

Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado¹

Flávia B. Abreu¹; Nilton R. Leal²; Rosana Rodrigues²; Antônio T. do Amaral Júnior²; Derly J. H. da Silva¹

¹UFV, 36571-000 Viçosa-MG, E-mail: flaviaabreu@vicos.ufv.br; ²UENF, CCTA, Av. Alberto Lamego, 2000, Horto, 28015-620 Campos dos Goytacazes-RJ

RESUMO

Devido à importância da cultura do feijão-de-vagem no contexto da agricultura do RJ, a busca por cultivares com maior produção e melhor qualidade é de elevada importância. A determinação da divergência genética, com o uso da análise multivariada, em que diversos caracteres podem ser dimensionados simultaneamente, apresenta-se bastante vantajosa, podendo-se identificar fontes de variabilidade genética, avaliar a importância dos caracteres para a divergência genética, além de permitir aos melhoristas identificar combinações genéticas com maiores chances de sucesso, antes de se realizarem os cruzamentos. Através de técnicas de análise multivariada, verificou-se que acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado, do banco de germoplasma da UENF, apresentaram variabilidade em relação às características avaliadas. O método de otimização de Tocher permitiu a formação de dois grupos, todavia o subagrupamento pelo mesmo método confirmou a presença de variabilidade entre os acessos do grupo 1, pela formação de seis subgrupos. Por este método, verificou-se que não houve relação entre a diversidade genética e a origem geográfica dos acessos. A divergência genética observada entre os acessos de feijão-de-vagem foi quantificada pelas três primeiras variáveis canônicas, que explicaram cerca de 79% da variação total disponível. O descarte das variáveis de menor importância relativa permitiu identificar as características que realmente contribuíram para a determinação da divergência genética: peso de cem sementes, dias para florescimento, diâmetro de vagem, comprimento de vagem, número total de vagens e número médio de vagens. Os acessos UENF-1429, UENF-1432, UENF-1442, UENF-1445 e UENF-1448 apresentaram bom desempenho para as características avaliadas e boa divergência genética entre si, sendo indicadas para o uso do programa de melhoramento genético do feijão-de-vagem.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., melhoramento genético, análise de agrupamento, variáveis canônicas, análise multivariada.

ABSTRACT

Genetic divergence among climbing snap bean accessions

The search for snap bean cultivars presenting better production and quality is of crucial relevance due to the agricultural importance of this crop in the Rio de Janeiro State, Brazil. The determination of genetic divergence by multivariate analysis, through which several characters can be simultaneously dimensioned, is a rather advantageous technique since it allows to identify sources of variability, to evaluate the importance of characters for genetic divergence, and to identify genetic combinations with greater chances of success before crossings are performed. Multivariate analysis techniques allowed us to verify that common bean accessions presenting undetermined growth habits, originated from the UENF germplasm bank, show variability in relation to the evaluated traits. The Tocher optimization method allowed the formation of two groups; however, sub grouping by the same method has confirmed the occurrence of variability among group 1 accessions, from the formation of six subgroups. No relationship between genetic diversity and geographic origin of the accesses was found by using this method. The genetic divergence observed among the common bean accesses was quantified by three canonic variables, which explained around 79% of the total available variation. Discarding the variables of lower relative importance allowed us to identify the traits that have truly contributed to the determination of the genetic divergence: 100-seed weight, days for flowering, pod diameter, pod length, total number of beans and average number of beans. Accesses UENF-1429, UENF-1432, UENF-1442, UENF-1445 and UENF-1448 showed a good performance for the evaluated traits and genetic divergence, being indicated for use in breeding programs of snap beans.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., breeding, cluster analysis, canonical variables, multivariate analysis.

(Recebido para publicação em 15 de janeiro de 2004 e aceito em 25 de maio de 2004)

Instituições brasileiras têm desenvolvido, ao longo dos anos, trabalhos com feijão-de-vagem. Entretanto, a cultura necessita de maior pesquisa, principalmente para incrementar características como produção e qualidade de frutos. No Brasil, o principal veículo de liberação de novas cultivares de feijão-de-vagem são as empresas privadas de produção de sementes, sendo que mui-

tas destas cultivares são importadas (Rodrigues, 1997).

