UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS

PAULO RICARDO JUNGES DOS SANTOS

SELEÇÃO DE GENITORES BASEADA NA DIVERGÊNCIA GENÉTICA E DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM EM CÁCERES- MT.

CÁCERES
MATO GROSSO-BRASIL
FEVEREIRO - 2015

PAULO RICARDO JUNGES DOS SANTOS

SELEÇÃO DE GENITORES BASEADA NA DIVERGÊNCIA GENÉTICA E DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM EM CÁCERES- MT

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. MARCO ANTONIO APARECIDO BARELLI

CÁCERES
MATO GROSSO-BRASIL
FEVEREIRO – 2015

Santos, Paulo Ricardo Junges dos.

Seleção de genitores baseada na divergência genética e desempenho agronômico de genótipos de feijão comum em Cáceres-MT./Paulo Ricardo Junges dos Santos. – Cáceres/MT: UNEMAT, 2015.

104 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade do Estado de Mato Grosso. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, 2015.

Orientador: Marco Antônio Aparecido Barelli

1. Feijão comum – estudo - Mato Grosso. 2. Feijão comum – variabilidade genética. 3. Feijão comum – seleção dos genótipos. - melhoramento. I. Título.

CDU: 635.652(817.2)

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Regional de Cáceres

SELEÇÃO DE GENITORES BASEADA NA DIVERGÊNCIA E DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM EM CÁCERES – MT.

Paulo Ricardo Junges dos Santos

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Aprovada em 02 de fevereiro de 2015.

Comissão Examinadora:

Profª. D.Sc. Juliana Parisotto Poletine – UEM

Profª. D.Sc. Leonarda Grillo Neves – UNEMAT

Prof. D.Sc. Marco Antonio Aparecido Barelli – UNEMAT
(Orientador)

Aos meus Pais Odeth Junges dos Santos e Paulo Lima dos Santos e meus irmãos que nunca se negaram a me incentivar e dar amor para efetivar minhas conquistas. A minha namorada e sua família pelo apoio e amizade, e meus amigos, Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por me proporcionar a vida, com saúde e determinação possibilitando a realização desse trabalho.

À Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

À Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural, pelo apoio técnico e estrutural.

Ao Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli, pela orientação, paciência, dedicação, incentivo e amizade que foram fundamentais para a realização desse trabalho.

À Prof[a]. Dr[a]. Claudete Rosa da Silva pela amizade, apoio e dedicação, sem medir esforços nos momentos que precisei.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Unemat, que me ajudaram a amadurecer pessoal e profissionalmente.

A todos os colegas que de alguma forma ajudaram no desenvolvimento desse trabalho em especial aos meus amigos Taniele Carvalho de Oliveira e Danilo de Lima Gonçalves.

BIOGRAFIA

PAULO RICARDO JUNGES DOS SANTOS, filho de Odeth Junges dos Santos e de Paulo Lima dos Santos, nasceu em Colorado do Oeste, estado de Rondônia, em 15 de agosto de 1990.

Concluiu o curso Técnico Agrícola com Habilitação em Agropecuária Integrado ao Ensino Médio, em dezembro de 2007, pela Escola Agrotécnica Federal de Colorado do Oeste, atual Instituto Federal de Rondônia Campus Colorado do Oeste, em Colorado do Oeste, RO.

Graduou-se em Engenharia Agronômica, em agosto de 2012, pela Universidade do Estado de Mato Grosso, Campus de Tangará da Serra, MT.

Iniciou o curso de Mestrado pelo Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, em março de 2013, na linha de pesquisa em Melhoramento Genético Vegetal, na Universidade do Estado de Mato Grosso, UNEMAT, em Cáceres, MT.

RESUMO

SANTOS, Paulo Ricardo Junges dos, M. Sc., UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, fevereiro de 2015. **Seleção de genitores baseada na divergência genética e desempenho agronômico de genótipos de feijão comum em Cáceres- MT.** Professor Orientador: Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli. Professores Conselheiros: Dr. Leonarda Grillo Neves e Dr. Claudete Rosa da Silva.

O feijão comum possui poucos estudos no estado de Mato Grosso, tendo em vista a adaptabilidade e variabilidade genética da cultura no estado, o trabalho teve como objetivo determinar a divergência genética existente entre genótipos com intuito de selecionar genitores para a hibridação, embasando assim o programa de melhoramento local . Os 58 genótipos (40 acessos tradicionais, 14 linhagens e 4 cultivares) foram avaliados utilizando um delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, instalado na área experimental da Empresa Mato-grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural (EMPAER) Cáceres-MT. As características avaliadas foram: Florescimento (FLORESC), altura de inserção de primeira vagem (ALTINS), altura de plantas (ALTP), comprimento longitudinal médio de vagens (CLMV), número médio de vagens por plantas (NMVP), número médio de sementes por vagem (NMSV), número médio de sementes por plantas (NMSP), peso de cem sementes (P100), ciclo produtivo (CICLO) e produtividade (PROD). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e teste de média, e a divergência foi estimada com base na distância generalizada de *Mahalanobis*, com o emprego dos métodos de agrupamento de Tocher, UPGMA e Variáveis Canônicas. Utilizou-se o índice de seleção de soma de ranks e os parâmetros genéticos para auxiliar na seleção dos genótipos com um conjunto de características desejáveis. Os resultados da análise de variância detectaram diferenças significativas a 1% de probabilidade para todas as características avaliadas. De acordo com o coeficiente de determinação genotípico (H^2) e o índice de variação genética (I_V) as características de FLORESC, P100, CICLO, ALTP e CLMV resultaram em ganhos positivos nas progênies. Já a característica de PROD deve se ter cautela, pois o H^2 não é tão elevado (76,88), para as demais características como NMSP, NMSV, NMVP e ALTINS o ganho pode ser conseguido, no entanto por apresentarem coeficiente de

determinação baixo e índice de variação inferior a 1 haverá restrições. A divergência genética por meio da matriz de *Mahalanobis* ($D^2_{ii'}$) define como genótipos mais similares 14 e 8 com ($D^2_{ii'}$: 2,24) já os mais distantes são o 20 e 4 ($D^2_{ii'}$: 346,00). As três primeiras variáveis canônicas foram suficientes para explicar 85,5% da variação total observada, permitindo a transposição dos dados em espaço p-dimensional (p = 10) com baixo grau de distorção. As características de maior importância relativa para determinar a divergência foram: CICLO, P100 e FLORESC (27,12; 24,94 e 23,37% respectivamente) e o Índice de soma de ranks permitiu, selecionar os genótipos 36, 22, 32, 15, 23, 1, 29, 7, 13 e 25 para hibridação juntamente com as cultivares Uirapuru (43) e Campos Gerais (42) e determinou os ganhos obtidos na seleção desses genótipos com base nos pesos atribuídos as determinadas características selecionadas, demonstrando o maior ganho para Produtividade, confirmando a eficiência do uso desse índice na seleção de genótipos para iniciar um programa de melhoramento.

ABSTRACT

SANTOS, Paulo Ricardo Junges dos, M. Sc., UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, fevereiro de 2015. **Seleção de genitores baseada na divergência genética e desempenho agronômico de genótipos de feijão comum em Cáceres- MT.** Professor Orientador: Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli. Professores Conselheiros: Dr. Leonarda Grillo Neves e Dr. Claudete Rosa da Silva.

Front of the great adaptability and genetic variability in the common bean, and in view of few studies about the culture in the state of Mato Grosso, the study aimed to determine the genetic divergence between traditional access, advanced lines and cultivars aiming to select parents contrasting for hybridization based on genetic distances between genotypes and the use of basing selection indices so the local improvement program. The 58 genotypes (40 landraces, 14 lines and 4 cultivars) were evaluated in a randomized blocks, with three repetitions, installed in the experimental area of Mato Grosso Research, Assistance and Rural Extension (EMPAER) Caceres-MT . The characteristics evaluated were: Flowering (FLORESC), first pod height (ALTINS), plant height (ALTP), median longitudinal length of beans (CLMV), average number of pods per plant (NMVP), average number of seeds per pod (NMSV), average number of seeds per plant (NMSP), one hundred seed weight (P100), production cycle (CYCLE) and productivity (PROD). Data were subjected to analysis of variance and test, and the divergence was estimated based on the generalized Mahalanobis distance, with the use of Tocher clustering methods, UPGMA and canonical variables. We used the selection index of Mulamba and Mock (1978) and genetic parameters to assist in the selection of genotypes with a set of desirable characteristics. The results of analysis of variance detected significant differences at 1% probability for all traits. According to the coefficient of determination (H^2) and the genetic variation index (I_V) characteristics of FLORESC, P100, CYCLE, ALTP and CLMV has concerns for simple selection methods to obtain desired selection gains. Since the characteristic PROD a care should be taken due to the not so high H^2 (76.88%), while for other features such as NMSP, NMSV, and ALTINS NMVP gain can be achieved, however due to their low coefficient of determination and variation rate of less than 1 will be no restrictions. The genetic diversity based on

dissimilarity measures by the generalized distance method of Mahalanobis () is seen as more similar genotypes 14 e 8 with (2.24) have the farthest are the 20 e 4 (346.00). The first three canonical variables to explain 85.5% of the total variation, allowing the implementation of the data in p-dimensional space (p = 10) with a low degree of distortion. The characteristics of greater relative importance to determine the divergence were CYLE, P100 and FLOWERING (27.12; 24.94 and 23.37% respectively) and the Mulamba and Mock index (1978) allowed the selection of genotypes 36, 22, 32 , 15, 23, 1, 29, 7, 13 and 25 for compose a hybridization program and determined the gains made in the selection of these genotypes based on the weights assigned to certain selected characteristics, showing the biggest gain for Productivity, confirming the efficiency of use of this index in the selection of genotypes to start a breeding program.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO..... 1

2. REVISÃO DE LITERATURA..... 3

2.1 Botânica..... 3

2.2 Origem e domesticação do feijão comum..... 3

2.3 Importância econômica do feijoeiro 8

2.4 Divergência genética e sua importância no melhoramento..... 12

2.5 Seleção de genitores para hidratação..... 14

2.6 Importância e uso de índices de seleção..... 16

3. MATEIRAL E MÉTODOS..... 16

3.1 Local de condução do experimento e material vegetal..... 19

3.2 Delineamento Experimental..... 19

3.3 Semeadura e tratos culturais..... 19

3.3.1 Características avaliadas..... 21

3.3.2 Análise variância..... 21

3.3.3 Teste de agrupamento de Skott e Knott..... 23

3.4 Estimadores dos parâmetros genéticos..... 24

3.4.1 Análise multivariada..... 24

3.4.2 Distância generalizada de mahalanobis..... 25

3.4.3 Análise do agrupamento..... 25

3.4.4 Métodos hierárquicos de UPGMA..... 26

3.5 Métodos de otimização de tocher..... 27

3.5.1 Variáveis canônicas..... 30

3.5.2 Importância relativa dos caracteres..... 31

3.5.3 Índices de relação..... 33

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO..... 33

4.1 Análise de variáveis..... 46

4.2 Parâmetros genéticos..... 49

4.3 Análise multivariada..... 49
4.3.1 Medidas de dissimilaridade..... 49
4.3.2 Análise dos métodos de agrupamento de otimização de tocher e hierárquicos pelo UPGMA..... 58
4.3.3 Variáveis canônicas..... 63
4.3.4 importância relativa dos caracteres..... 67
4.4 Índices de seleção para escolha de genitores..... 70

5. CONCLUSÃO..... 76
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 77

1. INTRODUÇÃO

O feijão comum é uma espécie de grande interesse agronômico mundial (Beebe, 2000), sendo uma das leguminosas de maior importância para o consumo humano, devido ser fonte de carboidratos, proteínas, fibras, minerais e vitaminas para populações de países desenvolvidos e em desenvolvimento (Broughton et al., 2003; Beraldo et al., 2009). É encontrado em todos os continentes desde o nível do mar até os 3000 m de altitude (Didonet, 2005), e no Brasil vem sendo cultivado em todos os estados ao longo de todo o ano, permitindo anualmente três safras: a safra das águas, safra da seca e a safra outono-inverno (Vieira et al., 2006), deixando o país como terceiro maior produtor no mundo com uma produção de 2,79 milhões de tonelada, perdendo apenas para Myanmar e Índia primeiro e segundo maiores produtores, com 3,90 e 3,71 milhões de tonelada respectivamente (Fao, 2014).

Dentre os estados mais produtores do Brasil está: Paraná com produção 814 mil t, seguindo de Minas Gerais com produção de 596 mil t e, por conseguinte o estado de Mato Grosso como maior produtor da região Centro Oeste produzindo 530 mil t na safra 2013/14 de feijão (Conab, 2014), o que demonstra ampla adaptação edafoclimática, e necessidade de estudos quanto a melhoramento visando melhor produtividade.

Para a utilização adequada dos recursos genéticos de um banco de germoplasma, é fundamental o conhecimento da diversidade genética entre os acessos disponíveis. Quanto maior a diversidade genética entre os acessos, maior será a probabilidade de se encontrar alelos de interesse, permitindo a escolha do genótipo adequado e dos métodos de seleção a serem empregados, em função dos recursos disponíveis e da distância genética entre os genótipos a serem recombinados, conforme os objetivos do programa de melhoramento (Singh, 2001).

Para a quantificação da diversidade genética de uma população, indivíduos, acessos, são utilizados caracteres agronômicos, morfológicos e moleculares que, por sua vez, são submetidos às técnicas biométricas multivariadas, permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres e resultando em maior oportunidade na escolha de progenitores divergentes em programas de melhoramento (Rodrigues et al., 2002; Machado et al., 2002; Santos., 2005; Ceolin et al., 2007).

A divergência genética como base para seleção de genitores deve estar aliada simultaneamente a características agronômicas superiores. Dessa forma o estudo do controle genético e da herança de caracteres agronômicos por meio da obtenção de estimativas de parâmetros genéticos como variâncias, herdabilidade, coeficiente de determinação genotípico, coeficiente de variação genética e Índice de Variação (CVg/CVe) de uma população que se pretende explorar para o melhoramento genético, permite fazer inferências sobre a variabilidade genética que esta apresenta e o que pode se esperar de ganho com a seleção (Resende, 2002). As estimativas obtidas são usadas pelo melhorista para definir as melhores estratégias de seleção na obtenção de genótipos superiores (Correa et al., 2003).

No entanto a seleção com base em uma ou em poucas características tem se mostrado inadequada, por conduzir a um produto final superior apenas para a característica selecionada e não tão favorável quanto às demais características de importância para a cultura. Dessa forma o uso do índice de seleção se torna eficaz tendo em vista que ele combina múltiplas informações podendo haver seleção com base em um complexo de variáveis (Oliveira et al., 2012).

Tendo em vista o exposto, esse trabalho tem como objetivo avaliar a divergência genética e desempenho agronômico de genótipos de feijão comum com intuito de selecionar genitores superiores para hibridação com base nas distâncias genéticas entre genótipos e o uso de índices de seleção.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Botânica

O feijão comum pertence à classe Dicotyledoneae, família *Leguminosae* possuindo mais de 600 gêneros, reunido em mais de 13.000 espécies. O gênero *Phaseolus*, é composto por aproximadamente 76 espécies, das quais apenas cinco são cultivadas: *Phaseolus vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray var. *latifolius* Freeman e *P. polyanthus* Greenman (Freytag e Debouck, 2002; Delgado- Salinas et al., 2006). Entre elas, o feijão comum (*Phaseolus vulgaris L.)*, é o mais importante, por ser a espécie mais cultivada, mais antiga e também a mais utilizada para a alimentação nos cinco continentes (Santos e Gavinales, 2006).

Dentro do gênero que é classificado todas as espécies são diploides (2n) compostas por 22 cromossomos, possui dois hábitos de crescimento bastante característicos sendo eles o determinado e o indeterminado, que ocorre com mais frequência que o primeiro, e possui diferentes formas de classificação como: indeterminado arbustivo, quando a gema terminal forma uma guia que não tem tendência a trepar, ou indeterminado trepador quando essa guia tem tendência trepadora, e por fim possui um ciclo de forma anual, tendo em condições de campo o termino de seu ciclo vegetativo com a senescência das folhas e a maturação das vagens (Araujo et al., 1996).

No que se refere à maturidade fisiológica pode ocorrer entre 58 e 68 DAP (dias após o plantio) em cultivares precoces ou pode continuar-se até 200 DAP, entre as variedades de escalada que são usados em terras altas altitudes mais frias (Graham e Ranally, 1997).

A flor do feijão tem uma quilha alongada e retorcida que contém um estigma e dez estames. Dentro da flor as anteras soltam pólen ao estigma, à noite antes de abrir, sendo a forma normal de reprodução do feijão comum, que ocorre automaticamente antes da abertura floral, nomeada autofecundação (Nassar et al., 2010).

2.2 Origem e domesticação do feijão comum

Diante da importância do Feijão comum, o conhecimento sobre origem e domesticação é um pré-requisito fundamental para conservação e uso do

germoplasma existente visando o desenvolvimento de cultivares com potencial superior e adaptados às condições locais. Genótipos silvestres de Feijão comum são amplamente distribuídas do Norte do México ao noroeste da Argentina (Toro et al., 1990), sendo caracterizados por dois conjuntos de genes, mesoamericano e andino, com estruturas geográficas selvagens e domesticadas semelhantes, o que é demonstrado em diversos estudos como: morfologia de plantas (Sing et al., 1991) proteína da semente (Gepts e Bliss, 1985 e Gepts et al., 1986) aloenzimas (Koening e Gepts, 1989) polimorfismo do tamanho do fragmento de restrição (Becerra-Velasquez e Gepts, 1994) RAPD (Freyre et al., 1996) e AFLP(Papa e Gepts, 2003 e Rossi et al., 2009).

A hipótese mais confiável da origem do feijão era que o material genético da área central das encostas ocidentais dos Andes no norte do Peru e Equador teria se dispersado em direção ao norte (Colômbia, América Central e México) e ao Sul (sul do Peru, Bolívia e Argentina) o que de acordo com Kami et al. 1995 resultou então na formação dos pools gênicos Mesoamericano e Andino. Essa hipótese foi formada em função de uma população silvestre de feijão comum que no ano de 1980 foi descoberta no norte do Peru e Equador (Debouk et al., 1993), que teve uma parte do gene que codifica para a proteína de semente Faseolina analisada por Kami et al.(1995) que identificou um novo tipo de faseolina descrito como “Tipo I” e que não estava presente nos genes de acessos mesoamericanos e andinos.

Essa hipótese atualmente está sendo colocada em questão uma vez que vários estudos vêm trazendo informações contrarias (Rossi et al., 2009, Nanni et al., 2011, Bitocchi et al., 2012 e Desiderio et al., 2013). Os estudos de Bitocchi et al., (2012) explorando a diversidade de nucleotídeos em cinco fragmentos de genes de uma ampla amostra de feijão comum silvestre evidenciaram claramente uma origem mesoamericana do feijoeiro.

