseminação do feijoeiro comum e consequências para o melhoramento genético da espécie. **Pesquisa agropecuária Brasileira**, Brasília, v.25, n.1, p.19-23, 1990.

PEREIRA, J.J.; CRUZ, C.D. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da diversidade genética de cultivares de arroz. **Revista Ceres**, Viçosa, v.50, n.287, p.4160, 2003.

PEREIRA, A.V.; VENCOSKY, R.; CRUZ, C.D. Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germoplasm. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.15, n.1, p.115-124, 1992.

QUEROL, D. **Recursos genéticos, nosso tesouro esquecido: A abordagem técnica e sócio-econômica**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1993. 206p.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA J.R.T.J.; BORÉM, A. **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**. Viçosa: UFV, 2006. p.415-436.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Willey, 1952. 390 p.

RIBEIRO, N.D., STORCK, L. Genitores potenciais para hibridações identificados por divergência genética em feijão carioca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.3, p.413-421, 2003.

RODRIGUES, J.A.; RIBEIRO, N.D.; LONDERO, P.M.G.; CARGNELUTTI FILHO, A.; GARCIA, D.C. Correlação entre absorção de água e tempo de cozimento em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.1, p.209-214, 2005.

RODRIGUES, L.S.; ANTUNES, I.F.; TEIXEIRA, M.G.; SILVA, J.B. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.9, p.1285-1294. 2002.

SIDRA - Sistema IBGE de Recuperação Automática. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola - fevereiro 2019**. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/home/lspa/brasil>. Acessado: 23 de março de 2019.

SILBERNAGEL, M.J. Snap breeding. In: BASSET, M.J. (ed.). **Breeding vegetable crops**. New York: Avi Publishing, 1986. p.243-282.

SILVA, G.M.B. **Formação de um painel de diversidade genética em feijão comum**. 2011. 50p. Tese (Mestrado em Agricultura tropical e subtropical) – Instituto Agrônomo – IAC, Campinas, 2011.



SINGH, S.P. Breeding for seed yield. In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (ed). **Common beans – Research for crop improvement**. Cali, CAB International, CIAT, 1998. p.388-443.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G.; Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabacea). **Economic Botany**, New York, v.45, n.3, p.379-396, 1991.

SMARTT, J.; GREGORY, W.C.; GREGORY, M.P. The genomes of *Arachis hypogaea*. 1. Cytogenetic studies of putative genome donors. **Euphytica**, v.27, n3, p.665-675, 1978.

SMITH, B.D. Low-Level Food Production. **Journal of Archaeological Research**, v.9, n.1, p.1-43, 2001.

SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, n.1, p.23-27, 2005.

TEIXEIRA, A.B.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; RODRIGUES, R.; PEREIRA, T.N.S.; BRESSAN-SMITH, R.E. Genetic divergence in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. **Crop breeding and applied biotechnology**, Viçosa, v.4, p.57-62, 2004.

TOQUICA, S.P.; RODRÍGUEZ, F.; MARTINEZ, E.; DUQUE, M.C.; TOHME, J. Molecular characterization by AFLPs of capsicum germplasm from the Amazon Department in Colombia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.50, n.6, p.639-647, 2003.

TORO, O.; TOHME, J.; DEBOUCK, D.G. **Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.): Description and distribution**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1990. 109p.

VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão: aspectos gerais da cultura no Estado de Minas**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1998. 569p.

VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão**. Viçosa: UFV, 2006. 600p.

VIVAS, M.; SILVEIRA, S.F.; VIVAS, J.M.S.; PEREIRA, M.G. Patometria, parâmetros genéticos e reação de progênies de mamoeiro à pinta-preta. **Bragantia**, Campinas, v.71, n.2, p.235-238, 2012.

VOGT, G.A.; BALBINOT JÚNIOR, A.A.; SOUZA, A.M. Divergência genética entre cultivares de girassol no planalto norte Catarinense. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.11, n.4, p.307-315, 2010.

VOYSEST, O.; VALECIA, M.C.; AMEZQUITA, M.C. Genetic diversity among Latin America Andean and Mesoamerican common bean cultivars. **Crop Science**, v.34, n.4, p.1100-1110, 1994.

YOKOYAMA, L.P. **Cultivo do feijoeiro comum**: Versão eletrônica. Embrapa arroz e feijão, 2003. (Embrapa arroz e feijão). Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Feijao/CultivodoFeijoeiro/importancia.htm>. Acesso em: 10 mar. 2015.