Pesquisas visando ao melhoramento da espécie *P. vulgaris*, tanto com interesse em vagem imatura como em grãos, são de elevada importância. Na escolha dos genitores, para ambos os objetivos, visando hibridação e formação de populações segregantes, deve-se considerar características como qualida-

de para consumo e/ou industrialização e adaptação das linhagens para cultivo na região de abrangência do programa de melhoramento (Zimmermann *et al.*, 1996).

A seleção de progenitores com base em características individuais não é tão interessante quanto a seleção baseada em um conjunto de características. A determinação da divergência genética,

¹ Parte da tese de mestrado da primeira autora, apresentada à UENF

com o uso da análise multivariada, em que diversos caracteres avaliados podem ser utilizados simultaneamente, apresenta-se bastante vantajosa (Moura *et al.*, 1999). Assim, torna-se mais conveniente caracterizar os acessos com base em um complexo de variáveis, ou seja, utilizando-se os métodos multivariados. A importância da divergência genética para o melhoramento reside no fato de que cruzamentos envolvendo genitores geneticamente diferentes são os mais convenientes para produzir alto efeito heterótico e, também, maior variabilidade genética em gerações segregantes (Rao *et al.*, 1981). Para isto busca-se população base para seleção que alie ampla variabilidade genética com alta média para o caráter a ser selecionado (Maluf e Ferreira, 1983).

A divergência genética é comumente avaliada por meio de técnicas biométricas, como as análises dialélicas onde são avaliadas tanto a capacidade específica e geral de combinação quanto a heterose manifestada nos híbridos (Hallauer e Miranda Filho, 1981). Se o número de cultivares é elevado ou a técnica de cruzamento pouco eficiente, o número necessário de cruzamentos pode tornar-se excessivo ou impraticável (Cruz e Regazzi, 1997).

Uma medida de divergência genética que possa ser obtida antes que os cruzamentos sejam efetuados permitiria ao melhorista concentrar esforços naquelas combinações que apresentem maiores chances de sucesso (Maluf e Ferreira, 1983). De acordo com Miranda *et al.* (1988), os métodos preditivos de heterose são aqueles que relacionam a divergência dos progenitores com o desempenho dos híbridos. Segundo Xavier (1996), a hibridação pode ser encarada como uma forma de explorar a heterose para características que representam maior produtividade, ou como meio de reunir atributos específicos de interesse que estão separados nos progenitores. Maluf *et al.* (1983), em estudo com tomate (*Lycopersicon esculentum* L.), e Miranda *et al.* (1988), pesquisando genótipos de pimentão (*Capsicum annuum* L.), utilizando técnicas de análise multivariada para estimar divergência genética, objetivando melhores combinações para obtenção de híbridos, en-

contraram concordância satisfatória entre as combinações mais divergentes e híbridos com desempenho superior.

Diversos pesquisadores têm feito uso da análise multivariada visando quantificar a divergência genética entre genótipos de várias espécies. Na literatura brasileira, existem diversos trabalhos com o gênero *Phaseolus* que tratam da análise multivariada (Oliveira, 1989; Fonseca, 1993; Santos *et al.*, 1997 e Fonseca e Silva, 1999). Maluf e Ferreira (1983), com o objetivo de identificar possíveis genitores para programas de melhoramento do feijão-de-vagem, estudaram a divergência genética entre dez cultivares de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado, usando técnicas de análise multivariada (componentes principais, distâncias Euclidianas e de Mahalanobis). Os autores sugeriram cruzamentos entre as cultivares mais divergentes, que apresentavam médias de produção altas. Este trabalho objetivou obter informações sobre a diversidade genética de 25 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado, tipo mais cultivado no Rio de Janeiro, utilizando-se técnicas de análise multivariada.

MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi realizado em Campos dos Goytacazes (RJ). Os tratamentos utilizados foram 25 acessos de feijão-de-vagem, de hábito de crescimento indeterminado, do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense.

Foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições. A parcela foi composta por 12 plantas, no espaçamento de 1,0x0,5 m e, as análises foram realizadas com base nas 10 plantas centrais da fileira, sendo as duas plantas das extremidades mantidas para a produção de sementes. Utilizou-se bordadura ao redor de todo o experimento.