Uma evidencia para essa afirmação é a ocorrência de uma perda de variabilidade antes da domesticação do pool gênico andino essa opinião é reforçada pela maior diversidade encontrada no pool gênico mesoamericano em comparação com o andino, que perdeu cerca de 90% da sua diversidade (Bitocchi et al., 2012).

A segunda proposição para confirmar essa origem de acordo com Bellucci et al.(2014) é a característica da estrutura formada pelo estudo nos materiais mesoamericanos testados, onde Bitocchi et al. (2012), determinou que esse pool

gênico silvestre que inicialmente havia sido constatado com uma estrutura de população por (Papa e Gepts, 2003), agora possui uma divisão em quatro grupos distintos geneticamente denominando-os: B1, B2, B3 e B4 como ilustrado no Mapa (Figura 1).

As investigações sobre as relações entre esses diferentes grupos têm mostrado que, curiosamente, não há distinção clara entre o pool gênico Mesoamericano e conjuntos de genes silvestre andinos, enquanto foram encontradas diferentes relações dos grupos mesoamericanos com o norte do Peru-Equador e com conjuntos gênicos andinos. Em particular, os acessos silvestres andinos eram mais relacionados com os acessos B3 mesoamericanos, e os do norte de Peru-Equador aderidos aos acessos B4 mesoamericanos (Bitocchi et al., 2012).

Dessa forma tem-se que esses estudos comprovam a origem mesoamericana do feijão comum, provavelmente no México, e que a amostra de feijão do norte do Peru e Equador, é uma população relíquia que representa apenas uma pequena parte da população ancestral e com relação à faseolina Tipo I não encontrada nas amostras mesoamericanas, seria talvez por uma possível extinção ao longo do tempo ou mesmo por não estarem presentes nas amostras estudas pela literatura.

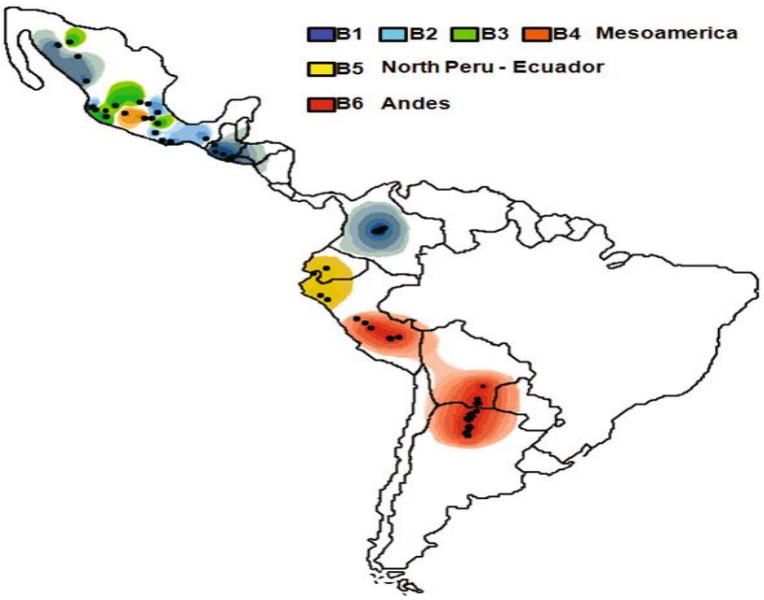

Figura 1. Representação gráfica da distribuição geográfica dos grupos identificados por analises de agrupamento desenvolvidas por Bitocchi et al., (2012).

De acordo com Belucchi et al. (2014), a domesticação é um processo complexo que transforma uma planta silvestre em uma cultivável, com características mais homogêneas e desejáveis que envolvem modificações de características morfológicas e fisiológicas.Todas essas mudanças estruturais e funcionais tornam as cultivares geneticamente diferentes de seus ancestrais silvestres conferindo-lhes melhor adaptação aos diferentes agroecossistemas (Gepts e Papa, 2002).

Uma das consequências de domesticação que é comum à maioria das espécies cultivadas é a redução da diversidade genética devido a um efeito fundador (Glémin e Bataillon, 2009).

Ao longo dos anos diversos autores vêm estudando os impactos da domesticação tendo em vista a redução da variabilidade genética (Rossi et al., 2009, Kwak e Gepts, 2009, Nanni et al., 2011) e mais recentemente utilizando cinco fragmentos de genes de 214 acessos (102 selvagens e 112 domesticados) Bitocchi et al.(2014) confirmam a hipótese de redução drástica na diversidade genética na America Central (72%) e no Andes (27%), essa diferença próxima a três vezes menos para os Andes é explicada tendo em vista uma perda genética antes da domesticação que empobreceu as populações silvestres andinas (Rossi et al., 2009 e Bitocchi et al., 2012).

Em função da domesticação o pool gênico mesoamericano foi dividido em 4 raças (Durango, Jalisco, America Central e Guatemala) e o Andino em três (Nova Granada, Peru e Chile) (Singh et al., 1991; Beebe et al., 2000, 2001), de acordo com as diferenças seja em adaptação ecológica, distribuição geográfica, características agronômicas e diferenças moleculares por RAPD ou Aloenzimas (Singh et al., 1991; Beebe et al., 2000).

No entanto de onde surgiram essas domesticações ainda é mistério, não se sabe se são varias domesticações independentes em cada região ou se são resultado de uma única domesticação em cada região seguido pela diversificação de cultivo (Bitocchi et al., 2014).

Assim, o cenário da domesticação do feijão comum é caracterizado por dois eventos independentes que deram origem a dois conjuntos de genes claramente diferenciados, e pela coexistência das populações silvestres e domesticadas (Belucchi et al., 2014).

No Brasil, a falta de estudos com amostras arqueológicas locais de feijão dificulta a reconstituição da história regional desta espécie, como, por exemplo, quais tipos foram introduzidos, quando, por onde, por quais grupos humanos, entre outros questionamentos (Freitas, 2006).

Os autores Zimmermann e Teixeira, (1996) citam três hipóteses relativas à origem das formas cultivadas da espécie: a) Teria sido domesticado na Mesoamérica e transportado para a América do Sul. Há evidências favoráveis e contrárias a esta proposta, entre as quais as de que remanescentes silvestres de *P. vulgaris* não foram encontrados nos locais onde deveriam ocorrer; b) O feijão teria sido domesticado na América do Sul e transportado para a América do Norte. Evidências arqueológicas da existência de feijão domesticado na América do Sul (Andes, sítio de Guitarrero), datadas de 10.000 AC, foram encontradas no Peru; e c) O feijão teria sofrido domesticações independentes ao longo da área de ocorrência do tipo silvestre (Peru e México).

De acordo com BURLE et al. (2010) o Brasil pode ser considerado um centro secundário de diversificação do feijão, uma vez que testando 279 variedades crioulas de feijão com o uso de marcadores moleculares baseado no tipo de Faseolina, conseguiram separar os dois conjuntos gênicos que já vem sendo estudados, o Andino (Faseolina tipo T) e o mesoamericano (Faseolina tipo S), observando que o conjunto gênico mesoamericano se apresenta com duas subpopulações com um grau elevado de mistura entre si, com uma grande formação de híbridos estabilizados não observados no centro de domesticação.

2.3 Importância econômica do feijoeiro

O feijão é um dos mais importantes constituintes da dieta da população mundial e brasileira, por ser reconhecidamente excelente fonte proteica, além de possuir carboidratos e ser rico em ferro (Broughton et al., 2003; Borém e Carneiro, 2006).

Considerado essencial para a segurança alimentar , principalmente das populações das classes mais carentes, o feijão comum representa a base da dieta Brasileira, tendo seu consumo no ano de 2010 situado aproximadamente entre 17,06 kg/ habitante/ ano (Barbosa e Gonzaga, 2012).

De acordo com dados da FAO (2014), o Brasil é considerado o terceiro maior produtor mundial de feijão, produzindo na safra 2012/13 de 2,83 milhões de toneladas, sendo inferior a Índia com 3,63 milhões de toneladas e Myanmar com 3,9 milhões de toneladas do grão seco, em uma área de 3,11 milhões de hectares (CONAB, 2014), alcançando assim uma produtividade média nacional aproximada de 1.170 Kg ha^{-1} excedendo a média mundial que hoje é de cerca de 430 Kg ha^{-1}.

A região Sul se classifica como primeira colocada com 945,4 mil toneladas seguida da segunda colocada que é a região Centro Oeste com 810 mil toneladas seguidas de sudeste, nordeste e norte (759,3; 656,5 e 78,4 mil toneladas, respectivamente) (CONAB, 2014).

Dentro da região Centro Oeste, o estado com maiores valores quanto à produção da cultura do feijão é o estado de Mato Grosso tanto para área plantada quanto para produção da cultura, ficando atrás apenas de Goiás no tocante a produtividade, no entanto essas variações demonstram que ao passar dos anos pesquisas e estudos quanto ao melhoramento e adaptação da cultura no estado vem favorecendo o produtor uma vez que de 2013 para 2014 a variação de produtividade foi positiva e de 18,5 % superior a de Goiás com 11% apenas (Conab, 2014), demonstrando o potencial dessa cultura no estado e a necessidade de estudos quanto à adaptabilidade e estabilidade e melhoramento vegetal dessa, possibilitando alcançar valores de rendimento superiores no futuro.

2.4 Divergência genética e sua importância no melhoramento

O sucesso em programas de melhoramento genético de plantas depende de material divergente e promissor. Neste sentido estudos de diversidade genética são de grande importância, pois fornecem informações sobre genitores que possibilitem, quando cruzados, grande efeito heterótico e maior segregação em recombinantes, aumentando a probabilidade do aparecimento de genótipos superiores nas progênies (SILVA et al., 2008). Para gerar populações segregantes para a seleção, a complementação genética dos pais deve ser positiva, por isso as técnicas de agrupamento podem ajudar a orientar a escolha dos pais ou genitores (Alvares et al., 2012).

Em plantas autógamas o que se busca é a obtenção de populações com média alta e variabilidade genética suficiente visando à seleção. Assim, informações a respeito da divergência genética entre os genitores envolvidos nos cruzamentos são de fundamental importância, pois garantem possibilidade de seleção de genótipos superiores aos genitores (Cruz et al., 2011).

Os recursos genéticos devem ser devidamente caracterizados para permitir ganhos genéticos mais promissores no melhoramento e também para potencializar o uso destes recursos pelo próprio agricultor (Coelho et al., 2007).

Bancos de germoplasma são de extrema importância para a manutenção e conservação desses recursos genéticos, pois servem de fonte de genes desejáveis a serem introduzidos em programas de melhoramento genético. Diante disso, a completa caracterização dos acessos existentes em bancos de germoplasma facilita a identificação desses genes de interesse, de modo a fornecer parâmetros para a escolha de genitores favoráveis à obtenção de populações segregantes em programas de hibridação (Costa et al., 2006).

De acordo com Barelli et al. (2009) há uma ampla variabilidade genéticas nas variedades locais de feijão para cor da semente, forma, brilho, tamanho entre outras características de cultivares utilizadas pelos agricultores, podendo ter alelos favoráveis a adaptação estabilidade produtiva capazes de serem utilizados no melhoramento da cultura.

Para tanto, torna-se necessário conhecer a diversidade genética existente entre as cultivares crioulas e para subsidiar programas de melhoramento com condições de explorar a variabilidade genética existente e a adaptação às condições ambientais de regiões específicas (Loarce et al., 1996;), além de armazenar o maior número possível de amostras de genótipos tradicionais com intuito de ter um banco de germoplasma com ampla variabilidade, evitando a erosão genética, ocasionada pela aumento do número de cultivares melhorados e lançados no mercado induzindo os pequenos produtores a substituírem seus cultivares tradicionais por melhorados, que de acordo com Bonett et al. (2006), acabam excluindo as cultivares crioulas ocasionando a perda desses genótipos que podem ter potencial promissor em cruzamentos.

Considerando que os estudos sobre estas cultivares locais ainda são escassos (Cabral et al.; 2011), e essas podem conter alelos de resistência a fatores

bióticos e abióticos como também de rendimento que proporcionem um ganho desejado no melhoramento da cultura do feijoeiro no país, a diversidade genética é de sobremaneira importante, pois o sucesso de qualquer programa de melhoramento fundamenta-se na presença de variabilidade para a característica que se deseja melhorar. Neste contexto, torna-se indispensável à realização de pré-melhoramento para que se possa avaliar e caracterizar os recursos genéticos disponíveis, pois, é por meio da expressão fenotípica que se infere sobre a presença e magnitude da diversidade (Nick et al., 2010).

Dessa forma Oliveira et al. (1998) determinam que para a quantificação da diversidade genética, têm sido amplamente utilizados métodos preditivos, que se fundamentam nas diferenças agronômicas e/ou morfológicas ou, ainda, bioquímico-fisiológicas entre os genótipos. A grande vantagem destes métodos sobre os biométricos é a desnecessidade de obtenção prévia das combinações híbridas que, em certas situações, são difíceis, como no caso de se dispor de um número elevado de genótipos para avaliação ou haver dificuldades na prática da hibridação artificial (Miranda et al., 1988; Cruz et al., 2012).

Essa vantagem induz os melhoristas a concentrarem seus esforços somente nas combinações mais contrastantes. Tais medidas tem como base as diferenças morfológicas e fisiológicas dos genitores e empregam uma medida de dissimilaridade para avaliar a diversidade entre eles (Correa e Gonçalves, 2012).

De acordo com Cruz et al., (2012) a avaliação da divergência genética tem sido realizada por meio de técnicas biométricas ou por processos preditivos. Dentre os métodos de modelos biométricos utilizados citam-se com maior frequência as análises dialélicas, que avaliam a capacidade geral dos genitores e a capacidade especifica e heterose dos híbridos. Já a predição da divergência pode ser realizada pela aplicação de vários métodos multivariados entre eles as análises por componentes principais e variáveis canônicas e os métodos aglomerativos como a distancia generalizada de *Mahalanobis* e a Euclidiana. A escolha do método depende da precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade e forma como os dados foram coletados. Dentre os métodos de agrupamento hierárquicos, tem-se o Método da Ligação Média entre Grupos (“Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Means” UPGMA), que é utilizado em grande escala no melhoramento vegetal na representação das distâncias em estudos multivariados, sendo o mesmo

superior quando comparado com os demais métodos hierárquicos, em estudos filogenéticos (Bertan et al., 2006).

A forma de se averiguar a concordância entre os valores originais de dissimilaridade e os representados pelo dendrograma é através do coeficiente de correlação cofenética (CCC), o qual varia entre 0,0 e 1,0. Neste caso, quanto maior for o CCC, menor será a distorção do agrupamento, apresentando bom ajuste entre a matriz e o dendrograma formado (Cruz e Carneiro, 2006).

A viabilidade da utilização da divergência genética como critério de seleção de genitores e utilização para formação de populações segregantes, e a seleção visando ganho genético sobre determinadas características para auxiliar no melhoramento da cultura do feijoeiro tem sido relatada por alguns autores (Santos, 2005; Ceolin et al., 2007, Barelli et al., 2009, Nick et al., 2010, Oliveira et al., 2011, Alvares et al., 2012), sendo que, a seleção de genitores contrastantes aumenta a possibilidade de selecionar combinações híbridas superiores que venham a gerar segregantes transgressivos (Barili et al., 2011).

Bonett et al. (2006) com o intuito de avaliar a divergência genética entre genótipos crioulos de feijoeiro, constatou variabilidade genética entre 63 genótipos coletados no estado do Paraná, possibilitando inferência quanto a genótipos com potencial produtivo elevado, capaz de gerar populações por meio de hibridação para um programa de seleção visando rendimento produtivo.

Barelli et al. (2009) caracterizando a divergência genética com base em características morfoagronômicas entre 35 cultivares tradicionais de feijoeiro do Mato Grosso do Sul, evidenciou existência de divergência genética entre as cultivares tradicionais de feijoeiro, demonstrando que a diversidade genética dos acessos tradicionais serve para maximizar a base dos programas de melhoramento com a cultura do feijão, por meio da introdução desse acessos nos programas.

Bertoldo et al. (2014) estudando a divergência genética de 101 genótipos tradicionais com objetivo de identificar alguns com características adaptativas e produtivas de interesse, selecionaram materiais com diferentes constituições genéticas que podem ser utilizados para aumentar e reduzir características de interesse como altura de planta, rendimento de grãos por meio de hibridações.

Com o intuito de avaliar a divergência genética do banco de germoplasma de feijão da Universidade do Estado de Santa Catarina, Coelho et al. (2007) também

utilizou-se de técnicas multivariadas, que proporcionaram a escolha de quatro genótipos com potencial de rendimento elevado que podem ser indicados para os agricultores e/ou compor esquemas de hibridação para geração de população segregantes.

Correa e Gonçalvez, (2012) com o objetivo de promover o agrupamento de cultivares e linhagens promissoras de feijão também utilizaram divergência genética para proporcionar informações quanto a esses genótipos, o que lhes permitiu inferir sobre três cruzamentos entre os genótipos mais divergentes para formação de populações segregantes e posterior seleção de linhagens.

Buscando avaliar a divergência de 16 genótipos de feijão do grupo comercial preto, Barilli et al. (2011) determinaram as melhores combinações hibridas, uma vez que identificaram os melhores genitores baseado na divergência genética e selecionaram os mais distantes.

2.5 Seleção de genitores para hibridação

O melhoramento de espécies autógamas é baseado, principalmente, na seleção de parentais seguida de hibridação para formação de uma população base e avanço de geração, com seleção simultânea para mais de uma característica (rendimento, porte, resistência a pragas e doenças e qualidade do grão) (Bertini et al., 2010).

Uma vez que a escolha inapropriada do germoplasma seja o fator mais critico e limitante para o programa de melhoramento, esse que envolve um conjunto de varias características como: recurso humano e financeiro além de infraestrutura para testes, avaliações e métodos de melhoramento (Borem e Miranda, 2013).

Ainda de acordo com o mesmo autor, muitas são as pesquisas e publicações quanto à seleção e métodos de melhoramento, mas quando se trata de escolha de genitores para gerar populações segregantes pouco se encontra publicado.No entanto sabe-se que para escolha correta, deve-se obedecer dois critérios: basear-se em informações e procedimentos científicos, visando maximizar a chance de obtenção de cultivares superiores através da hibridação e utilizar-se de aspectos legais para o emprego de germoplasma desenvolvido por outras instituições.

A utilização da divergência genética como parâmetro para a escolha de genitores que possam compor um dialelo proporcionando híbridos com potencial segregante e superiores aos progenitores têm sido estudada por vários autores (Ribeiro e Storck, 2003; Santos, 2005; Ceolin et al., 2007; Cavalcante et al., 2010; Frota Junior et al., 2014), e é cada vez mais aceita, tendo em vista a agilidade e acurácia em seus resultados.