A semeadura foi realizada em 01/04/2000, e cerca de 15 dias após a emergência, as plantas foram tutoradas com bambu e arame. Durante a condução do experimento, foram efetuados os tratamentos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura, segundo Filgueira (2000),

bem como irrigação por aspersão. Foram realizadas 15 colheitas durante o período de condução do experimento, que foi de aproximadamente 120 dias.

Os acessos foram caracterizados de acordo com *International Plant Genetic Resources Institute* (IPGRI), com algumas adaptações: altura de planta (ALT), expressa em cm; comprimento de vagem (CV), comprimento longitudinal de 10 vagens por planta, expresso em cm; diâmetro de vagem (DV), seção transversal da vagem, obtida com paquímetro digital, de amostra de 10 vagens por planta, expresso em mm; número de lóculos por vagem (NL), obtido em 10 vagens por planta; número de sementes por vagem (NS), obtido em 10 vagens por planta; dias para florescimento (DF), quando havia pelo menos 50% das plantas da parcela florescidas; altura de inserção da primeira vagem (APV), expressa em cm; peso de 100 sementes por planta (PCS), expresso em g; teor de fibra na vagem (FIB), obtido a partir de 10 g de vagens *in natura*, trituradas por 3 minutos em liquidificador; em seguida, as amostras foram colocadas em peneiras de 30 mesh e lavadas em água corrente. Posteriormente, as amostras foram lavadas com acetona (100%), sendo secas em estufa a 105°C por cerca de 1 hora, procedendo-se em seguida à pesagem do material (adaptado de Frank *et al.*, 1961); peso total de vagens (PT), expresso em g; número total de vagens (NT); peso médio de vagem (PM), expresso em g; número médio de vagens (NM), obtido pela razão entre o número total de vagens e o número de plantas da parcela.

As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa GENES (Cruz, 1997). Foi utilizado o critério de Scott-Knott, em nível de significância de 5% de probabilidade, para comparar as médias entre os acessos.

A análise multivariada foi empregada para avaliar a divergência genética entre os acessos, utilizando-se a estatística de Mahalanobis (D^2) (Rao, 1952). A análise de aglomeração foi utilizada para agrupar os genótipos segundo suas distâncias genéticas, utilizando-se o método de otimização de Tocher.

Após a determinação do número de variáveis canônicas, que envolve apro-

Tabela 1. Médias¹ dos acessos de feijão-de-vagem em relação às 13 características analisadas. Campos dos Goytacazes, UENF, 2000.