No entanto quanto mais características genéticas forem analisadas em conjunto para a correta escolha de um genitor superior, melhor será o resultado no momento da segregação das famílias advindas da hibridação destes indivíduos, tendo em vista que de acordo com Baker, (1986) e Cruz, (1990), a seleção em tandem é menos eficiente que a seleção pelo método dos níveis independentes de eliminação, que por sua vez é menos eficiente que a seleção com base em índices de seleção. Ressaltando que o uso desses índices permite estabilizar alguns desajustes existentes entre duas características de interesse para o melhoramento da cultura que venham a possuir correlação negativa o que poderia dificultar a seleção em tandem.

Desta forma Souza et al., (2005) destacam que além da dissimilaridade genética para a escolha de genitores destinados a programas de hibridação, deve se considerar o desempenho agronômico dos genitores bem como a complementariedade alélica entre eles.

Nesse contexto, a seleção de genitores potenciais para futura hibridação é primordial, podendo ser realizada por estudo de divergência genética aliada a estimadores de parâmetros genéticos, baseando-se nas condições impostas pelo programa de melhoramento da cultura em questão.

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 (Vivas et al., 2012). A herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção

da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (Rodrigues et al., 2011).

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).

2.6 Importância e uso de índices de seleção

Os programas de melhoramento do feijão comum no Brasil visam obter cultivares que associem alta produtividade de grãos a fenótipos favoráveis também para outros caracteres de interesse agronômico e de mercado (Mendes et al., 2009) tendo aumentado os estudos no âmbito a resistência a fatores bióticos e abióticos. A teoria do índice de seleção permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental e selecionar os genótipos superiores com base em um complexo de variáveis (Rodrigues et al., 2011).

A seleção simultânea de vários caracteres desejáveis é uma alternativa que pode aumentar a probabilidade de sucesso em um programa de melhoramento (Mendes et al., 2009). Dessa forma, a seleção para mais de um caráter ao mesmo tempo tem sido realizada com o emprego de índices de seleção, que constituem caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres (Cruz e Carneiro, 2012).

Existem vários índices de seleção, criados à vários anos e ainda hoje utilizados e alguns mais recentes com maiores informações. O primeiro índice a ser criado foi o de Smith, (1936), posteriormente o de Fisher, (1936), até alguns mais recentes, sendo todos esses dependentes da estimativa de parâmetros da população, sendo utilizados então em situações especificas quando os genótipos formam uma amostra aleatória, denominados como índices aleatórios (Vilarinho et al., 2003 e Lessa et al., 2010).

Para os casos em que os genótipos já passaram por processos seletivos, ou seja, amostras fixas existem os índices denominados não paramétricos, que não requerem a estimativa de parâmetros, e teoricamente podem ser utilizados tanto

para amostras aleatórias quanto fixas (Lessa et al., 2010). Os índices também visam contornar as correlações genéticas entre as características importantes, que, muitas vezes, apresentam correlações negativas, ou seja, enquanto a seleção favorece uma, desfavorece outra, dificultando o trabalho do melhorista vindo o índice com intuito de amenizar esse trabalho (Marinho, 2012)

Mendes et al. (2009) com o intuito de testar o uso dos índices de seleção para identificar populações segregantes de feijão mais promissoras, constataram sucesso com o uso dos índices uma vez que conseguiram selecionar populações segregantes atendendo as expectativas para as três características em estudo simultaneamente.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os 58 genótipos de feijão avaliados neste estudo: 40 acessos tradicionais oriundos do Banco Ativo de germoplasma (BAG) de *Phaseolus* de Universidade do

Estado de Mato Grosso - UNEMAT, campus de Cáceres, 14 linhagens avançadas e quatro cultivares comerciais ambos oriundos das instituições que compõe a Regional Sul brasileira de feijão (Tabela 1).

3.1 Local de condução do experimento e material vegetal

O experimento foi realizado na área experimental pertencente à Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural (Empaer), no município de Cáceres – MT, situada na latitude 16°43'42" Sul e longitude 57°40'51" Oeste com altitude de 118 metros, localizado no município de Cáceres-MT, na BR 070.

O clima característico da região, segundo a classificação de Köppen, é do tipo tropical, quente, úmido e inverno seco (Awa), com período de regime de chuvas variando de outubro a março, e de seca de abril a setembro (Neves et al., 2011). O solo é classificado como Argissolo Vermelho Amarelo Eutrófico chernossólico, de textura média argilosa (Arantes et al., 2012).

Tabela 1. Genótipos de feijoeiro, grupo comercial, cor de flor e grupo gênico (Cáceres-MT, 2013)

Ordem	Denominação	Grupo Comercial	Cor da Flor	Grupo gênico
1	BG-UNEMAT – 18	Manteigão	Branca	Mesoamericano
2	BG-UNEMAT – 28	Manteigão	Branca	Mesoamericano
3	BG-UNEMAT – 11	Bolinha	Branca	Andino
4	BG-UNEMAT – 27	Mulatinho	Branca	Mesoamericano
5	BG-UNEMAT – 22	Carioca	Branca	Mesoamericano
6	BG-UNEMAT – 40	Carioca	Branca	Mesoamericano
7	BG-UNEMAT – 17	Preto	Roxa	Mesoamericano
8	BG-UNEMAT – 32	Manteigão	Branca	Mesoamericano

Continua...

Tabela 1, Continuação.

9	BG-UNEMAT – 4	Mulatinho	Branca	Mesoamericano
10	BG-UNEMAT – 30	Roxo	Branca	Mesoamericano
11	BG-UNEMAT – 3	Manteigão	Branca	Mesoamericano

12	BG-UNEMAT – 6	Carioca	Branca	Mesoamericano
13	BG-UNEMAT – 29	Mulatinho	Branca	Mesoamericano
14	BG-UNEMAT – 35	Manteigão	Branca	Mesoamericano
15	BG-UNEMAT – 42	Carioca	Branca	Mesoamericano
16	BG-UNEMAT – 23	Carioca	Branca	Mesoamericano
17	BG-UNEMAT – 26	Mulatinho	Branca	Mesoamericano
18	BG-UNEMAT – 31	Mulatinho	Branca	Mesoamericano
19	BG-UNEMAT – 37	Roxo	Branca	Mesoamericano
20	BG-UNEMAT – 38	Manteigão	Roxa	Andino
21	BG-UNEMAT – 75	Carioca	Branca	Mesoamericano
22	BG-UNEMAT – 1	Carioca	Branca	Mesoamericano
23	BG-UNEMAT – 56	Mulatinho	Branca	Mesoamericano
24	BG-UNEMAT – 50	Carioca	Branca	Mesoamericano
25	BG-UNEMAT – 49	Carioca	Branca	Mesoamericano
26	BG-UNEMAT – 45	Manteigão	Branca	Mesoamericano
27	BG-UNEMAT – 46	Carioca	Branca	Mesoamericano
28	BG-UNEMAT – 72	Manteigão	Branca	Mesoamericano
29	BG-UNEMAT – 55	Carioca	Branca	Mesoamericano
30	BG-UNEMAT – 16	Manteigão	Branca	Mesoamericano
31	BG-UNEMAT – 60	Manteigão	Branca	Mesoamericano
32	BG-UNEMAT – 58	Manteigão	Branca	Mesoamericano
33	BG-UNEMAT – 5	Carioca	Roxa	Mesoamericano
34	BG-UNEMAT – 68	Bolinha	Branca	Mesoamericano
35	BG-UNEMAT – 7	Manteigão	Branca	Andino
36	BG-UNEMAT – 47	Roxo	Branca	Mesoamericano
37	BG-UNEMAT – 12	Carioca	Branca	Mesoamericano
38	BG-UNEMAT – 13	Carioca	Branca	Mesoamericano
39	BG-UNEMAT – 20	Carioca	Branca	Mesoamericano

Continua...

Tabela 1. Continuação.

40	BG-UNEMAT – 21	Carioca	Branca	Mesoamericano
41	Perola	Carioca	Branca	Mesoamericano
42	IPR Camposgerais	Carioca	Branca	Mesoamericano

43	IPR uirapuru	Preto	Roxa	Mesoamericano
44	CNFP 10104	Preto	Roxa	Mesoamericano
45	C 4-7-7-2-2	Carioca	Branca	Mesoamericano
46	C4-7-8-1-2	Carioca	Branca	Mesoamericano
47	CHC 98-42	Carioca	Branca	Mesoamericano
48	CHP 01-238	Preto	Roxa	Mesoamericano
49	CNFC 10762	Carioca	Branca	Mesoamericano
50	CNFP 10794	Preto	Roxa	Mesoamericano
51	FT 08-47	Carioca	Branca	Mesoamericano
52	FT 08-75	Carioca	Branca	Mesoamericano
53	LEC 01-11	Carioca	Branca	Mesoamericano
54	LEP 02-11	Preto	Roxa	Mesoamericano
55	LP 09-192	Preto	Roxa	Mesoamericano
56	LP 09-40	Carioca	Branca	Mesoamericano
57	TB02-23	Preto	Roxa	Mesoamericano
58	TB 03-13	Enxofre	Roxa	Andino

A analise química do solo foi realizada às profundidades de 0 – 10 e 10 – 20 cm, conforme mostra o Tabela 2, com o intuito de atender às exigências nutricionais da cultura.

Tabela 2. Resultado da análise química e textural do solo de amostra retiradas nas profundidades de 0 – 10 cm e 10 – 20 cm da área experimental.

	Análise Química										Análise Física		
Camada	pH H_2O	pH $CaCl_2$	P	K	Ca+Mg	Ca	Mg	Al	H+Al	M.O	Areia	Silte	Argila
			mg.dm^{-3}	Cmolc.dm^{-3}						g.dm^{-3}	g.kg^{-1}		
0 – 10	5,8	5,1	9,6	0,35	6,7	6,0	0,7	0,0	3,4	30	760	60	180
10 – 20	5,8	5,0	1,7	0,18	5,9	4,9	1,0	0,0	3,3	24	700	100	200

Fonte: Empaer

Não se fez necessário a aplicação de calcário a fim de corrigir a acidez do solo tento em vista o pH no níveis ideais para o cultivo, o nitrogenio é um nutriente que a planta possui fixação biológica natural e fósforo juntamente com potássio foram realizadas

adubações para corrigir suas necessidades diante do rendimento da cultura e a analise de solo.

3.2 Delineamento Experimental

O delineamento experimental empregado foi o de blocos ao acaso, com três repetições. A unidade experimental foi composta de 4 linhas de semeadura com 4 metros de comprimento, e espaçamento entre linhas de 0,5 metros, considerando como área útil apenas as duas linhas centrais totalizando 8 m² de área de feijão colhida para a avaliação.

3.3 Semeadura e Tratos Culturais

A semeadura foi realizada no período considerado como sendo de segunda safra no dia 07 de março de 2013, considerando uma densidade de plantio de 20 plantas por metro linear, com posterior desbaste após emergência das plantas, deixando 15 plantas por metro linear de stand inicial.

Os tratos culturais efetuados foram os recomendados para a cultura, respeitando sempre os níveis de controle para insetos-pragas e doenças juntamente com capina e controle químico com herbicidas.

A irrigação utilizada foi por aspersão, objetivando a manutenção da quantidade de água no perfil do solo para que não ocorresse a saturação da capacidade de campo e nem a o ponto de murcha permanente.

A colheita foi realizada respeitando- se o período de maturidade fisiológica, sendo utilizado como padrão, 90% das vagens de toda a parcela estivessem secas, e de acordo com a necessidade foi realizada a redução da umidade dos grãos ao sol até a umidade atingir 12%.

3.3.1 Características Avaliadas

Foram avaliadas as seguintes características morfoagronômicas:

a) Número de dias para o florescimento (FLORESC): obtido pela contagem do número de dias desde a emergência até a abertura completa da primeira flor, em 50% das plantas em cada parcela;

b) Altura média da inserção primeira vagem (ALTINS): em cm, medida com uma régua graduada, obtido pela mediada da base do solo até a inserção da primeira vagem, avaliando dez plantas por parcela;

c) Altura média final das plantas (ALTP): expressa em cm, obtida pela mensuração, do nível do solo até a extremidade da planta, utilizando uma trena graduada, medindo dez plantas de cada parcela;

d) Comprimento médio longitudinal das vagens (CLMV): expresso em cm, obtido pela medição, com uma régua graduada, de uma extremidade longitudinal a outra da vagem, em uma amostra ao acaso de dez vagens das dez plantas avaliadas por parcela;

e) Número médio de vagens por planta (NMVP): obtido pela média da contagem de vagens por planta, das dez plantas avaliadas em cada parcela;

f) Número médio de sementes por vagem (NMSV): obtido pela média da contagem de uma amostra ao acaso de dez vagens das dez plantas avaliadas por parcela;

g) Número médio de sementes por planta (NMSP): obtido pela média entre o número de sementes produzidas por planta, em cada uma das dez plantas avaliadas por parcela;

h) Peso médio de 100 sementes (P100): em gramas (g), obtido pela média da pesagem de quatro amostras de 100 sementes de cada parcela, com teor de umidade de 12%;

i) Ciclo (CICLO): obtido pela razão entre o número de dias da emergência até a época de colheita, das plantas em cada tratamento;

j) Produtividade de grãos (PROD): expressa em $kg.ha^{-1}$, obtida pela relação entre o peso total dos grãos de cada parcela e o respectivo número de plantas, estipulados para hectares.

3.3.2 Análise de variância

Os dados obtidos para cada característica foram submetidos a analise de variância, sendo o valor de cada observação fornecido pelo modelo estatístico, onde o efeito de genótipo foi considerado fixo.

$Y_{ij} = m + g_i + b_j + E_{ij}$

em que:
Y_i = observação do tratamento **i** no bloco **j** (i = 1, 2, ..., g = 6; j = 1, 2, ..., b = 10);
m = média geral;
g_i = efeito do acesso **i**;
b_j = efeito do bloco **j**;
E_{ij} = erro experimental.

3.3.3 Teste de agrupamento de Skott e Knott

O teste de Scott- Knott indica uma organização crescente ou decrescente das médias para ser realizada de acordo com cada contraste inicial, onde é calculado o valor de B_0 várias vezes até ser aproveitado o maior valor B_0 dentre todos os calculados (Skott e Knott, 1974).

Costa, (2003) mostra uma maneira simples da obtenção do valor de B_0 pela formação de partições com a média maior isolada das demais em um contraste e a próxima partição com a maior e a segunda maior média e assim sucessivamente. Isto vai isolar, automaticamente, o maior valor B_0 e mais rapidamente a análise será realizada e por fim determina-se a existência ou não das diferenças significativas.
Para Scott e Knott (1974) o valor B_0 será a variância entre grupos de tratamentos da partição e a partida para realizar as análises, uma vez que o autor agregou ao valor B0 outras variâncias para chegada numa distribuição estatística conhecida.
Calculado o valor de B0 determina-se o estimador máximo verossimilhança de σ^2 o qual partirá da suposição de que todas as médias serão semelhantes. Esse estimador será necessário posteriormente, para comparar a hipótese H_0 em aceitar

ou rejeitar a mesma. O estimador vem do resultado da razão de verossimilhança do parâmetro σ² desenvolvida e obtida da seguinte maneira:

De acordo com Scott e Knott (1974) se a razão entre B0 e o estimador de máximo verossimilhança for elevada, a H0 será rejeitada, caso contrária não se rejeita H_0

$$\hat{\sigma}_0^2 = \frac{\sum_{i=1}^{t} (\bar{y}_i - \bar{y})^2 + v s_{\bar{y}}^2}{t + v}$$

Em que:

$\bar{y}_i$ — média de cada tratamentos;

$\bar{y}$ — média geral dos tratamentos;

$s_{\bar{y}}^2$ — variância do erro ou QMR;

v — grau de liberdade do resíduo;

t — médias de tratamentos envolvidos no grupo ou partição.

O esquema da análise de variância e as esperanças de quadrados médios para a fonte de variação do modelo estatístico é expresso no Tabela 3:

Tabela 3 - Análise de variância das características avaliadas.

FV	GL	SQ	QM	E (QM)	F
Blocos	b-1	SQB	QMB	σ_e^2 + gσ^2 b	
Acessos	g-1	SBG	SQG	σ_e^2 + bϕg^2	$\frac{QMg}{QMr}$
Resíduo	(b-1)(g-1)	SQR	SQR	σ_e^2	
Total	ij-1	SQT			

onde:

$$SQB = \frac{1}{g}\sum_{j=1}^{b} Y.j^2 - \frac{Y..^2}{gb}$$

$$SQG = \frac{1}{b}\sum_{i=1}^{g} Yi.^2 - \frac{Y..^2}{gb}$$

$$SQT = \sum_{i=1}^{g}\sum_{j=1}^{b} Yij^2 - \frac{Y..^2}{gb}$$

$$SQR = SQg - SQb - SQg$$

3.4 Estimadores dos parâmetros genéticos.

Foram estimadas também as Variâncias:

a) Variância fenotípica:

É a razão entre o quadrado médio de genótipos e o número de repetições (r):

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{r}$$

b) Variância genotípica:

Obtida pelo componente quadrático $\hat{\Phi}_g$, que expressa à variabilidade genotípica entre as médias dos genótipos:

$$\hat{\Phi}_g = \frac{QMG - QMR}{r}$$

c) Variância de ambiente:

Refere-se ao quadrado médio do resíduo, ou seja, $\hat{\sigma}^2 = QMR$.

d) Coeficiente de determinação genotípica

É a razão entre o componente quadrático genotípico ($\hat{\Phi}_g$) e a variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) entre médias de genótipos.

$$H^2 = \frac{\hat{\Phi}_g}{QMR/r}$$

Além dos coeficientes de variação genotípica e experimental e o índice de variação:

e) Coeficiente de variação genotípica

$$\hat{CV}_g = \frac{100\sqrt{\hat{\Phi}_g}}{\hat{m}},$$

em que $\hat{m}$ é o estimador da média geral do caráter avaliado.

f) Coeficiente de variação experimental

$$\hat{CV}_e = \frac{100\sqrt{QMR}}{\hat{m}}$$

g) Índice de variação

É a relação entre o coeficiente de variação genotípica ($\hat{CV}_g$) e o coeficiente de variação experimental ($\hat{CV}_e$), dada por:

$$I_v = \frac{\hat{CV}_g}{\hat{CV}_e} = \sqrt{\frac{\hat{\Phi}_g}{QMR}}$$

3.4.1 Análise Multivariada

A partir da matriz de variância e covariâncias residuais, obteve-se a matriz entre as cultivares pela Distância Generalizada de *Mahalanobis*.

3.4.2 Distância Generalizada de *Mahalanobis*

As estimativas da distância generalizada de *Mahalanobis* $D^2_{ii'}$ foram obtidas através da expressão:

$D^2_{ii'} = \delta' \psi^{-1} \delta$, em que:

$D^2_{ii'}$: é à distância de *Mahalanobis* entre os genótipos **i** e **i'**;

ψ : matriz da variância e covariâncias residuais;

δ : [d_1, d_2, ... d_v], sendo $d_j = Y_{ij}-Y_{i'j}$;

Y_{ij}: é a média do i-ésimo genótipo em relação a j-ésima variável.

Por meio da distância de *Mahalanobis* $D^2_{ii'}$ tem-se a possibilidade de estimação da diversidade genética, além da quantificação da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética utilizando-se o critério proposto por Singh (1981), baseado na estatística $S._j$. Considerando-se que:

$$D^2_{ii'} = \delta' \psi^{-1} \delta = \sum_{j=i}^{n} \sum_{j'=i}^{n} \omega_{jj'} d_j d_{j'} ,$$

em que $\omega_{jj'}$ é o elemento da j-ésima linha e j'-ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

3.4.3 Análise de Agrupamento

As análises de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os genitores em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos, sendo adequada para identificar os genótipos mais divergentes e com a probabilidade de sucesso nos cruzamentos (Cargnelutti Filho et al., 2008).

Foram empregados dois métodos de agrupamento sendo eles o método hierárquico de UPGMA resultando na imagem detalhada do dendrograma e o método de Otimização de Tocher, utilizando o programa computacional Genes (Cruz, 2010).

3.4.4 Método Hierárquico de UPGMA

Este método permite representar os agrupamentos em estruturas de dendrograma. Para determinar a confiabilidade no ajuste entre a matriz de dissimilaridade e a representação gráfica, é determinado, pelo teste t, o coeficiente da correlação cofenética (CCC).

De acordo com Cruz (2006), este método identifica a distância de um grupo em relação aos demais indivíduos. Onde a distância entre um indivíduo k e um grupo formado pelos indivíduos i e j é dada por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

onde, $d_{(ij)k}$ é dado pela média das distâncias dos pares de indivíduos (i e k) e (j e k), gerando uma nova matriz com esses valores reduzindo a dimensionalidade passo a passo. Com a construção do dendrograma, novas distâncias serão estimadas, de forma que, se um genótipo k for incorporado a um grupo (ij), a distância deste novo grupo (ij.k) em relação ao genótipo (l) ou a outro grupo (lm), dado por:

$$d_{(ij.k)l} = \frac{d_{il} + d_{jl} + d_{kl}}{3}$$

e

$$d_{(ij)lm} = \frac{d_{il} + d_{im} + d_{jl} + d_{jm} + d_{kl} + d_{km}}{6}$$

3.5 Método de Otimização de Tocher

O método de Otimização de Tocher requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, na qual é identificado o par de indivíduos mais similares, formando assim o grupo inicial. A partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo, ou seja, as distâncias médias das mediadas de dissimilaridades dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre grupos (Cruz et al., 2012).

Para estabelecimento dos grupos, sendo a distância entre o indivíduo k e o grupo formado pelos indivíduos ij é dado por:

$$d_{(ij)k} = d_{ij} + d_{jk}$$

Para a inclusão, ou não, do indivíduo k no grupo é considerado:

- se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$, inclui-se o indivíduo k no grupo;

- se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$, o indivíduo k não é incluído no grupo;

sendo n o número de individuos que constituí o grupo original.

Para determinar a distancia média intragrupo tem- se:

$$\bar{d}_i = \frac{2\sum_{j>}^{n}\sum_{j'}^{n} d_{jj'}}{n(n-1)}$$

E para determinar a distancia média intergrupo tem- se:

$$\bar{d}_{ii'} = \frac{\sum_{j=1}^{n_1}\sum_{j'=1}^{n_2} d_{jj'}}{n_1 n_2}$$

Em que n_1 e n_2 são o número de genótipos dentro dos grupos i e i', respectivamente.

3.5.1 Variáveis Canônicas

As técnicas de variáveis canônicas permitem uma simplificação no conjunto dos dados, resumindo as informações de um conjunto de variáveis, em poucas variáveis. Esta técnica baseia em informações entre e dentro de genótipos, havendo a necessidade de repetições (Cruz, 2006).

Para determinar o número de Variáveis Canônicas, transformando as médias originais dos caracteres, por um processo de condensação pivotal dando origem a novas variáveis, caracterizando por apresentar covariâncias residuais nulas e variâncias residuais igual a 1, determinado por:

a) Se Y_{ij} é uma Variável Canônica, definida pela combinação linear:

$Y_{ij} = a_1X_{i1} + a_2X_{i2} + ... + a_vX_{iv}$

b) Se $Y_{ij'}$ é uma Variável Canônica, tem-se uma nova combinação linear então:

$Y_{ij'} = b_1X_{i1} + b_2X_{i2} + ... + b_vX_{iv}$

e

$$\sum_j \sum_{j'} a_j a_{j'} \sigma_{jj'} = \sum_j \sum_{j'} b_j b_{j'} \sigma_{jj'} = 1$$

$$\sum_j \sum_{j'} a_j b_{j'} \sigma_{jj'} = 0$$

em que $\sigma_{jj'}$ é a covariância residual entre os caracteres **j** e **j'**.

c) Entre todas as variáveis canônicas, Y_{i1} apresenta a maior variância, Y_{i2} apresenta a segunda maior e assim sucessivamente.

Admitindo que a matriz **T** seja a matriz de covariância entre as médias dos genótipos, a matriz **E**, seja a matriz da covariância residual, verifica-se que, após a condensação pivotal, as variáveis transformadas apresentam matriz de covariância entre médias dada por **T*** e a matriz de covariâncias residuais igual à identidade **(E*=I)** (Cruz e Carneiro, 2006).

A transformação é obtida por meio de **Z'=VX**, em que:

Z: matriz **g x v** de médias transformadas de **g** genótipos em relação aos **v** caracteres;
X: matriz **g x v** de médias originais; e
V: matriz **v x v** de transformação, obtida pelo processo de condensação pivotal.

As estimativas dos autovalores, que medem a variância de cada variável canônica, são obtidas através de:

$det(T^* - I\lambda) = 0$

que equivalem aos autovalores obtidos de:

$\det(E^{-1}T - I\lambda)=0$.

As estimativas dos autovetores associados às variáveis transformadas por condensação pivotal são obtidas por:

$(T^{*}-I\lambda)\alpha=\phi$

onde α representa o autovetor cujos elementos são coeficientes de ponderação das variáveis obtidas por condensação pivotal.

As estimativas dos coeficientes de ponderação associados às variáveis originais permitem avaliar a contribuição de cada característica para uma determinada Variável Canônica. Estes coeficientes constituem o autovetor **a**, que pode ser obtido de α ou a partir do sistema:

$(E^{-1}T-I\lambda)a=\phi$

A análise gráfica, em estudos de comparação da similaridade entre genótipos, deve ser considerada quando for possível resumir em poucas variáveis (até três) mais de 80% da variação total disponível. Assim, considera-se que:

$C_1 = \alpha_{11}Z_1 + \alpha_{12}Z_2 + ... + \alpha_{1v}Z_v = a_{11}X_1 + a_{12}X_2 + ... + a_{1v}X_v$

...

$C_n = \alpha_{n1}Z_1 + \alpha_{n2}Z_2 + ... + \alpha_{vv}Z_v = a_{n1}X_1 + a_{n2}X_2 + ... + a_{vv}X_v$

Em C_1, C_2, ... , C_n, tem-se:

$\sum_{j} \alpha_{jj'}^{2} = 1$, para cada j' = 1, 2, ... , n;

e

$\sum_{j} \alpha_{jj'} \alpha_{jj''} = 0$, para qualquer par j' e j" de Variáveis Canônicas estimadas.

Estimados os coeficientes $\alpha_{jj'}$, podem ser calculados os coeficientes $a_{jj'}$, associados as variáveis originais, por meio de:

$[a_{j1}\ a_{j2} \ldots a_{jv}] = [\alpha_{j1}\ \alpha_{j2} \ldots \alpha_{jv}]\ V$.

Com a determinação do número de Variáveis Canônicas, envolvendo no mínimo 80% da variação, podem-se estimar os escores relativos às primeiras Variáveis Canônicas, utilizando a dispersão gráfica dos genótipos, permitindo análise visual das divergências entre eles.

3.5.2 Importância Relativa dos Caracteres

A Importância Relativa dos Caracteres, avaliados no estudo da diversidade dos genótipos, pode ser quantificada por intermédio das Variáveis Canônicas, sendo fundamental que os efeitos de escala de mensuração sejam eliminados. Dessa forma, os coeficientes **a'$_j$s** devem ser multiplicados pelo desvio padrão do erro experimental, de modo que:

$$\theta_j x_j = a_j \hat{\sigma}_j \left(X_j \Big/ \hat{\sigma}_j \right)$$

onde:

$$\theta_j = a_j \hat{\sigma}_j$$

Portanto, os valores θ_j medem a importância relativa de uma característica em cada Variável Canônica (Cruz e Carneiro, 2006).

3.5.3 Índices de Seleção

Para auxiliar na seleção dos genótipos superiores que foram considerados genitores do futuro esquema de cruzamentos em dialelo, do programa de melhoramento do feijoeiro da UNEMAT, utilizou-se o índice de seleção de Mulamba e Mock, (1978), visando selecionar genótipos com um conjunto de características ideais.

Esse índice consiste em classificar os genótipos em ordem favorável à seleção. Após esta classificação, as colocações dos vários caracteres de cada genótipo são somadas, formando o índice (Mulamba e Mock, 1978).

O índice de Mulamba e Mock, (1978) hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a soma dos “ranks”, que assinala a classificação dos genótipos (Cruz e Carneiro, 2006), ou seja o índice permite a estabelecer os pesos econômicos para as determinadas características e o sentido da seleção se é superior ou inferior, garantindo que se possa fazer seleção múltipla de características.

Nas análises computacionais, foram dados pesos econômicos para cada característica em estudo que demonstraram diferenças significativas entre os genótipos pelo teste F, na análise de variância. O peso econômico utilizado no índice de seleção foi: desvio padrão genotípico de acordo com Cruz, (2006).

Assim temos:

$I = p_1r_1 + p_2r_2 + ... + p_nr_n$

sendo:

I= valor do índice para determinado individuo ou família;

p_j = peso econômico atribuído pelo usuário à j-ésima característica;

r_j: classificação ou rank de um individuo em relação a j-ésima variável e;

n: numero de variáveis consideradas no índice

Dessa forma, ao selecionar os melhores genótipos com base no índice de seleção que levará em conta o favorecimento para todas as características em

conjunto, pode- se supor cruzamento com base nesses genótipos selecionados e nas distancia genéticas entre estes e os materiais melhorados.

As cultivares comerciais e linhagens primissoras não foram incluídas nessas análises em função de todos eles já possuírem alelos favoráveis para a produtividade e esta análise tem por finalidade escolher os melhores genótipos não melhorados com potencial superior aos demais e possibilidade de hibridação com genitores melhorados.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de Variância

Os quadrados médios para o efeito de blocos, genótipos e resíduo para as dez características estudadas com base na análise de variância individual em um delineamento de bloco completos casualizados são apresentados no Tabela 4.

Diferenças significativas (P< 0,01) foram encontradas para todas as características estudadas,confirmando existência de variabilidade genética entre os genótipos estudados.

O coeficiente de variação experimental variou entre 2,07 a 24,39 %, o que de acordo com a literatura é confiável tendo em vista que, Cabral et al., (2011) com um coeficiente de variação entre 2,70 e 20,86, analisando divergência genética de 57 acessos de feijoeiro comum sendo 31 genótipos locais, 20 genótipos da Embrapa e 6 cultivares comerciais, considera esse coeficiente de variação consistente para determinação da variabilidade entre os genótipos.

Resultados concordantes também com Barelli et al., (2009) analisando nove características morfoagronômicas de 35 acessos tradicionais de feijão comum no Mato Grosso do Sul, encontraram valores de coeficiente de variação de 0,80% a 24,41%, considerando-os eficientes para o estudo de divergência genética entre os genótipos.

Coeficiente de variação da mesma amplitude são apresentados por Bonett et al. (2006) avaliando 11 características em 58 cultivares crioulas e 5 testemunhas de feijoeiro comum, variando de 6,08 a 33,58% novamente coerente quanto aos valores encontrados por características semelhantes com as características analisadas no presente trabalho.

Tabela 4. Significâncias dos Quadrados Médios (QM) e coeficientes percentuais da variação experimental para as dez características avaliadas, em 58 genótipos de feijão (Cáceres, 2013).

FV	GL	Quadrado Médio[1/]									
		FLORESC	ALTIN	ALTPL	CLMV	NTVP	NMSV	NMSP	P100	CICLO	PROD
Bloco	2	0,36	23,78	62,34	0,55	28,75	0,15	968,36	9,99	12,16	1.854.461,75
Genótipo	57	13,78**	32,84**	78,71**	1,26**	30,13**	0,69**	646,26**	67,48**	317,24**	2.303.699,17**
Resíduo	114	0,60	9,24	14,16	0,22	11,08	0,25	265,82	2,28	11,51	532.609,08
Média		37,29	21,22	51,86	10,33	17,95	5,38	70,72	25,31	84,98	2.991,67
C.V. (%)		2,07	14,33	7,26	4,54	18,54	9,30	23,05	5,97	3,99	24,39

[1/] FLORESC = número de dias para o florescimento; ALTIN = altura média de inserção da primeira vagem; ALTP = altura média final de planta; CLMV = comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP = número total médio de vagens por planta; NMSV = número médio de sementes por vagem; NMSP = número médio de sementes por planta; PMG = peso médio de grãos; CICLO = ciclo; PROD = produtividade de grão.

(**) significativo ao nível de 1% de significância de probabilidade, pelo teste de F.

Com base nos estudos apresentados e de acordo com Oliveira et al., (2009), que ao comparar os coeficientes de variação de trabalhos com a cultura do feijoeiro publicados em diversas revistas, para as características: rendimento, numero de vagens por plantas, numero de grãos por vagem, peso de 100 grãos, estande final, altura de plantas e índice de colheita, os coeficientes de variação encontrados são aceitáveis e garantem a precisão experimental na avaliação de todas as características analisadas, conferindo boa precisão dos dados.

No Tabela 5 temos as médias dos 58 genótipos com base nas nove características estudadas juntamente com o teste de comparação entre médias pelo método de agrupamento de Scott e Knott, (1974).

Para a característica FLORESC, formaram-se 5 grupos distintos que se alocaram de acordo com o tempo para abertura da primeira flor sendo os grupos formados na ordem do mais tardio ao mais precoce, Grupo I reuniu os genótipos: 51, 15, 55, 49, 43, 42, 54, 45, 56, 53, 52, 48, 47, 46, 41, 40, 24, 22, 17, 10, 6, 5, 39, 19 e 7 onde o florescimento ocorreu entre 39 e 40 dias após o plantio, Grupo II, temos os genótipos: 50, 44, 37, 36, 29, 21 e 38 tendo ocorrência do florescimento entre 38 dias após o plantio Grupo III: 25, 4, 33, 9, 8, 28, 23, 14, 1, 18, 12, 34, 31, 30, 26, 35, 32, 13, 11 e 2 com florescimento de 35 a 37 dias após o plantio, grupo IV: 27, 58, 20 e 16 de 33 a 34 dias após o plantio e Grupo V: 57 e 3 com florescimento pleno aos 31 dias após o plantio.

O Grupo I foi o grupo mais numeroso com a presença de 14 dos 18 genótipos melhorados avaliados, e apenas 11 dos 40 acessos tradicionais, determinando que quanto a FLORESC, há potencial para escolha de alelos favoráveis para a redução dessa característica, tendo em vista a presença de genótipos melhorados e não melhorados com valores inferiores aos observados nesse grupo. Seguindo, o grupo II possui dois genótipos melhorados e cinco acessos tradicionais, já o grupo III possui 20 acessos tradicionais e nenhum melhorado e os grupos IV e V cada um com um genótipo melhorado o restante todos acessos tradicionais.

Silva et al. (2007) avaliando a eficiência da seleção recorrente fenotípica em relação ao numero de dias para o inicio do florescimento em feijoeiro, também utiliza o cultivar Pérola como testemunha e obtém aproximadamente 34 dias para o

florescimento desse genótipo, encontrando também genótipos mais precoces até oito dias.

Os acessos tradicionais se comportaram de maneira que o florescimento ocorre-se mais precocemente em relação as linhagens e as cultivares melhoradas, visto que 77,00 % dos genótipos melhorados se alocaram no grupo mais tardio quanto ao florescimento, os melhores genótipos quanto a essa característica são o 57 e o 3 um melhorado e um acesso tradicional ambos dos grupos andinos com florescimento acontecendo 31 dias após o plantio,ou seja, oito dias a menos que os mais tardios.

O número de dias para o florescimento é o caráter primordial para avaliar precocidade da cultura do feijão (Silva et al., 2007), e o uso de genótipos precoces com menor tempo para o aparecimento da primeira flor, proporciona ao produtor melhor aproveitamento da área, podendo otimizar os tratos culturais realizados na cultura e adequar seu calendário de plantio e colheita conforme as condições ambientais da região de cultivo (Ribeiro et al., 2004).

Ramalho et al. (1993) no período das secas, na região de Minas Gerais, observaram que a redução de um dia no ciclo propiciou aumento na produtividade de 33,30 kg ha^{-1} no feijoeiro comum. Diante disso, a identificação de genótipos precoces pode contribuir para o aumento na produtividade da cultura e a seleção para esse caráter é facilitada pela predominância de ação gênica aditiva (Santos e Vencovsky, 1985; Arriel et al., 1990; Ramalho et al., 1993).

Para a característica CICLO formaram-se 5 grupos sendo os mais tardios pertencentes ao Grupo I e os mais precoces ao Grupo V, Os genótipos com compuseram os grupos foram os seguintes, Grupo I: 56, 46, 45, 43, 41, 55, 54, 53, 52, 51, 50, 49, 48, 47, 44 e 42 com maturação ocorrendo entre 99 e 100 dias após o plantio, Grupo II: 36, 19 e 6 com de maturação de período 88 a 90 dias, Grupo III: 10, 7, 5, 24, 20, 15 e 17 com a maturação ocorrendo entre 84 a 87 dias após plantio, Grupo IV: 37, 21, 58, 57, 29, 22, 40, 38, 34, 39, 35 e 12 com uma maturação entre 79 e 82 dias após plantio, Grupo V: 31, 1, 33, 30, 25, 23, 28, 26, 18, 2, 32, 27, 16, 14, 13, 11, 9, 8, 4 e 3 tendo sua maturação de 73 a 78 dias após o plantio.