Acessos	ALT ²	CV	DV	NL	NS	DF	APV	PCS	FIB	PT	NT	PM	NM
UENF-1427	103,43 b	10,20 e	8,20 d	6,25 d	5,75 d	37,50 b	11,00 c	21,50 c	0,30 b	826,88 b	163,25 b	4,96 b	16,50 b
UENF-1428	128,94 b	11,05 d	8,32 d	6,75 c	6,75 c	42,50 a	12,75 c	21,62 c	0,31 b	2669,52 a	611,25 a	4,25 c	61,25 a
UENF-1429	155,22 a	13,11 b	8,35 d	7,75 b	7,50 b	42,50 a	11,75 c	20,72 c	0,24 b	2890,03 a	512,25 a	5,58 b	51,25 a
UENF-1430	102,18 b	11,04 d	8,67 d	6,00 d	5,50 d	33,75 c	12,50 c	18,86 c	0,37 b	937,57 b	188,50 b	4,93 b	19,00 b
UENF-1431	127,88 b	10,95 d	8,21 d	6,50 d	6,25 c	38,00 b	9,75 c	21,66 c	0,38 b	1227,05 b	250,25 b	4,73 b	25,00 b
UENF-1432	119,81 b	11,85 c	7,48 e	7,25 c	6,75 c	43,00 a	11,75 c	28,05 b	0,36 b	2039,34 b	419,00 a	4,77 b	42,25 a
UENF-1433	139,79 a	11,07 d	7,68 e	6,75 c	6,00 d	43,00 a	10,75 c	27,44 b	0,28 b	1190,69 b	275,50 b	4,25 c	27,50 b
UENF-1434	130,31 b	11,45 d	7,70 e	7,00 c	6,25 c	43,75 a	10,75 c	20,32 c	0,35 b	1210,95 b	261,25 b	4,62 b	26,00 b
UENF-1435	112,29 b	11,91 c	8,34 d	7,50 b	6,50 c	35,00 c	11,25 c	18,63 c	0,47 a	768,97 b	153,25 b	5,16 b	15,25 b
UENF-1436	126,66 b	12,13 c	8,82 d	7,00 c	6,25 c	42,50 a	17,25 a	18,50 c	0,31 b	1504,38 b	291,00 b	4,71 b	29,00 b
UENF-1437	109,20 b	12,31 c	8,60 d	7,75 b	7,25 b	40,00 a	13,75 b	17,40 c	0,38 b	1602,74 b	276,75 b	5,67 b	27,75 b
UENF-1438	112,95 b	11,93 c	8,56 d	7,25 c	6,75 c	36,25 b	13,50 b	17,32 c	0,50 a	994,96 b	193,75 b	4,89 b	19,50 b
UENF-1439	121,78 b	12,87 b	9,73 c	8,25 a	7,50 b	43,75 a	11,00 c	18,12 c	0,36 b	1419,49 b	256,50 b	5,26 b	25,50 b
UENF-1440	164,98 a	15,22 a	9,92 c	8,25 a	8,00 a	43,75 a	12,50 c	39,74 a	0,34 b	2044,34 b	319,50 b	6,22 a	31,75 b
UENF-1441	135,86 a	13,36 b	10,65 c	7,50 b	7,25 b	37,50 b	10,00 c	25,09 c	0,36 b	2857,99 a	527,75 a	5,36 b	52,75 a
UENF-1442	183,03 a	15,17 a	10,29 c	8,25 a	8,00 a	46,75 a	8,75 c	30,53 b	0,33 b	4083,55 a	668,75 a	6,11 a	67,00 a
UENF-1443	152,96 a	14,68 a	9,15 d	8,50 a	8,00 a	43,00 a	10,00 c	31,95 b	0,29 b	1124,31 b	201,75 b	5,50 b	20,25 b
UENF-1444	137,15 a	15,58 a	9,95 c	8,25 a	7,50 b	43,75 a	19,50 a	32,38 b	0,37 b	1999,12 b	274,75 b	7,29 a	27,75 b
UENF-1445	135,81 a	15,63 a	10,54 c	8,75 a	8,00 a	42,50 a	12,50 c	33,39 b	0,41 b	2326,98 a	321,50 b	7,14 a	32,50 b
UENF-1446	162,63 a	14,66 a	10,04 c	7,75 b	7,00 b	43,00 a	15,75 b	29,14 b	0,29 b	1417,76 b	213,25 b	6,65 a	21,25 b
UENF-1447	79,08 b	10,28 e	12,71 a	5,50 d	5,00 d	31,25 c	13,00 c	37,98 a	0,49 a	681,40 b	147,25 b	4,84 b	14,50 b
UENF-1448	92,75 b	9,43 e	10,32 c	6,25 d	5,75 d	33,75 c	9,25 c	19,98 c	0,60 a	1454,53 b	408,50 a	3,58 c	41,00 a
UENF-1449	147,24 a	15,94 a	11,35 b	7,75 b	7,50 b	42,50 a	14,50 b	22,80 c	0,48 a	1620,03 b	231,50 b	6,64 a	23,25 b
UENF-1450	156,26 a	15,97 a	10,23 c	8,75 a	8,25 a	45,00 a	14,50 b	28,02 b	0,34 b	1807,22 b	296,50 b	6,36 a	29,75 b
UENF-1451	136,86 a	12,67 b	8,78 d	7,75 b	7,00 b	46,25 a	11,75 c	15,57 c	0,32 b	1607,60 b	297,75 b	5,26 b	30,00 b

¹Médias seguidas pela mesma letra, em cada coluna, pertencem a uma mesma classe, de acordo com o teste de Scott-Knott, em nível de 5% de probabilidade.