Tendo em vista os resultados analisados, observa-se que para CICLO os genótipos melhorados se alocaram em quase totalidade no grupo mais tardio se

mantendo isoladamente aos acessos tradicionais, exceto os genótipos 57 e 58 que se agruparam ao grupo IV os demais melhorados estão presentes no grupo I e se comportaram mais tardiamente, o que representa que os acessos tradicionais em totalidade conseguem realizar seu ciclo produtivo com menor tempo do que os genótipos melhorados.

Esse menor tempo para completar o ciclo de acordo com Buratto et al., (2007) garante-se diversas vantagens como: escape ao estresse climático e incidência de doenças, menor consumo de água e de tempo de uso do solo,e favorece a rotação de culturas.

Com relação ao comportamento dos genótipos quanto a florescimento e ciclo que são as duas principais variáveis quanto a precocidade observa- se que apenas o genótipo 3 possui características precoces nas duas variáveis uma vez que se comportou mais precocemente tanto em FLORESC, quanto em CICLO, o que o coloca como principal genótipo para seleção visando apenas essas características. Chama a atenção os genótipos melhorados 57, 58, 50 e 44 que no florescimento se comportaram como mais precoces dentre os melhorados, no entanto apenas o 57 e 58 continuam com essa característica quando observamos o CICLO, e mesmo assim não seguiram o mesmo padrão, agrupando- se no grupo IV ou seja, 7 dias mais tardios do que o genótipo mais precoce quanto a essa característica individualmente que está no grupo V.

Tabela 5. Agrupamento das médias dos 58 genótipos de feijoeiro pelo método de Scott-Knott, estimado a partir de dez características morfoagronômicas (Cáceres – MT, 2013)

Gen [1/]	FLORESC	ALTIN	ALTP	CMLV	NMVP	NMSV	NMSP	P100	CICLO	PROD
1	36.33 c	16,53 b	56,83 a	11,74 a	20,23 a	5,70 a	77,80 a	25,91 e	78,0 e	2972.50 c
2	35.00 c	16,77 b	53,80 b	9,92 c	19,93 a	5,03 b	79,90 a	19,76 g	74,3 e	2339.54 c
3	31.00 e	17,37 b	42,13 d	10,25 c	16,00 b	4,07 b	44,90 b	32,86 c	73,0 e	2524.29 c
4	37.00 c	22,83 a	48,47 c	10,63 b	19,57 a	5,53 a	75,21 b	17,21 g	73,0 e	1802.22 c
5	39.00 a	22,40 a	47,03 c	10,04 c	15,13 b	5,83 a	66,19 b	24,72 e	87,7 c	2708.54 c
6	39.00 a	23,27 a	53,60 b	10,37 c	15,60 b	5,20 b	53,30 b	26,76 e	88,7 b	2211.49 c
7	38.67 a	23,17 a	61,70 a	9,67 c	17,17 b	5,53 a	75,93 b	23,89 e	87,7 c	2845.84 c
8	36.67 c	18,07 b	50,53 c	11,83 a	20,77 a	5,27 b	68,53 b	24,05 e	73,0 e	2874.98 c
9	36.67 c	18,17 b	51,07 c	10,78 b	22,07 a	5,73 a	91,03 a	18,14 g	73,0 e	2505.90 c
10	39.00 a	20,97 b	41,37 d	9,72 c	17,00 b	5,60 a	73,50 b	19,51 g	87,7 c	2350.85 c
11	35.33 c	16,70 b	52,43 b	9,31 c	24,30 a	5,17 b	94,83 a	18,59 g	73,0 e	2775.80 c
12	36.00 c	20,67 b	57,47 a	9,97 c	14,87 b	4,90 b	57,97 b	25,76 e	79,3 d	2103.36 c
13	35.33 c	16,97 b	50,30 c	10,20 c	19,60 a	5,30 b	70,10 b	19,78 g	73,0 e	2139.53 c
14	36.33 c	17,33 b	51,90 b	11,94 a	24,07 a	5,07 b	81,83 a	24,61 e	73,0 e	2874.49 c
15	40.00 a	20,17 b	49,60 c	9,82 c	17,83 b	5,17 b	75,67 b	24,47 e	85,0 c	2346.03 c
16	33.33 d	21,37 b	54,60 b	10,81 b	19,60 a	4,77 b	73,20 b	24,77 e	73,0 e	3067.62 c
17	39.00 a	29,07 a	50,50 c	9,33 c	14,23 b	5,03 b	51,20 b	24,52 e	84,3 c	2006.32 c
18	36.00 c	18,03 b	52,47 b	10,65 b	22,17 a	6,13 a	104,70 a	20,46 f	74,3 e	2590.02 c
19	38.67 a	20,70 b	40,53 d	11,31 a	18,67 a	5,93 a	72,27 b	21,28 f	90,3 b	2553.48 c
20	34.00 d	17,93 b	53,47 b	10,73 b	16,73 b	4,43 b	41,90 b	43,07 a	85,3 c	2723.88 c
21	38.00 b	23,30 a	56,13 b	10,84 b	16,37 b	5,13 b	64,40 b	25,36 e	82,7 d	2636.82 c
22	39.00 a	22,77 a	52,13 b	10,44 c	16,37 b	4,93 b	63,53 b	24,86 e	82,0 d	2398.31 c

Continua...

Tabela 5. **Continuação.**

Gen [1/]	FLORESC	ALTIN	ALTPL	CMLV	NTVP	NMSV	NMSP	PMG	CICLO	PROD
23	36.33 c	22,33 a	57,53 a	11,28 a	15,43 b	6,10 a	70,95 b	22,99 e	75,7 e	2325.09 c
24	39.00 a	18,03 b	48,97 c	10,41 c	18,03 b	5,67 a	80,63 a	25,85 e	86,7 c	3178.76 c
25	37.00 c	19,60 b	51,43 b	10,55 b	19,57 a	5,60 a	84,37 a	25,56 e	75,7 e	2978.99 c
26	35.67 c	17,13 b	46,73 c	10,00 c	21,03 a	5,17 b	70,87 b	19,91 g	74,3 e	2109.68 c
27	34.33 d	19,83 b	50,97 c	10,41 c	17,90 b	5,33 b	72,97 b	25,41 e	73,0 e	2862.57 c
28	36.33 c	16,60 b	42,80 d	9,80 c	20,70 a	5,10 b	69,67 b	20,58 f	74,3 e	2040.55 c
29	38.00 b	20,33 b	49,77 c	11,68 a	12,23 b	5,50 a	52,00 b	23,72 e	82,0 d	2711.83 c
30	35.67 c	16,40 b	47,57 c	9,75 c	19,00 a	4,63 b	61,13 b	21,66 f	75,7 e	1964.78 c
31	35.67 c	20,37 b	55,60 b	10,55 b	23,33 a	5,50 a	96,30 a	20,74 f	78,0 e	2897.84 c
32	35.33 c	23,67 a	50,80 c	10,04 c	17,63 b	5,17 b	64,67 b	20,67 f	73,0 e	2098.43 c
33	36.67 c	17,43 b	49,83 c	10,59 b	16,70 b	5,60 a	66,70 b	25,09 e	75,7 e	2716.85 c
34	35.67 c	18,07 b	49,67 c	10,00 c	19,63 a	5,83 a	90,40 a	22,02 f	80,3 d	3112.54 c
35	35.33 c	19,23 b	55,47 b	11,24 a	17,00 b	4,73 b	55,30 b	37,88 b	79,3 d	3101.86 c
36	38.00 b	22,00 a	43,17 d	9,63 c	9,57 b	5,23 b	37,20 b	22,02 f	92,0 b	1473.47 c
37	38.00 b	18,53 b	48,23 c	9,57 c	14,03 b	5,90 a	61,97 b	23,43 e	82,7 d	2828.83 c
38	37.33 b	20,27 b	51,83 b	10,04 c	12,80 b	5,73 a	64,57 b	22,91 e	81,7 d	2336.76 c
39	38.67 a	17,03 b	46,90 c	11,27 a	17,43 b	6,53 a	86,33 a	25,39 e	79,3 d	3231.34 c
40	39.00 a	20,20 b	48,70 c	10,33 c	16,17 b	6,40 a	78,93 a	24,13 e	81,7 d	2516.29 c
41	39.00 a	25,57 a	56,17 b	9,92 c	19,43 a	5,10 b	69,83 b	28,75 d	100,7 a	3567.60 b
42	39.67 a	24,87 a	58,63 a	10,49 c	15,97 b	5,37 b	59,43 b	29,90 d	99,0 a	4013.25 b
43	39.67 a	24,90 a	59,53 a	10,32 c	20,73 a	6,07 a	99,03 a	28,03 d	100,7 a	5347.52 a
44	38.00 b	22,63 a	53,07 b	10,10 c	20,20 a	5,87 a	90,77 a	26,36 e	99,0 a	4657.80 a
45	39.33 a	27,80 a	58,90 a	10,29 c	17,47 b	5,10 b	63,53 b	28,75 d	100,7 a	3753.08 b
46	39.00 a	20,93 b	52,30 b	10,34 c	19,57 a	4,80 b	66,80 b	25,80 e	100,7 a	3740.12 b
47	39.00 a	23,97 a	55,37 b	10,03 c	26,10 a	5,50 a	89,77 a	28,93 d	99,0 a	5221.27 a

Continua...

Tabela 5. Continuação.

Gen [1/]	FLORESC	ALTIN	ALTPL	CMLV	NMVP	NMSV	NMSP	PMG	CICLO	PROD
48	39.00 a	24,37 a	54,60 b	9,75 c	16,73 b	5,43 a	68,33 b	23,92 e	99,0 a	3718.93 b
49	39.67 a	25,30 a	53,80 b	10,88 b	17,47 b	4,97 b	67,20 b	27,01 e	99,0 a	3837.44 b
50	38.00 b	20,97 b	54,23 b	10,21 c	23,67 a	5,70 a	101,20 a	30,03 d	99,0 a	5743.19 a
51	40.33 a	23,50 a	51,60 b	10,42 c	16,20 b	5,37 b	71,93 b	31,24 c	99,0 a	4623.30 a
52	39.00 a	26,90 a	52,77 b	9,93 c	14,97 b	6,03 a	65,30 b	29,69 d	99,0 a	3577.75 b
53	39.00 a	22,67 a	52,63 b	9,45 c	19,23 a	5,77 a	68,63 b	26,52 e	99,0 a	4026.13 b
54	39.33 a	23,70 a	58,20 a	9,38 c	15,53 b	4,97 b	61,90 b	25,48 e	99,0 a	3566.85 b
55	39.67 a	25,53 a	62,27 a	10,12 c	16,33 b	5,13 b	58,63 b	24,35 e	99,0 a	2798.52 c
56	39.00 a	26,87 a	61,80 a	10,86 b	17,13 b	5,90 a	73,13 b	25,72 e	100,7 a	3337.15 c
57	31.00 e	21,90 a	46,73 c	9,98 c	14,70 b	5,07 b	54,50 b	31,44 c	82,0 d	3065.59 c
58	34.00 d	26,63 a	41,13 d	9,09 c	13,47 b	4,83 b	49,00 b	35,79 b	82,0 d	3083.35 c

FLORESC = número de dias para o florescimento; ALTIN = altura média de inserção da primeira vagem; ALTPL = altura média final de planta; CLMV = comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP = número total médio de vagens por planta; NMSV = número médio de sementes por vagem; NMSP = número médio de sementes por planta; PMG = peso médio de grãos; CICLO = ciclo; PROD = produtividade de grão.....

Para a característica ALTURA, tem-se 4 grupos distintos, Grupo I: 55, 56, 7, 43 ,45, 42, 54, 23, 12 e 1 com altura de 56,8 a 62,2 cm Grupo II: 41, 21,31, 35, 47, 48, 16, 50, 49, 2, 6, 20, 44, 52, 53, 18, 11, 46, 22, 14, 38, 51 e 25 chegando de 51,4 a 56,1 cm, Grupo III: 9, 27, 32, 8, 17, 13, 33, 29 , 34, 15, 24, 40, 4, 37, 30, 5, 39, 57 e 26 de 46,70 a 51,00 cm e Grupo IV: 36, 28, 3, 10, 58 e 19 variando entre 40,50 a 43,10 cm de altura de plantas.

Salgado et al. (2011) avaliando o comportamento de genótipos de feijão em Tocantins, obtém altura de planta elevada entre 75,11 a 108,90 cm, valores acima dos observados neste trabalho, já Oliveira et al. (2012) avaliando também genótipos de feijão comum em Tocantins obtém resultados semelhantes para a altura de plantas e considera satisfatório para algumas cultivares os resultados dessa característica para a colheita mecanizada uma vez que as alturas de planta variaram entre 38,20 a 74,70 cm.

A altura ideal para a colheita mecanizada é relatada por Simone et al. (1992) determinando que seja acima de 50,00 cm, nesse caso com relação as alturas observadas temos que os grupos I, II e III possuem genótipos que favorecem a colheita mecanizada já o grupo IV não favorece a colheita mecanizada, com base nessa característica.

Na avaliação das médias da característica ALTINS formaram-se 2 grupos distintos, Grupo I: 17, 45, 52, 56, 58, 41, 55, 49, 43, 42, 48, 47, 54, 32, 51, 21, 6, 7, 4, 22, 53, 44, 5, 23, 36 e 57 com média de 24,30 cm com para a inserção da primeira vagem e Grupo II: 16, 50, 10, 46, 19, 12, 31, 29, 38, 40, 15, 27, 25, 35, 37, 9, 34, 8, 24, 18, 20, 33, 3, 14, 26, 39, 13, 2, 11, 28, 1 e 30 com média de 18,71 cm de inserção da primeira vagem, característica de arquitetura de planta que auxilia em alguns objetivos de acordo com Costa e Rava, (2003), que são atender a demanda quanto a colheita mecanizada, reduzir doenças ocasionadas por fungos de solo nas vagens, principalmente o mofo branco e reduzir perdas tanto em excesso de chuva na colheita quanto com qualidade fitossanitária dos grãos ou sementes devido o contato com o solo em função da baixa inserção de vagem. Borges, (2007) por meio de avaliação agronômica quanto a estabilidade e adaptabilidade de genótipos de feijão não obteve diferenças significativas quanto a altura de inserção

de primeira vagem e os valores variaram de 7,5 a 11,5 cm, baixos com relação aos encontrados no trabalho.

Ribeiro e Storck, (2003) buscando selecionar genitores potenciais por meio de divergência genética obtiveram altura de inserção de primeira vagem de 8,20 a 20,60 cm o que é coincidente com os resultados encontrados, e consideram apenas um genótipo com característica favorável para a colheita mecanizada

A altura ideal de inserção de primeira vagem de acordo com Peluzio et al., (2009) varia entre 10,00 e 15,00 cm, uma vez que a inserção de vagem muito baixa pode acarretar em perdas na colheita e na qualidade dos grãos colhidos.

Ambas as características ALTURA e ALTINS, conferem importâncias semelhantes tendo em vista que representam quão satisfatória será a colheita e juntamente com a sanidade das vagens uma vez que a produção destas, muito próximas ou em contato com o solo podem facilitar a degradação das mesmas o que gera perdas na produção. A altura considerada ideal para a plantas de feijoeiro é acima de 50,00 cm considerando a colheita mecanizada, e a ALTINS é acima de 10,00 cm, observando que somente quanto a altura de plantas os genótipos com ALTP inferior a 50,00 cm são considerados inapropriados para a colheita mecanizada sendo alguns deles o 36, 28, 3, 10, 58 e 19, ou seja, tem características de colheita manual ou semi mecanizada que consiste em arranquio, amontoa e trilha em trilhadeira mecânica.

Para NMVP houve a formação de dois grupos distintos tendo o grupo I média de 20,96 vagens por planta e Grupo II com 16,75 vagens por plantas, Os genótipos que compõem o grupo I são: 47, 11, 14, 50, 31, 18, 9, 26, 8, 43, 28, 1, 44, 2, 34, 16, 13, 46, 25, 4, 41, 53, 30 e 19 e o Grupo II é composto por 34 genótipos sendo eles: 24, 27, 15, 32, 49, 45, 39, 7, 56, 35, 10, 48, 20, 33, 22, 21, 55, 51, 40, 3, 42, 6, 54, 23, 5, 52, 12, 57, 17, 37, 58, 38, 29 e 36. Solza et al, (2012), ao analisar o comportamento de três cultivares de feijão na região de cerrado quanto a adubação verde, obtiveram resultados inferiores aos aqui observados de 11,40 a 12,50 vagens por planta.

Em relação ao NMSV houve a formação de dois grupos distintos, o Grupo I apresentou média de 5,80 sementes por vagem e o Grupo II apresentou média de 5,02 sementes por vagem, onde os genótipos que compõem o Grupo I foram: 39,

40, 18, 23, 43, 52, 19, 56, 37, 44, 34, 5, 53, 38, 9, 50, 1, 24, 33, 25, 10, 7, 4, 47, 31, 29 e 48, e o Grupo II foram: 51, 42, 27, 13, 8, 36, 6, 32, 26, 15, 11, 55, 21, 45, 41, 28, 57, 14, 17, 2, 54, 49, 22, 12, 58, 46, 16, 35, 30, 20 e 3.

A característica NMSP teve média de 70,72 sementes, formando também dois grupos sendo eles, Grupo I: 18, 50, 43, 31, 11, 9, 44, 34, 47, 39, 25, 14,24, 2, 40 e 1, e Grupo II: 7, 15, 4, 10, 16, 56, 27, 19, 51, 23, 26, 13, 41, 28, 53, 8, 48, 49, 46, 33, 5, 52, 32, 38, 21, 45, 22, 37, 54, 30, 42, 55, 12, 35, 57, 6, 29, 17, 58, 3, 20 e 36.

Ribeiro e Storck, (2003) ao analisarem 90 genótipos de feijão comum visando obter genitores potenciais via divergência genética encontram valores entre 3,50 e 6,35 valores estes próximos e correspondentes com os encontrados neste estudo e Shimada et al. (2000) relata que o numero de grãos por planta intimamente ligado com numero de sementes por vagem é um dos componentes de rendimento mais afetado por variações na densidade de plantas na linha de plantio, e pelo espaçamento entre linhas.

Para P100 houve a formação de 7 grupos onde no Grupo I temos apenas o genótipo 20 com 43,06 gramas, seguindo temos o Grupo II com 2 genótipos: 35 com 37,88 g e 58 com 35,79 g, Grupo III com 3 genótipos: 3, 57 e 51 com pesos de 31, 24 g a 32,86 g; Grupo IV com 7 genótipos: 50, 42, 52, 47, 45, 41 e 43 com pesos variando de 28,03 g a 30,03 g; Grupo V: com 30 genótipos sendo eles: 49, 6, 53, 44, 1, 24, 46, 12, 56, 25, 54, 27, 39, 21, 33, 22, 16, 5, 14, 17,15, 55, 40, 8, 48, 7, 29, 37, 23 e 38 e a amplitude do peso desse genótipos variou de 22,91 g a 27,01 g; Grupo VI com 8 genótipos: 36, 34, 30, 19, 31, 32, 28 e 18 com valores variando de 20,46 g à 22,02 g; e Grupo VII com 7 genótipos: 26 , 13, 2, 11, 10, 9 e 4 e seus valores tendo amplitude de 17,21 g a 19,91 g.