ALT²: altura de plantas, CV: comprimento de vagem, DV: diâmetro de vagem, NL: número de lóculos/vagem, NS: número de sementes imaturas/vagem, DF: dias para florescimento, APV: altura de inserção da primeira vagem, PCS: peso de cem sementes, FIB: teor de fibra da vagem, PT: peso total de vagens/parcela, NT: número total de vagens/parcela, PM: peso médio de vagens/parcela e NM: número médio de vagens/parcela.

ximadamente 70 a 80% da variação, estimaram-se os escores relativos às primeiras variáveis canônicas, que foram utilizados para a disposição dos genótipos em gráficos cartesianos de dispersão, o que possibilitou o exame visual da divergência entre acessos. Estudou-se a importância relativa dos diversos caracteres, avaliados para a divergência genética entre os acessos, utilizando-se a metodologia de Singh (1981). O descarte de variáveis foi segundo metodologia utilizada por Garcia (1998).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise univariada

Houve diferença significativa entre as médias dos acessos ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F, para todas as características estudadas, o que

indica a presença de variabilidade genética entre os 25 acessos de feijão-de-vagem.

A característica diâmetro de vagem apresentou maior variabilidade entre os acessos, formando cinco classes diferentes, de acordo com o teste de Scott-Knott, seguida das características número de lóculos por vagem e número de sementes por vagem, que permitiram a formação de quatro classes distintas (Tabela 1). Observou-se que o acesso UENF-1447 possui o maior valor para diâmetro de vagem, constituindo isoladamente uma classe. Os demais acessos se dividiram entre quatro outras classes (Tabela 1).

Quanto à altura de plantas, os acessos se separaram em duas classes, os mais altos obtiveram valores entre 135 e 183 cm, e os mais baixos apresentaram valores entre 79 e 130 cm (Tabela 1).

Os acessos UENF-1440, UENF-1442, UENF-1443, UENF-1445 e UENF-1450 obtiveram as maiores médias em relação às variáveis número de lóculos por vagem e número de sementes por vagem, simultaneamente (Tabela 1).

Genótipos precoces são desejáveis, portanto, destacaram-se os acessos com menor valor médio para as características dias para florescimento. Os acessos que se mostraram precoces foram UENF-1430, UENF-1435, UENF-1447 e UENF-1448 (Tabela 1).

É de interesse dos melhoristas selecionar genótipos que possuam inserção mais alta das primeiras vagens, pois vagens baixas, devido ao contato com o solo, podem ser facilmente deterioradas. Os acessos UENF-1436 e UENF-1444 apresentaram médias mais altas para esta característica (Tabela 1).

Tabela 2. Agrupamento e subagrupamento de 25 acessos de feijão-de-vagem pelo método de otimização de Tocher. Campos dos Goytacazes, UENF, 2000.

Grupos	Sub-grupos	Acessos
1	1.1	UENF-1433, UENF-1434, UENF-1431, UENF-1427, UENF-1430, UENF-1438, UENF-1435, UENF-1437, UENF-1429, UENF-1436, UENF-1451
	1.2	UENF-1440, UENF-1450, UENF-1443, UENF-1446, UENF-1449, UENF-1445
	1.3	UENF-1428, UENF-1432
	1.4	UENF-1439, UENF-1441
	1.5	UENF-1442
	1.6	UENF-1444
2		UENF-1447, UENF-1448

Grande parte dos acessos apresentou baixo teor de fibras nas vagens, o que é fundamental do ponto de vista do consumo do fruto *in natura*, com exceção dos acessos UENF-1435, UENF-1438, UENF-1447, UENF-1448 e UENF-1449 (Tabela 1).

Para as quatro características relacionadas com produção (peso total de vagens, número total de vagens, peso médio de vagem e número médio de vagens) destacou-se o acesso UENF-1442, que esteve presente na primeira classe de todas estas variáveis (Tabela 1).

Análise multivariada

De acordo com as distâncias D^2 de Mahalanobis, entre os pares de acessos, verificou-se que o valor mínimo ocorreu entre o par de acessos UENF-1433 e UENF-1434 ($D^2 = 4,24$), e o máximo para o par UENF-1429 e UENF-1447 ($D^2 = 278,06$), sendo estes últimos, então, os mais divergentes.

Na análise do agrupamento dos acessos pelo método de otimização de Tocher (Tabela 2), observou-se que houve formação de apenas dois grupos; no grupo 1 está a maior parte dos acessos (92%) e, no grupo 2, estão apenas os acessos UENF-1447 e UENF-1448.

O acesso UENF-1447, apesar de se destacar dos demais, não apresentou resultados desejáveis em relação às características número de sementes por vagem, teor de fibra na vagem, peso total de vagens e número total de vagens. Além disso, observou-se que este acesso apresenta vagens bastante curtas e achatadas, não apresentando padrão comercial aceitável.

Embora a técnica de agrupamento minimize a variabilidade dentro do gru-

po, a estimativa de distâncias de elevada magnitude entre pares de indivíduos do grupo 1, como entre os acessos UENF-1433 e UENF-1444 ($D^2 = 80,38$), indica presença de variabilidade dentro deste grupo, justificando-se, então, o subagrupamento. Como resultado, formaram-se seis subgrupos: 1.1; 1.2; 1.3; 1.4; 1.5 e 1.6 (Tabela 2).

O agrupamento realizado pela técnica de otimização de Tocher não se mostrou concordante com a origem dos acessos, uma vez que, em parte, genótipos de mesma procedência não permaneceram no mesmo grupo. Os acessos UENF-1447 e UENF-1448, que se apresentaram no mesmo grupo, são provenientes do estado do Espírito Santo, porém, o acesso UENF-1440, de mesma origem, distanciou-se consideravelmente destes. A maioria dos acessos provenientes do México foi alocada no subgrupo 1.1; somente o acesso UENF-1432 se distanciou, sendo incluído no subgrupo 1.3. Os genótipos provenientes dos estados de Minas Gerais e Rio de Janeiro estiveram presentes em vários subgrupos. Estes resultados permitem concluir que não houve relação entre a diversidade genética, baseada nas características avaliadas, e a origem geográfica. Esta ausência de relação já foi verificada por outros autores, conforme evidenciado em trabalhos relacionados na revisão de Oliveira (1989) e Ramos *et al.* (2000).

Observou-se que as três primeiras variáveis canônicas explicaram 79% da variabilidade total disponível, portanto decidiu-se por demonstrar a variabilidade ao nível das três primeiras variáveis canônicas. Os resultados desta téc-

nica são concordantes com aqueles obtidos pela técnica de agrupamento de Tocher, que permitiu identificar os genótipos UENF-1447 e UENF-1448 como os mais distantes em relação aos demais.

As técnicas multivariadas utilizadas permitem afirmar que existe variabilidade genética entre os 25 acessos de feijão-de-vagem do banco de germoplasma da UENF, e a introdução de novos genótipos certamente contribuirá para o aumento desta variabilidade.

Diversos autores têm recomendado a utilização de genitores com maior divergência possível para maximizar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas e ampliar a base genética. Contudo, a escolha de genótipos deve ser feita considerando também seus comportamentos *per se*. Assim, a recomendação de cruzamentos, em programas de melhoramento, entre acessos divergentes, que apresentem desempenho superior nas principais características de importância agrônômica, é a mais indicada (Maluf e Ferreira, 1983; Cruz e Regazzi, 1997; Oliveira *et al.*, 1999; Pereira, 1999).

O acesso UENF-1448 apresentou altos valores para as características número total de vagens por parcela (NT) e número médio de vagens por parcela (NM) (Tabela 1). Sendo este acesso bastante divergente dos demais, pode ser recomendado seu cruzamento com acessos promissores do grupo 1 (Tabela 2), como o acesso UENF-1442, que apresentou altas médias para todas as características de produção (PT, NT, PM e NM), baixo teor de fibras (FIB), elevado número de sementes por vagem (NS) e elevada altura de planta (ALT) (Tabela 1); e os acessos UENF-1429, UENF-1432 e UENF-1445, que também apresentaram boas médias para características de produção, além de baixos teores de fibra (FIB) (Tabela 1). Estes acessos do grupo 1 podem ser cruzados também entre si, pois ficaram alocados em diferentes subgrupos, sendo, então, divergentes.