Resultados semelhantes são observados por Ramos Junior et al. (2005) analisando o comportamento de cultivares de feijão carioca e seus componentes de produção uma vez que variaram de 23,00 g a 32,40 g demonstrando que o P100 foi a característica de maior interferência na produtividade, no entanto, Fageria et al., (2006) relata que os componentes de produção NMVP, NMSP, NMSV e P100, não influenciam o rendimento final de grãos de forma independente, mas sim em conjunto. Dessa forma a análise desses fatores deve ser feita em conjunto, uma vez

que há necessidade que se aumente essas características de forma coerente e consiga maior rendimento produtivo.

Os resultados na avaliação da característica CLMV, foram a formação de 3 grupos distintos sendo o Grupo I composto por 8 genótipos: 14, 8, 1, 29, 19, 23, 39 e 35; Grupo II formado por 11 genótipos sendo eles: 49, 56, 21, 16, 9, 20, 18, 4, 33, 31 e 25; e Grupo III com 39 genótipos: 42, 22, 51, 27, 24, 6, 46, 40, 43, 45, 3, 50, 13, 55, 44, 38, 32, 5, 47, 34, 26, 57, 12, 52, 41, 2, 15, 28, 48, 30, 10, 7, 36, 37, 53, 54, 14, 11 e 58.

Essa característica possui importância na qualidade de grãos tendo relação com a altura de inserção da primeira vagem, ou seja, vagens compridas inseridas mais próximas ao solo aumentam a possibilidade de doenças nas vagens juntamente com redução na qualidade dos grãos. Kappes et al. (2008) estudando as características morfo- agronomicas de feijão comum determinaram que uma altura de inserção de primeira vagem de 15,5 cm juntamente como comprimento de vagem de 6,4 são favoráveis a colheita mecanizada, garantindo qualidade nos grãos e menor perda na colheita.

Para a variável PROD, houve a formação de 3 grupos distintos, Grupo I: 50, 43, 47, 44 e 51; Grupo II: 53, 42, 49, 45, 46, 48, 52, 41 e 54; e Grupo III: 56, 39, 24, 34, 35, 58, 16, 57, 25, 1, 31, 8, 14, 27, 7, 37, 55, 11, 20,33, 29, 5, 21, 18, 19, 3, 40, 9, 22, 10, 15, 2, 38, 23, 6, 13, 26, 12, 32, 28, 17, 30, 4 e 36. Onde os genótipos presentes no grupo I são superiores aos demais tendo em vista que a produtividade deste grupo variou entre 5743,19 Kg ha^{-1} a 4623,30 Kg ha^{-1}, já o grupo II teve valores entre 3586,35 Kg ha^{-1} a 4026,13 Kg ha^{-1} e para o grupo III esses valores são mais baixos variando entre 1473,47 Kg ha^{-1} a 3337,15 Kg ha^{-1}, vale ressaltar que tanto no grupo I quanto no II, onde reunimos os genótipos mais produtivos em relação aos demais, temos presença de apenas genótipos melhorados, ou seja, cultivares com um numero de alelos favoráveis superiores aos demais nessas características.

No grupo III onde há maior numero de genótipos observa-se a menor produtividade e todos os acessos tradicionais presentes nesse grupo determinando que esses não diferem entre si quanto a essa determinada característica e juntamente com esses acessos a presença de quatro genótipos melhorados sendo

eles 55, 56, 57 e 58, deixando claro a baixa eficiência desse genótipos quanto a essa característica no presente estudo em relação aos demais genótipos melhorados, no entanto, quando observamos os valores dos genótipos do grupo III em sua maioria acessos tradicionais observamos que em comparação com a média nacional de produtividade de feijão que é de 1004 Kg ha^{-1} observamos que são todos superiores a média nacionas, determinando grande chance de sucesso ao utilizar genótipos com essas característica.

Todos os resultados demonstram a importância de cada genótipo para determinada característica em estudo, podendo observar o potencial de genótipos para FLORESC uma vez que é um caráter que se deseja reduzir assim como CICLO para garantir precocidade. Os caracteres que garantem melhor aproveitamento da planta e melhor qualidade dos grãos que foram analisados são ALTINS, NMVP, NMSP, NMSV, CLMV e ALTURA, ou seja, há necessidade de obtenção de plantas com vagens de tamanho e numero de grãos desejados com uma inserção que não permita o toque das mesmas ao chão e para isso se torna necessário ter plantas com bom porte, com comprimento de vagem ideal. Os caracteres de P100 e PROD fornecem ideia de quem são os melhores genótipos quanto a rendimento e permitem inferir sobre o tamanho do grão auxiliando as demais análises, no momento da escolha de quem serão os genitores para compor um programa de melhoramento.

Resultados semelhantes são observados por Coelho et al. (2007) ao avaliar a divergência genética de genótipos de feijão comum obtém média de produtividade de 2.707,00 Kg ha^{-1}, no entanto há 4 genótipos com valores superiores a média alcançando de 3500 a 4.000,00 Kg ha^{-1}, próximo ao encontrado neste trabalho que foi média de 2.991,67 Kg ha^{-1} e 22 genótipos acima de média alcançando valores de até 5.743,00 Kg ha^{-1}, concordantes também com esses resultados Farinelli e Lemos, (2010), alcançando produtividades de 5.338,00 kg ha^{-1} ao avaliarem características agronômicas e desempenho produtivo de feijão comum, e confirma que o fato de tais genótipos de feijão terem alcançado maiores produtividades de grãos foi mediante ao efeito benéfico de componentes de rendimento como número de vagens por planta, massa de cem grãos, salientando que estas características agronômicas tornam-se importantes na seleção de genótipos de feijão mais

produtivos, sabendo, é claro, que a variação dos componentes da produção do feijoeiro colabora com a manutenção da estabilidade da produtividade de grãos.

4.2 Parâmetros Genéticos

No Tabela 6 observa- se as estimativas dos parâmetros genéticos dos 58 genótipos estudados, e que serviram de base para inferências sobre a seleção de genótipos para uso como genitores no programa de melhoramento.

As características FLORESC, P100, CICLO, possuem variabilidade genética, e coeficiente de determinação genotípicos ($\hat{\Phi}_g$) altos acima de 90,00%, sendo, 95,67 %, 96,62% e 96,37%, respectivamente; e ALTP e CLMV, tem um coeficiente de determinação genotípicos médio, acima de 80,00%, sendo estes 82,00% e 82,52%, respectivamente; apenas as características de PROD, ALTINS, NMVP e NMSV não apresentam coeficientes de determinação elevados, entretanto são superiores a 60,00% o que também pode favorecer em ganhos genéticos. De acordo com Resende e Duarte, (2007) os valores de coeficiente de determinação genotípico acima de 60,00% garantem uma acurácia nos dados avaliados de 90,00%, garantindo potencial de seleção com base em todas as característica, podendo estimar os ganhos genéticos com precisão. Isso indica que esses caracteres apresentam alto componente genético em suas expressões fenotípicas, sugerindo que a obtenção de ganhos pode ser conseguida via seleção visual (Andrade et al., 2010). Já a característica NMSP apresentou coeficiente de determinação genotípico de 58,87, ou seja, inferior a 60,00% determinando influencia ambiental atuando nessa característica o que desfavorece seleção baseada nessa característica estudada.

Resultados semelhantes aos observados foram encontrados por Ribeiro et al. (2009) com intuito de selecionar linhagens endogâmicas recombinantes e estimar os parâmetros genéticos obteve coeficientes de determinação genotípicos variando entre 71,43 e 91,13, e determina que com base nessa informação pode -se estimar o quanto será herdado para a progênie futura podendo proporcionar um melhor planejamento quanto a gerações futuras

Tabela 6. Estimativas das variâncias fenotípica ($\hat{\sigma}^2_F$) e de ambiente ($\hat{\sigma}^2_e$), da variabilidade genotípica ($\hat{\Phi}_g$), do coeficiente de determinação genotípica (H^2), e do índice de variação (I_V) para as dez características avaliadas nos 58 genótipos de feijoeiro (Cáceres, 2013).

Características	$\hat{\sigma}^2_F$	$\hat{\sigma}^2_e$	$\hat{\Phi}_g$	H^2	I_V
FLORESC	4,59	0,60	4,39	95,67	2,72
ALTIN	26,24	14,17	21,51	82,00	1,23
ALTURA	10,95	9,24	7,87	71,85	0,92
CLMV	10,04	11,09	6,35	63,21	0,76
NMVP	0,42	0,22	0,35	82,52	1,25
NMSV	0,23	0,25	0,15	63,92	0,77
NMSP	215,42	265,82	126,81	58,87	0,69
P100	22,49	2,28	21,73	96,62	3,09
CICLO	105,75	11,52	101,91	96,37	2,97
PROD	767.899, 73	532.609, 08	590.363, 36	76,88	1,05

1/ FLORESC = número de dias para o florescimento; ALTIN = altura média de inserção da primeira vagem; ALTPL = altura média final de planta; CLMV = comprimento longitudinal médio das vagens; NTVP = número total médio de vagens por planta; NMSV = número médio de sementes por vagem; NMSP = número médio de sementes por planta; P100 = peso médio de cem grãos; CICLO = ciclo; PROD = produtividade de grão.

O mesmo é encontrado por Souza et al. (2002) que avaliou comportamento de genótipos de feijão comum, dos grupos Carioca, Preto, Roxo/Rosinha e Mulatinho, em Rondônia, para selecionar materiais agronomicamente superiores, com maior estabilidade fenotípica e melhor adaptação às condições de cultivo no Estado, obteve valores altos para a característica de produção , variando de 71,01% até 99,62%.

Oliveira et al. (2006) investigaram a eficiência de diferentes métodos para a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos de adaptabilidade e estabilidade

de 20 genótipos de feijão comum, encontrando resultados semelhantes para o coeficiente de determinação genotípico com base na produção de grãos, variando de 74,00 a 96,00 %, confirmando bom resultado para poder tomar com base essa característica para qualquer seleção.

Para o índice de Variação (I_V), obtido pela razão entre o coeficiente de variação genético ($\hat{CV}_g$) e o coeficiente de variação ambiental ($\hat{CV}_e$), as características , FLORESC, CLMV, P100, CICLO e PROD, se comportaram com razões de $\hat{CV}_g / \hat{CV}_e$ superiores a 1, condição que é favorável ao melhoramento da cultura, tendo em vista a seleção baseada na redução do ciclo da cultura, estar intrinsecamente ligada com a precocidade, ou mesmo para selecionar genótipos com maior porte para colheita mecânica, e com maiores valores de rendimento. Salientando que de acordo com esses valores o melhoramento pode ser realizado por meio de metodologias menos complexas como a seleção massal em gerações subsequentes, favorecendo desenvolvimento da cultura na região, devido confiabilidade nos valores fenotípicos observados.

Ao avaliar a diversidade genética em 63 genótipos crioulos de feijoeiro comum por meio de parâmetros genéticos, Bonett et al. (2006), alcançaram valores muitos próximos para os coeficientes de herdabilidade, com estimativas acima de 75,00% para sete dos 11 caracteres avaliados, exceto para número de sementes por vagem (50,42%), altura de inserção da primeira vagem (20,54%), número de dias para maturação (66,29%) e período reprodutivo (53,86%), apresentando valores bem abaixo dos encontrados neste trabalho. Para as características altura de planta, numero de dias para florescimento, numero de vagens por planta, numero médio de sementes por planta, peso de cem sementes peso de grão por planta e produtividade de grãos, por apresentarem valores acima de 1,0 para a relação de $\hat{CV}_g / \hat{CV}_e$, indicando maior importância do componente genético se comparado com o ambiental, mostrando condições favoráveis ao melhoramento para essas características.

Já Ribeiro et al. (2004) estudando os efeitos da interação genótipo x ambiente, em genótipos de feijão comum com estabilidade para coloração do

tegumento e ciclo consegue valores acima da unidade, 2,90 e 1,6 respectivamente, valor esse de ciclo inferior ao encontrado nesse trabalho mas concordantes.

Para as características de ALTINS, NMVP, NMSV e NMSP os coeficientes de determinação genotípica não foram baixos, exceto para NMSP (58,87%). No entanto os índices de variação foram inferiores a 1, determinando dificuldade na seleção baseada nessas características, uma vez que essa razão entre $\hat{CV}_g / \hat{CV}_e$ inferior a 1 determina que a variação ambiental tem maior participação do que os componentes de variação fenotípica.

4.3 Análise Multivariada

4.3.1 Medidas de Dissimilaridade

As medidas que determinam a dissimilaridade genética são apresentadas no Tabela 7, de acordo com dez características estudadas, utilizando a distancia generalizada de *Mahalanobis* ($D^2_{ii'}$), onde observa-se que a combinação mais dissimilar foi entre os genótipos 4 e 20, por apresentarem máximo valor de $D^2_{ii'}$ 346,00, visto que são genótipos de grupos gênicos diferentes mesoamericano e andino, respectivamente; significando que com base na divergência genética esse seria o cruzamento mais promissor buscando a heterose máxima.

De acordo com Falconer, (1981) a distância genética entre os genitores é indicativa da expressão heterótica nas progênies e Cruz e Regazzi, (2004) acrescentam que combinações híbridas com maior efeito heterótico geram populações segregantes com maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores. Já a menor magnitude de distância foi encontrada entre os genótipos14 e 8 por apresentarem mínimo valor de $D^2_{ii'}$ 2,24, e também pertencerem ao mesmo grupo Mulatinho, determinando que eles são os acessos mais similares entre os demais não sendo recomendados para cruzamentos entre si.

Observa- se diante da matriz a existência de ampla divergência genética entre os genótipos que pode ser explorada visando sucesso na seleção e formação de população segregante superior. Os genótipos que se apresentaram com maiores combinações dissimilares entre todos foram: 3, 20, 35, 57 e 58, genótipos esses

pertencentes ao grupo gênico andino, exceto o 58, que é um genótipo de feijão preto porem com características andinas para o tipo de semente, sendo elas tamanho de semente grande, peso de cem sementes elevado, e não possuem características desejáveis para o programa de melhoramento em questão Tendo em vista que para todas as características estudas os genótipos se comportaram abaixo da média esperada.

Tabela 7. Dissimilaridade entre 58 acessos de feijoeiro, em relação a 11 caracteres, com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis* ($D_{ii'}^2$), (Cáceres-MT, 2013).

Gen	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0,00	49,64	109,13	59,75	62,86	48,61	65,62	10,82	41,84	90,50
2		0,00	131,55	20,65	89,00	98,88	74,70	49,71	10,43	71,72
3			0,00	185,31	194,76	199,14	241,42	114,78	164,57	232,39
4				0,00	76,22	87,79	77,31	41,76	5,24	49,47
5					0,00	11,10	22,36	79,73	76,90	16,33
6						0,00	19,90	66,82	86,83	38,22
7							0,00	92,91	71,81	37,31
8								0,00	32,93	93,47
9									0,00	57,66
10										0,00
11										
12										
13										
14										
15										
16										
17										
18										
19										
20										
21										
22										
23										
24										
25										
26										
27										
28										
29										
30										
31										
32										
33										
34										
35										
36										
37										
38										
39										
40										

Continua..

Tabela 7. Continuação.

Ac	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	74,74	24,32	40,75	10,78	70,95	31,75	80,82	39,13	57,90	152,52
2	5,67	27,62	3,67	49,45	88,11	25,40	85,27	11,88	91,33	287,56
3	160,44	108,85	121,14	109,71	222,12	66,45	215,05	133,00	206,73	103,85
4	26,74	47,57	14,69	47,17	76,61	48,83	65,78	21,92	58,84	346,01
5	108,20	35,56	86,86	91,99	7,56	108,72	11,35	67,22	22,80	210,44
6	124,31	33,61	95,43	75,74	13,30	106,63	17,53	84,48	28,17	181,96
7	87,71	30,53	83,73	100,44	18,63	107,30	19,94	65,89	56,58	254,03
8	72,62	40,90	33,64	2,24	87,76	29,48	89,12	45,58	56,67	198,54
9	16,10	37,65	6,58	35,11	76,53	36,29	75,65	10,02	64,40	313,06
10	83,04	52,36	71,45	106,36	18,74	117,54	20,60	60,32	21,74	313,00
11	0,00	46,40	10,77	71,03	103,78	42,69	99,14	17,71	115,69	332,88
12		0,00	30,63	43,69	37,91	32,97	36,81	27,11	59,77	169,95
13			0,00	35,05	89,63	22,09	85,80	12,67	79,88	276,33
14				0,00	96,36	27,37	101,21	44,98	68,07	191,89
15					0,00	122,62	12,40	69,66	34,99	233,09
16						0,00	108,52	33,31	104,66	199,22
17							0,00	73,80	40,12	248,99
18								0,00	73,60	260,93
19									0,00	256,75
20										0,00
21										
22										
23										
24										
25										
26										
27										
28										
29										
30										
31										
32										
33										
34										
35										
36										
37										
38										
39										
40										

Continua...

Tabela 7. Continuação.

Ac	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1	24,78	41,02	14,46	46,23	19,02	43,87	28,75	47,94	29,51	39,20
2	60,90	68,42	28,30	84,97	35,17	6,65	24,13	13,74	76,64	8,03
3	165,71	184,23	128,07	178,73	103,80	120,53	56,99	116,93	166,23	106,51
4	52,68	53,69	28,47	81,90	42,46	13,47	47,63	16,98	57,44	21,57
5	18,60	10,93	46,64	4,42	31,47	79,27	75,97	65,24	28,84	66,67
6	8,88	7,04	47,81	9,64	38,48	89,36	85,63	79,98	24,07	73,02
7	19,98	19,53	46,45	23,08	43,64	82,63	87,72	79,87	51,38	70,62
8	35,53	48,77	21,76	67,66	29,53	34,29	33,76	38,20	30,54	34,51
9	49,89	55,02	20,27	74,58	31,48	7,77	34,17	13,18	57,20	15,22
10	39,08	25,46	59,64	27,32	50,35	61,66	89,67	49,03	44,68	55,28
11	84,94	89,55	47,95	106,01	50,04	12,22	39,23	19,35	109,63	17,91
12	16,66	22,87	14,40	30,16	10,39	31,85	20,12	31,11	36,62	20,19
13	58,19	65,68	24,09	83,37	31,54	1,51	20,58	7,35	66,40	5,24
14	42,37	57,23	26,33	76,04	32,25	35,85	34,24	41,14	42,72	36,27
15	21,72	9,04	56,07	7,97	36,62	81,43	89,68	66,38	41,01	66,62
16	62,01	81,80	27,27	100,12	35,14	26,92	9,40	36,81	71,18	26,32
17	21,15	11,38	52,60	22,69	40,85	77,89	83,22	66,19	43,49	65,62
18	51,23	56,83	16,68	62,30	18,27	14,55	19,81	16,72	65,81	18,97
19	27,98	24,66	50,94	26,58	50,33	70,61	88,20	61,46	17,96	65,88
20	190,90	210,21	210,75	180,09	165,86	272,89	170,36	259,19	210,22	239,30
21	0,00	4,11	19,53	15,28	19,86	56,64	51,68	53,77	12,09	45,80
22		0,00	30,82	10,42	23,32	60,73	63,58	52,18	16,72	48,39
23			0,00	42,43	11,20	28,25	19,63	31,92	26,59	27,56
24				0,00	24,42	77,24	68,98	64,30	26,25	63,04
25					0,00	30,40	15,05	25,31	33,60	24,66
26						0,00	22,81	2,91	65,00	3,26
27							0,00	24,27	61,53	19,90
28								0,00	60,76	3,74
29									0,00	55,89
30										0,00
31										
32										
33										
34										
35										
36										
37										
38										
39										
40										

Continua...