Importância relativa das características

As inferências da importância relativa de cada característica estudada em

relação aos 25 acessos de feijão-de-vagem, pelo método de Singh (1981), não comprovaram a real necessidade de descarte das características (Figura 1). Com base nisto, foi realizada uma série de agrupamentos, descartando-se as características que menos contribuíram para a divergência, de acordo com a metodologia apresentada por Garcia (1998). No primeiro agrupamento, a característica de menor importância relativa foi peso total de vagens por parcela (PT) (0,001%), sendo, portanto, a mais indicada para descarte (Figura 1).

A fim de verificar se a característica peso total de vagens por parcela (PT) realmente não contribuiu para a diversidade entre acessos, esta foi eliminada das análises, procedendo-se ao segundo agrupamento, que resultou em grupos idênticos ao anterior, sendo, portanto, uma característica desnecessária para a avaliação. Este procedimento foi repetido com a retirada das características peso médio de vagens por parcela (PM), número de lóculos por vagem (NL), altura de planta (ALT), número de sementes por vagem (NS), teor de fibra (TF) e altura de inserção da primeira vagem (APV). A retirada destas características não alterou o agrupamento, demonstrando assim que estas variáveis não influenciaram de modo relevante a variabilidade dos acessos de feijão-de-vagem avaliados.

A eliminação do peso de cem sementes (PCS) das análises fez com que os grupos formados mudassem, ou seja, ficassem diferentes da formação original no nono agrupamento, o que indica que essa característica é importante para a diversidade dos acessos estudados, assim como comprimento de vagem (CV) (18,65%), diâmetro de vagem (DV) (19,67%), dias para florescimento (DF) (5,54%), número total de vagens (NT) (24,25%) e número médio de vagens (NM) (26,93%) (Figura 1).

Os resultados obtidos apontam perspectivas de trabalhos futuros visando explorar a variabilidade encontrada entre os acessos de feijão-de-vagem estudados. Os cruzamentos sugeridos podem ser realizados na forma de dialélio, por exemplo, para se ter a confirmação dos resultados dos métodos de análise multivariada empregados, uma vez que

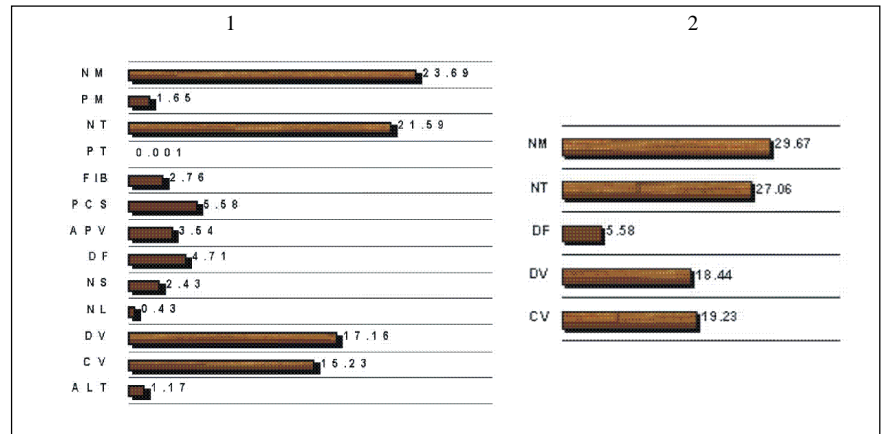


Figura 1. Contribuição relativa das características avaliadas (%) em feijão-de-vagem (ALT: altura de plantas, CV: comprimento de vagem, DV: diâmetro de vagem, NL: número de lóculos/vagem, NS: número de sementes imaturas/vagem, DF: dias para florescimento, APV: altura de inserção da primeira vagem, PCS: peso de cem sementes, FIB: teor de fibra da vagem, PT: peso total de vagens/parcela, NT: número total de vagens/parcela, PM: peso médio de vagens/parcela e NM: número médio de vagens/parcela) – 1) dados originais; 2) após a utilização da metodologia proposta por Garcia (1998). Campos dos Goytacazes, UENF, 2000.

estes são de natureza preditiva. Os cruzamentos entre os genótipos divergentes e com bom desempenho *per se* permitirão a avaliação de parâmetros como heterose e capacidade de combinação, tanto geral como específica. Assim, será possível iniciar um programa de melhoramento do feijão-de-vagem com objetivo de obter genótipos segregantes superiores com bom desempenho para produção, a partir dos cruzamentos mais promissores. Além disso, ainda existe a possibilidade de determinar a variabilidade genética dos acessos estudados através de marcadores moleculares, como análise complementar, para uma comparação com os dados obtidos da avaliação fenotípica e análise multivariada.

LITERATURA CITADA

- CRUZ, C.D. *Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 1997. 442 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 1997. 394 p.
- FILGUEIRA, F.A.R. *Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa: UFV, 2000. 402 p.
- FONSECA, J.R. *Emprego da análise multivariada na caracterização de germoplasma de feijão (Phaseolus vulgaris L.)* Lavras: UFLA, 1993. 123 p. (Tese doutorado)
- FONSECA, J.R.; SILVA, H.T. Identificação de duplicidade de acessos de feijão por meio de téc-

nicas multivariadas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.34, n.3, p.409-414, 1999.

FRANK, T.; ANHDER, G.I.; CARTER, W.B. *Testing snap beans for fiber content*. Keystone Seeds, St. Louis, 1961. 8 p.

GARCIA, S.L.R. *Importância de características de crescimento, de qualidade da madeira e da polpa na diversidade genética de clones de eucalipto*. Viçosa: UFV, 1998. 103 p. (Tese mestrado)

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press, 1981. 468 p.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.1, n.2, p.31-34. 1983.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and relationship with heterosis for yield in F1 híbridos. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.6, n.3, p.453-460. 1983.

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.9, p.929-939. 1988.

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.

OLIVEIRA, E.J. *Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (Phaseolus vulgaris L.)*. Viçosa: UFV, 1989. 91 p. (Tese mestrado)

OLIVEIRA, V.R.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, P.R.G.; BRACCINI, A.L. Avaliação da diversidade genética em pimentão através de análise multivariada. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.17, n.1, p.19-24. 1999.

PEREIRA, J.J. *Análises de agrupamento e discriminante no melhoramento genético - apli-*

- cação na cultura do arroz (*Oryza sativa* L.). Viçosa: UFV, 1999. 191 p. (Tese doutorado)
- RAMOS, S.R.R.; QUEIRÓZ, M.A.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D. Divergência genética em germoplasma de abóbora procedente de diferentes áreas do Nordeste. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.18, n.3, p. 195-199. 2000
- RAO, R.C. *Advanced statistical methods in biometrics research*. New York: John Wiley and Son, 1952. 390 p.
- RAO, A.V.; PRASAD, A.S.R.; SAI KRISHNA, T.; SECHU, D.V.; SRINIVASAN, T.E. Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. *The Indian Journal of Genetic Plant Breeding*, v.41, n.2, p.179-185. 1981.
- RODRIGUES, R. *Análise genética da resistência ao crestamento bacteriano comum e outras características agrônômicas em Phaseolus vulgaris* L. Campos dos Goytacazes, RJ: UENF, 1997 103p. (Tese doutorado)
- SANTOS, C.A.F.; MENEZES, E.A.; ARAÚJO, F.P. Divergência genética em genótipos de feijão-de-corda avaliados em dois ambientes. *Revista Ceres*, Viçosa, v.44, n.251, p.35-42. 1997.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, v.41, p. 237-245. 1981.
- XAVIER, A. *Aplicação da análise multivariada da divergência genética no melhoramento genético de Eucalyptus spp.* Viçosa: UFV, 1996. 126 p. (Tese doutorado)
- ZIMMERMANN, M.J.O.; CARNEIRO, J.E.S.; PELOSO, M.J.; COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; SARTORATO, A.; PEREIRA, P.A.A. Melhoramento genético e cultivares. In: ARAÚJO, R.S.; RAVA, C.A.; STONE, L.F.; ZIMMERMANN, M.J.O. eds. *Cultura do feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato, 1996. p.223-273.
-