Tabela 7. Continuação.

Ac	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
1	30,83	46,60	14,78	39,03	69,48	92,87	51,43	44,15	32,79	51,31
2	8,44	8,91	32,39	15,89	181,20	90,43	51,83	39,78	79,83	72,04
3	141,87	121,68	92,73	116,50	78,17	211,34	161,30	153,92	146,43	177,97
4	17,00	10,71	41,43	32,77	217,04	77,39	55,56	43,65	72,53	63,86
5	66,85	73,08	35,69	42,30	125,91	15,35	10,06	14,17	19,82	7,57
6	70,60	83,88	41,39	61,54	102,37	29,70	27,19	28,66	31,95	23,87
7	52,13	72,43	52,28	47,08	157,35	41,54	24,12	22,66	52,07	28,65
8	34,07	37,48	22,14	51,11	100,51	103,34	67,29	59,81	47,75	69,48
9	7,66	10,18	30,13	21,78	191,39	86,25	50,12	39,41	61,95	58,89
10	59,62	60,68	52,97	40,78	207,14	11,22	19,60	20,74	46,23	24,37
11	15,80	16,56	50,76	24,80	220,80	114,18	65,34	57,14	101,81	87,38
12	21,82	25,86	10,69	15,64	89,31	49,47	19,94	12,48	35,69	29,85
13	9,96	6,35	25,70	18,68	170,19	90,51	51,68	42,34	70,84	69,21
14	33,26	41,23	26,98	54,40	97,55	118,73	78,82	69,25	56,05	78,94
15	69,38	79,46	43,99	51,38	142,78	23,98	17,22	19,98	30,10	12,26
16	22,98	20,02	30,88	33,81	111,72	123,56	78,40	63,51	82,28	95,17
17	64,94	62,65	48,86	51,94	154,01	23,06	21,16	22,02	46,39	22,54
18	9,00	14,74	21,41	8,67	156,82	85,07	39,47	28,81	46,49	43,02
19	64,61	73,00	47,64	56,60	159,09	24,97	38,12	37,47	34,62	34,66
20	263,05	273,82	163,26	225,83	20,35	265,84	216,13	221,59	170,48	207,57
21	37,13	47,68	22,07	38,36	98,05	37,97	23,91	18,41	26,00	23,70
22	47,56	53,81	26,94	42,65	115,14	27,40	18,88	16,48	24,86	16,84
23	14,44	19,47	10,69	18,65	109,88	67,79	31,61	20,11	29,06	32,94
24	62,67	76,64	28,29	40,53	100,83	26,81	12,39	16,13	12,71	7,89
25	23,27	26,94	3,05	13,58	81,11	60,23	18,66	15,27	14,74	17,74
26	12,05	6,98	25,16	18,30	169,56	81,63	47,74	41,09	67,41	64,29
27	23,73	18,17	12,69	16,49	91,04	95,68	46,96	38,38	49,10	57,92
28	19,74	11,30	20,89	17,24	160,59	68,18	37,66	34,42	55,16	51,01
29	55,18	59,37	27,40	51,84	111,73	38,72	34,82	28,77	25,48	35,19
30	15,25	9,91	18,92	16,25	145,29	66,45	37,99	31,82	60,23	56,14
31	0,00	9,82	25,32	12,96	156,31	80,29	43,82	32,31	59,19	54,42
32		0,00	25,51	17,08	165,57	77,83	45,48	34,43	67,29	60,72
33			0,00	14,70	79,98	57,44	18,88	16,39	16,16	23,07
34				0,00	135,11	53,41	18,78	13,54	36,54	30,13
35					0,00	178,45	128,52	128,85	87,15	119,54
36						0,00	22,88	22,63	52,24	32,26
37							0,00	4,15	19,93	7,79
38								0,00	21,87	10,19
39									0,00	8,72
40										0,00

Continua...

Tabela 7. Continuação,

Ac	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
1	103,37	110,10	127,74	83,96	115,98	92,83	95,61	105,12	105,69	90,00
2	168,51	202,74	200,46	129,03	192,56	150,18	171,05	134,43	181,82	164,05
3	275,02	299,09	330,62	237,34	308,40	277,53	273,40	294,96	300,44	230,96
4	163,79	193,76	195,24	131,21	179,82	139,67	167,49	123,66	158,61	176,16
5	37,01	50,17	52,81	24,94	49,96	40,28	55,53	28,58	43,35	46,57
6	20,76	28,25	44,94	25,88	28,25	22,41	36,80	25,01	24,66	39,69
7	34,80	50,66	44,15	27,41	44,30	40,70	48,74	21,49	49,92	50,05
8	137,17	145,15	170,01	117,09	147,79	114,72	124,93	130,58	127,02	129,52
9	160,84	188,93	186,78	123,56	179,66	138,29	158,13	125,16	161,55	160,47
10	74,37	100,77	96,56	53,12	90,88	61,67	97,48	43,16	74,38	94,37
11	193,60	235,23	223,03	149,83	221,88	178,04	188,70	154,71	214,75	186,52
12	80,63	100,01	109,50	62,86	98,03	81,02	92,92	72,99	96,73	81,37
13	172,18	202,75	207,60	134,17	195,31	150,72	169,98	140,50	180,73	167,51
14	146,08	157,89	181,77	127,12	159,21	125,20	132,38	144,37	139,85	136,86
15	43,48	60,39	64,47	40,17	58,31	45,98	66,68	36,11	51,71	63,54
16	173,12	196,34	206,40	136,13	191,25	160,83	164,29	160,21	181,39	151,95
17	44,87	63,86	68,22	41,83	55,19	51,61	66,08	33,12	53,03	69,69
18	153,26	183,89	173,77	110,90	177,94	145,94	155,16	127,08	167,51	141,63
19	63,54	77,33	88,69	48,44	72,99	42,75	75,87	47,52	49,17	77,52
20	207,83	205,58	252,05	214,51	231,92	243,07	208,75	283,11	246,02	169,54
21	43,54	51,91	64,90	37,30	49,99	39,14	53,27	38,99	42,31	54,00
22	44,01	55,26	68,06	40,67	52,78	40,12	59,86	37,28	42,89	61,44
23	108,19	121,30	126,80	80,07	120,23	101,81	111,16	91,95	110,77	103,22
24	36,77	47,20	51,81	25,39	51,04	38,72	51,09	35,19	43,99	39,16
25	93,65	110,68	114,79	68,58	112,86	95,83	96,11	88,60	106,10	82,41
26	163,89	196,93	202,79	128,54	188,57	142,52	162,18	134,20	172,97	161,85
27	153,04	176,12	182,14	114,49	176,24	150,38	150,75	142,71	168,87	129,89
28	154,85	187,90	195,15	121,79	181,52	136,38	157,54	128,22	164,60	154,34
29	70,91	71,09	92,06	56,53	74,09	51,77	82,14	58,27	52,45	77,48
30	142,23	173,30	184,48	113,41	166,67	123,29	147,20	118,42	152,88	143,30
31	125,45	154,54	149,06	92,00	143,81	112,61	121,69	100,44	135,39	120,42
32	154,04	184,37	186,85	119,11	173,20	140,55	155,87	123,62	161,36	153,86
33	102,29	116,47	127,74	75,75	121,18	97,12	104,66	94,08	110,91	90,86
34	112,43	141,16	131,73	71,82	136,31	107,25	117,18	88,70	129,29	98,61
35	140,58	136,75	173,87	139,93	157,33	162,81	138,66	191,77	162,02	110,56
36	59,01	79,64	88,95	45,74	72,95	48,02	93,46	36,00	58,97	83,93
37	67,29	84,22	83,20	42,40	85,61	66,92	80,47	48,54	80,36	66,72
38	73,59	91,91	91,28	47,87	90,10	71,50	93,01	52,64	82,73	76,90
39	82,18	88,10	93,42	57,96	98,06	83,20	88,90	79,44	85,11	70,11
40	66,75	81,19	79,61	46,56	84,35	73,27	82,31	57,04	77,86	68,40

Continua...

Tabela 7. Continuação,

Ac	51	52	53	54	55	56	57	58
1	138,30	114,54	95,21	119,80	113,18	99,51	91,60	135,87
2	236,88	185,42	141,74	152,14	157,27	164,96	107,99	176,53
3	304,12	259,70	263,75	313,16	341,72	313,77	19,14	65,08
4	225,49	179,76	139,55	149,16	142,37	150,58	160,20	211,59
5	50,17	28,67	26,51	37,47	50,92	45,67	140,59	112,68
6	40,86	28,02	22,10	28,46	29,43	27,61	152,23	131,29
7	72,49	45,82	26,32	22,49	27,22	32,43	174,26	168,98
8	175,21	153,56	126,00	151,79	140,59	132,81	111,96	161,55
9	221,42	176,76	134,49	148,69	144,22	148,63	141,05	201,15
10	104,83	75,28	55,24	58,61	70,26	77,02	178,29	169,22
11	270,61	212,05	159,09	173,60	181,48	193,39	134,09	201,16
12	121,78	86,56	70,68	79,44	88,17	87,23	76,88	99,55
13	236,56	186,99	143,67	161,94	163,54	168,97	105,32	172,38
14	189,91	166,82	138,09	164,94	151,96	143,40	110,86	165,79
15	62,55	45,14	37,12	38,99	49,24	54,63	175,69	142,49
16	229,15	185,06	157,96	181,01	184,51	174,01	54,37	126,07
17	72,26	45,53	38,02	39,18	48,90	54,49	161,02	129,28
18	206,23	155,04	128,15	147,93	153,64	147,91	103,34	151,43
19	86,07	69,12	54,25	69,10	66,45	59,41	163,50	168,49
20	199,04	187,25	225,49	278,68	302,63	260,56	105,72	79,62
21	71,57	54,03	41,99	47,19	45,17	42,06	126,21	131,26
22	67,39	51,83	41,20	43,93	45,95	48,29	146,45	133,90
23	147,84	110,31	93,98	109,32	106,81	96,75	95,56	135,03
24	47,83	32,35	28,91	41,69	53,90	46,87	132,87	111,17
25	121,93	89,42	79,31	101,62	111,82	102,00	78,29	89,26
26	226,96	178,63	135,61	156,11	159,16	165,69	105,98	164,31
27	194,78	149,01	133,10	161,20	174,71	161,82	41,17	85,63
8	208,49	163,37	126,84	148,91	157,05	163,61	104,63	144,74
29	85,84	75,35	65,69	73,75	70,53	62,67	134,39	149,28
30	199,68	157,06	119,18	134,72	141,51	150,02	93,32	141,79
31	188,62	143,09	105,86	119,69	117,99	117,28	107,86	166,54
32	214,23	163,70	130,47	145,01	148,65	151,60	97,49	148,73
33	130,31	98,78	84,65	108,32	117,81	109,55	72,64	93,48
34	156,88	110,42	87,30	106,29	121,76	115,50	76,73	112,17
35	138,56	127,77	152,14	192,86	206,89	173,71	75,44	63,03
36	82,94	56,85	47,36	46,57	60,50	64,95	156,07	144,23
37	90,21	58,36	44,52	58,23	76,75	75,82	113,99	108,19
38	101,93	67,66	56,57	63,08	76,89	74,84	107,33	113,73
39	86,14	65,57	67,94	93,95	104,90	87,28	113,84	102,88
40	81,29	52,21	50,81	67,74	81,09	72,88	131,86	110,94

Continua...

Tabela 7. Continuação.

Ac	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
41	0,00	7,10	12,98	12,04	3,52	10,43	12,48	12,97	10,85	16,60
42		0,00	12,14	21,98	3,60	16,53	16,50	23,52	9,30	19,87
43			0,00	12,88	11,96	28,19	16,80	19,65	21,91	13,63
44				0,00	19,28	18,15	18,04	10,42	22,67	8,94
45					0,00	11,90	15,32	15,51	6,12	23,52
46						0,00	21,25	10,75	6,65	29,95
47							0,00	27,47	24,82	11,40
48								0,00	16,02	31,77
49									0,00	32,12
50										0,00
51										
52										
53										
54										
55										
56										
57										
58										

Continua...

Tabela 7. Continuação.

Ac	51	52	53	54	55	56	57	58
41	18,12	12,13	7,99	11,33	16,41	10,63	200,13	164,77
42	10,20	15,55	17,19	20,21	22,83	13,02	224,96	184,28
43	18,81	16,25	15,44	19,24	28,55	14,37	236,86	197,65
44	29,24	14,17	6,82	16,80	30,02	17,03	157,38	141,44
45	17,86	18,19	15,45	13,60	13,70	7,40	229,25	193,63
46	33,20	33,62	14,75	13,83	13,06	13,73	211,55	199,92
47	33,54	28,88	12,50	30,47	33,54	23,41	200,86	177,08
48	38,75	26,00	8,51	3,72	9,77	11,55	211,94	195,22
49	20,04	26,85	22,46	18,95	16,53	10,89	230,95	201,97
50	23,89	17,79	15,48	34,56	50,62	30,63	156,42	131,45
51	0,00	11,51	28,58	35,27	50,50	34,67	231,01	162,43
52		0,00	14,45	26,81	43,28	26,09	179,47	124,61
53			0,00	11,12	21,87	17,97	186,28	159,04
54				0,00	8,06	14,51	230,10	203,32
55					0,00	8,02	261,34	248,40
56						0,00	228,54	215,44
57							0,00	40,36
58								0,00

Esses genótipos mesmo não sendo adequados de acordo com suas médias produtivas ainda possuem a maior divergência dentre os demais. e os genótipos superiores que tem as características desejáveis são o 42 e 43 (Campos gerais e Uirapuru e CHC 98- 42, CNFP 10794, FT 08- 47), seguidos dos acessos 2, 13, 16, 18, 32, com características acima da média determinada para o programa de melhoramento em questão.

Informações quanto à divergência genética apenas determinam quais são os genótipos com menor similaridade quanto as características analisadas no estudo, dessa forma, apenas informações referentes à divergência genética não são suficientes para escolha de parentais para hibridação, de acordo com Ferreira Junior,(2013) devem vir acompanhadas de informações referente ao desempenho dos genótipos quanto aos componentes de produção, precocidade e alturas interessantes para colheita mecanizada.

4.3.2 Análise dos métodos de agrupamento de otimização de tocher e hierárquicos pelo UPGMA,

No Tabela 8, apresenta-se o agrupamento dos genótipos pelo método de otimização de Tocher, com base na distancia generalizada de *Mahalanobis*, proporcionando a formação de seis grupos distintos.

Tabela 8. Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 58 acessos de feijoeiro (Cáceres-MT, 2014).

Grupos	Acessos	% de acessos
I	13, 26, 30, 28, 2, 32, 9, 31, 18, 11, 4, 34, 23, 27, 33, 25, 12, 16, 38, 1, 8 e 14	37,93
II	41, 45, 42, 49, 56, 46, 48, 54, 55, 53, 44, 43, 47, 52, 50, 51, 6, 7, 5 e 24	34,48
III	21, 22, 29, 19, 15, 14, 40, 37, 39, 17, 10 e 36	20,69
IV	3 e 57	3,44
V	20 e 35	3,44
VI	58	1,72
Total	**58**	**100,0**

Os grupos formados foram:

Grupo I: neste grupo se uniram 22 genótipos, todos acessos tradicionais sendo o grupo mais numeroso com 37,95% do total, Grupo II: com 20 genótipos dos quais apenas 4 são acessos tradicionais sendo eles : 6, 7, 5, 24; contemplado com 34, 48 % de todos os genótipos, Grupo III: formado por 11 genótipos todos acessos tradicionais, representando 18,96 %, Grupo IV: formado por apenas dois genótipos 3 o 57; Grupo V: 20 e 35; também com a união de apenas dois genótipos e conferindo um percentual de 18,95 do total de genótipos estudados cada, Grupo VI: com apenas um genótipo o 58 representando 1,72 % do numero de progênies estudadas. Os grupos formados demonstram a divisão bem clara dos acessos tradicionais para

os cultivares e linhagens melhoradas ficando evidente variabilidade existente com potencial de ser explorada.

Os genótipos com menor distância entre si pertencem ao mesmo grupo de modo que a escolha de genitores de mesmo grupo não é interessante, pois resultam em variabilidade restrita dos parentais nas gerações segregantes (Benin, 2002) dessa forma, os cruzamento com maior potencial são aqueles realizados entre indivíduos com nível de dissimilaridade mais elevado, o que proporcionará maiores valores de heterose proporcionando maiores chances de progênies superiores e com variabilidade possível de ser explorada.

Os resultados apresentados pelo método de Tocher são concordantes com os da Distância Generalizada de *Mahalanobis* ($D^2_{ii'}$), tendo em vista que os indivíduos mais dissimilares pela matriz de dissimilaridade, estão alocados em grupos distintos, já os genótipos que apresentaram maior semelhança, 14 e 8 foram agrupados no mesmo grupo, Grupo I em função da distancia entre eles ser pequena, e os com maior distancia observados na matriz que são o 4 e o 20 estão alocados nos grupos Grupo I e V, respectivamente.

Observa- se no Tabela 9 as médias da distância intragrupos e intergrupos, determinando que a maior distância intragrupo foi de 26,20 para o Grupo I, e a maior distancia intergrupo foi dos grupos II e IV, 235, 37, sugerindo que cruzamentos realizados entre genótipos desses dois grupos tendem a produzir maior variabilidade genética formando uma base genética mais ampla na progênie e nota- se que entre os grupos VI e IV, temos a menor distancia intergrupo, determinando que o cruzamento entre genótipos desse grupo seja evitado tendo em vista possibilidade de insucesso por gerar uma população segregante com pouca variabilidade genética, apresentando dificuldade para gerar genótipos com potencial superior aos pais, uma vez que os pais possuem muita proximidade diante das características analisadas e o cruzamento entre eles poderiam não aumentar os valores quanto a característica de interesse do melhorista.

Tabela 9. Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 58 acessos de feijoeiro (Cáceres – MT, 2013).

	I	II	III	IV	V	VI
I	**26,20**	126,34	59,36	110,07	186,91	145,38
II		25,18	55,52	235,37	188,38	**171,23**
III			25,76	167,76	182,94	135,47
IV				**19,14**	90,80	52,72
V					20,35	71,32
VI						-

Ao compar o método de Tocher com a metodologia de UPGMA, identifica-se grande semelhança nos resultados (Figura 2), com exceção do genótipo 58 que ficou isolado no Grupo VI e no dendrograma está agrupado juntamente com os genótipos 3 e 57, no entanto ao analisar o dendrograma podemos visualizar a formação de 5 grupos, onde os genótipos pertencentes ao Grupo I: 13, 26, 28, 30, 32, 3, 11, 4, 9, 18, 34, 31, 16, 27, 8, 14, 1, 25, 33, 12, 23 e 39, tem Produtividade como as característica mais semelhante dentro do grupo proporcionando o agrupamento.

Grupo II:51, 52, 44, 53, 47, 50, 43, 41, 45, 42, 46, 49, 48, 54, 55 e 56 tem como característica mais semelhante dentro do grupo Ciclo sendo todos os genótipos considerados os mais tardios; Grupo III: 19, 29, 10, 36, 37, 38, 5, 24, 40, 15, 21, 22, 6, 17 e 7 e possui como características mais semelhantes entre os genótipos a Produtividade com maximo de 3083,35 Kg ha^{-1}.

Grupo IV: 20 e 35 com as características ALTINS, ALTURA, NMVP, NMSV, NMSP E PROD, conferindo a formação desse grupo ; e Grupo V: 3, 57, 58 com as características de CLMV, NMVP, NMSP,NMSV e PROD garantindo a formação do grupo.

Dessa forma observamos que as duas metodologias foram concordantes, separando de forma similar os genótipos melhorados dos acessos tradicionais, com exceção dos genótipos 57 e 58, e demonstram também a formação de dois grupos distintos bastante numerosos entre os acessos tradicionais, o que proporciona dizer

que há variabilidade genética tanto entre os genótipos tradicionais e melhorados, quanto entre os tradicionais, assim como somente entre os melhorados também, fortalecendo assim a possibilidade de seleção de genitores potenciais dentre esses grupos distintos que proporcionarão a formação de uma população segregante com alelos favoráveis em relação as características desejadas.

De acordo com Rodrigues et al. (2002) ao analisar a divergência entre cultivares locais e melhoradas, determina a formação de grupos com o auxilio do dendrograma, e são concordantes com as informações já citadas demonstrando que há variabilidade entre as cultivares melhoradas e as locais e constata que entre as locais a variabilidade é maior..

Estudos realizados por Gonçalves et al. (2014) para avaliar a divergência genética de 65 acessos tradicionais de feijão comum, por meio da metodologia de UPGMA também determinam com o auxilio do dendrograma formação de VI grupos e conseguem determinar a existência de variabilidade genética entre os acessos e potencial de seleção na população de estudo.

De acordo com Buttow et al. (2010) as diferenças existentes entre o método de Tocher e UPGMA são em função da forma como cada método faz o calculo da variabilidade genética. Também há possibilidade de diferenças em função que no método de otimização os genótipos são reunidos em grupos que podem ser mais ou menos homogêneos, fato esse que explica a possibilidade de alguns genótipos terem se agrupado de forma diferente ao comparar os grupos formados pelos métodos de agrupamento (Pereira e Cruz, 2003).

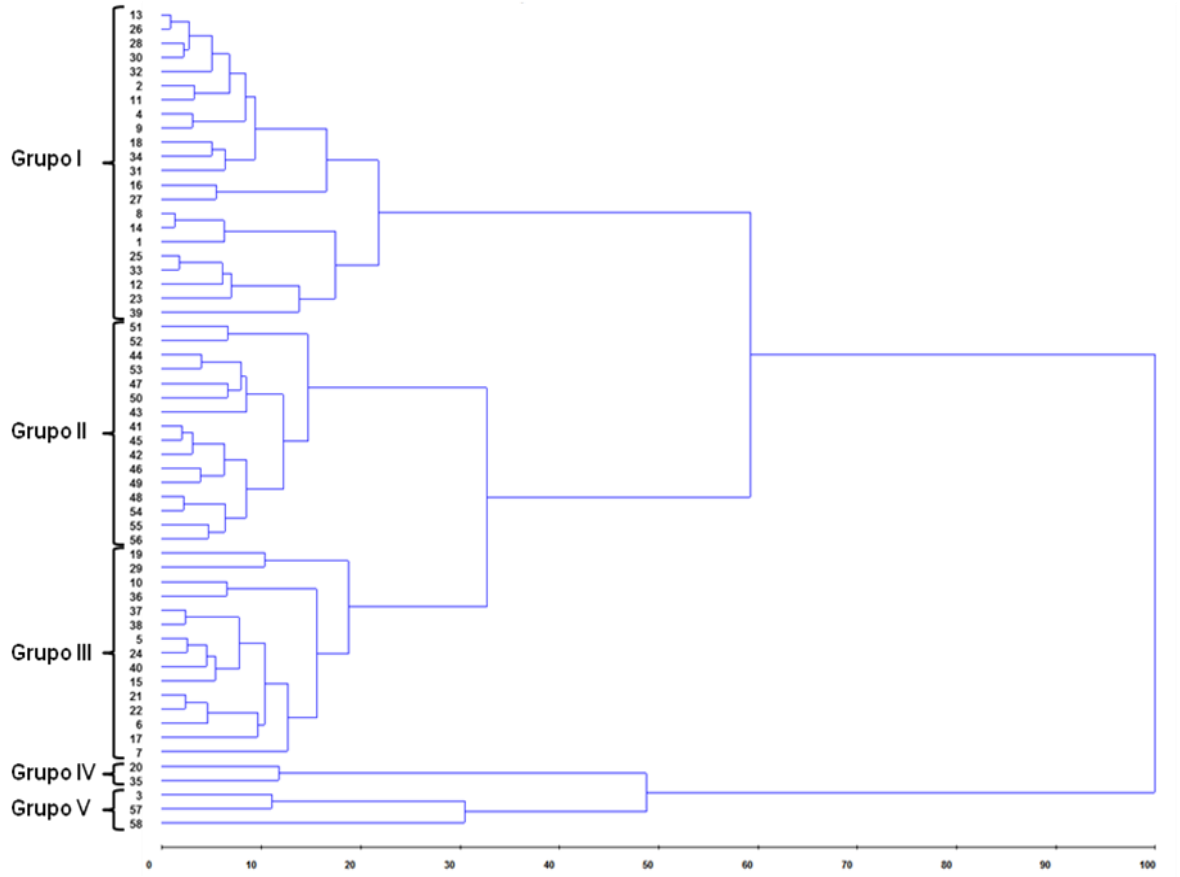

Figura 2. Dendrograma gerado pelo método hierárquico de UPGMA, e os respectivos grupos, com base na distância generalizada de *Mahalanobis* dos 58 genótipos de feijoeiro avaliados em Cáceres – MT,

Ao analisar agrupamento dos genótipos pode-se ter parâmetro quanto à seleção de genótipos a serem cruzados entre si, com características produtivas e de precocidade juntamente com qualidade de grãos que venham a elevar o potencial da cultura proporcionando o inicio do programa de melhoramento da Universidade do Estado de Mato Grosso, Campus de Cáceres, que visa o aumento de produtividade e redução do ciclo produtivo (preocidade). Observa-se que os genótipos melhorados estão em um grupo separado, o que indica similaridade entre eles e dissimilaridade deles quanto aos acessos tradicionais, dessa forma, há possibilidade de gerar segregantes transgressivos nas populações segregantes formadas por meio de hibridação, entre indivíduos melhorados e acessos tradicionais, cruzamentos que alem de tomar como base as medidas de dissimilaridade, devem levar em consideração o potencial produtivo e quanto a precocidade.

4.3.3 Variáveis Canônicas

No Tabela 10 estão as estimativas dos autovalores correspondentes as Variáveis Canônicas e os respectivos coeficientes de ponderação (autovetores) associados às variáveis originais. De acordo com Cruz et al. (2012) ao expressar mais de 80% da variância total, nas primeiras variáveis canônicas tonar-se viável o estudo da divergência por meio dessa distancia geométrica. Nesse caso na terceira variável canônica demonstrou-se 85,5% da variância total existente entre os genótipos, demonstrando que o estudo da distancia genética por meio de um gráfico tri-dimensional é viável e poderá proporcionar uma simplificação estrutural dos dados.

Teixeira et al., 2004, avaliando característica morfoagronomicas em interação com épocas de semeadura de 14 acessos de feijão de vagem, obtém para a época de invernos na segunda variável canônica 74, 20 % da variação total, já para o verão nas duas primeiras variáveis canônicas ele obtém 88,44% da variação total proporcionando a demonstração dos dados em apenas duas dimensões.

O mesmo é observado por Barelli et al. (2009) avaliando a divergência genética entre 35 cultivares tradicionais de feijão comum obtém nas duas primeiras variáveis canônicas 81,90% da variação total o que possibilita a utilização de tal metodologia na observação e auxilio para seleção de genótipos potenciais resultados esses semelhantes aos encontrados no presente trabalho e que demonstram possibilidade de utilização da metodologia quanto a explicação para a divergência genética entre os genótipos e demonstra também de forma clara a divisão dos genótipos tradicionais dos melhorados.

Krause et al. (2009) com objetivo de avaliar a divergência genética entre 15 genótipos de feijão de vagem também observaram as duas primeiras variáveis canônicas explicando aproximadamente 80,00% da variação total o que proporciona a aplicação do uso dessa metodologia por meio da projeção em duas dimensões para auxilio na seleção de genótipos.

Cabral et al. (2011) ao avaliar a divergência genética entre 57 acessos de feijão comum, sendo 31 genótipos locais do sul do Espírito Santo, 20 da EMBRAPA,

Tabela 10. Estimativas dos autovalores (λ_i) correspondentes às percentagens de variação, explicada pelas variáveis canônicas (VC_i), e coeficiente de ponderação (autovetores) de 10 características, avaliadas em 58 genótipos de feijão comum (Cáceres, 2013)

VC_i	Autovalores		Autovetores associados									
	λ_i	λcum, (%	FLORESC	ALTIN	ALTPL	CMLV	NMVP	NMSV	NMSP	PMG	CICLO	PROD
VC_1	52,88	52,88	0,93	0,07	0,05	0,06	-0,11	-0,25	0,00	0,13	0,24	0,00
VC_2	25,11	77,99	-0,40	-0,05	-0,06	0,28	-0,02	0,46	0,00	0,66	-0,01	0,00
VC_3	7,48	85,48	-0,03	-0,02	0,16	1,82	0,39	-0,33	-0,09	-0,14	0,00	0,00
VC_4	5,26	90,74	-0,70	0,04	0,13	-1,17	0,09	0,06	-0,01	-0,14	0,07	0,00
VC_5	3,12	93,86	0,34	-0,07	0,14	-0,82	-0,03	1,14	0,04	0,22	-0,11	0,00
VC_6	2,21	96,07	-0,29	0,04	-0,11	0,62	-0,03	0,99	0,01	-0,08	0,03	0,00
C_7	1,63	97,70	0,21	-0,18	-0,05	-0,55	0,31	0,28	-0,04	0,07	0,02	0,00
VC_8	1,23	98,94	0,24	0,28	-0,06	-0,18	0,20	0,03	-0,02	0,04	-0,11	0,00
VC_9	0,61	99,54	0,19	-0,07	0,01	-0,20	-0,12	-0,49	-0,03	-0,09	-0,09	0,00
VC_{10}	0,45	100,00	0,03	0,01	-0,04	0,31	-0,21	-1,59	0,09	0,03	0,03	0,00

[1/] **FLORESC** = número de dias para o florescimento; ALTIN = altura média de inserção da primeira vagem; ALTPL = altura média final de planta; CLMV = comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP = número total médio de vagens por planta; NMSV = número médio de sementes por vagem; NMSP = número médio de sementes por planta; PMG = peso médio de grãos; CICLO = ciclo; PROD = produtividade de grão.

e seis cultivares comerciais tem que as três primeiras variáveis canônicas explicaram 82,16% da variação total,e os mesmo não obtiveram concordância entre o numero de grupo formados pelas diferentes metodologias mas conseguem separar os genótipos por meio do grupo gênico.

A variável canônica VC1 que explicou 52,88% da variação total está associada um conjunto de variáveis as quais FLORESC (0,93) PMG (0,13) e CICLO (0,24), para a variável VC2 temos CLMV (0,28), NMSV (0,46) e PMG (0,66) e para a VC3 temos CLMV (1,82), NMVP (0,39) e ALTURA (0,16) com maior peso para a expressão da variação total dos genótipos, dessa forma observamos que as características de PROD, NMSP, ALTINS poderiam ser excluídas com base nessa

análise, tendo em vista que para a explicação das três primeiras variáveis canônicas que explicaram mais de 80,00 % da variação total, elas não tiveram contribuição significativa.

Na Figura 3 pode- se observar por meio da dispersão gráfica em três dimensões, que há concordância entre esse e os demais métodos de agrupamento, e que há divergência genética entre os genótipos estudados, demonstrando ampla separação novamente dos materiais melhorados em comparação com os acessos tradicionais e os acessos e genótipos melhorados com características de pool gênicos andino, no entanto com base apenas nessa análise de agrupamento temos pouca informação quanto às características de interesse dos genótipos analisados. Dessa forma a análise de variáveis canônicas é utilizada para complementar as demais metodologias de analise de agrupamento, fortalecendo os resultados e dando maior confiabilidade nos agrupamentos baseados nas distancias genéticas entre os genótipos estudados (Ferrão et al., 2011).

Por meio dessa metodologia observar-se que realmente há maior similaridade entre os genótipos melhorados do que entre os acessos tradicionais coletados, e há uma separação por grupos gênicos tendo em vista que os genótipos 3, 20 e 35 andinos estão mais distantes dos demais, observa-se também presença dos genótipos 57 e 58 que são genótipos melhorados agrupados ao genótipo 3, de acordo com Alzate-Marin et al. (2003) alguns genótipos, apesar de terem sementes grandes e pesadas, apresentam baixa porcentagem de genes andinos. Coelho et al. (2007) relata que genótipos de feijoeiro com peso de 100 sementes inferior a 25,00 g pertencem possivelmente ao centro Mesoamericano e aqueles com peso superior a 33,00 g ao Andino, podem se agrupar mesmo assim ao centro de origem mesoamericano pelo fato de terem baixa concentração de genes andinos. No presente trabalho temos que os genótipos 57 e 58 mesoamericanos, no entanto com características andinas sendo expressas, sugerindo grande influencia andina em seus progenitores.

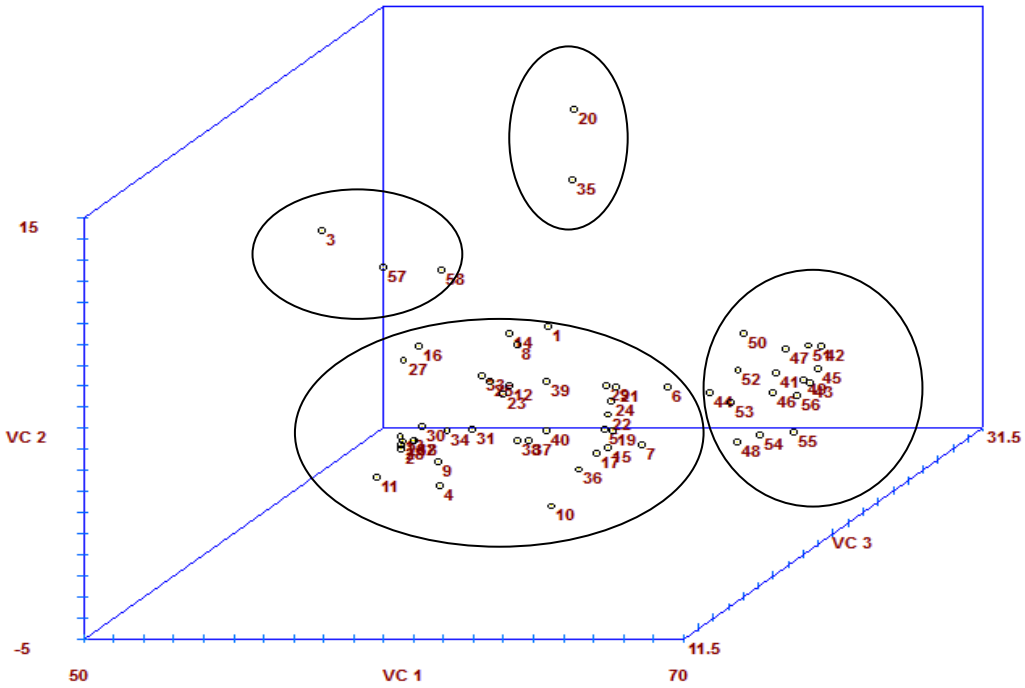

Figura 3. Representação da dispersão tri- dimensional baseado nos valores de variáveis canônicas dos 58 genótipos de feijão comum estudados, com seus respectivos grupos divergentes.

Da mesma forma Cabral et al. (2010) com objetivo de quantificar a divergência genética entre acessos de feijão comum usando a metodologia de WARD- MLM, obtém valores de 87, 86 % da variação total, nas duas primeiras variáveis canônicas, e utilizam a dispersão gráfica em um plano de duas dimensões para demonstrar o agrupamento dos 57 genótipos estudados.

4.3.4 Importância relativa dos caracteres

No Tabela 11, tem- se a contribuição relativa de cada característica para determinar a divergência genética entre os genótipos estudados, demonstrando que os as características de CICLO, P100 e FLORESC, foram as que mais contribuíram para a divergência constatada entre os genótipos (27,12, 24,94 e 23,37, respectivamente) com um total de 75,33%, características importantes e relacionadas quanto a precocidade e rendimento de grãos fortalecendo a

possibilidade de seleção quanto a essas características dentre os genótipos estudados.

De acordo com Cruz et al. (2012) a importância relativa dos caracteres na divergência genética tem por objetivo principal identificar os caracteres com menor importância para a divergência genética entre o genótipos. A característica que teve sugestão para descarte foi a de NMSP, que apresentou menor contribuição, demonstrando concordância entre os dados também da análise da variância, tendo em vista que seu coeficiente de determinação e índice de variação genético foram considerados inadequados o que não da confiabilidade em seleção baseada no fenótipo expressado.

Tabela 11. Contribuição relativa de 10 caracteres morfoagronômicos avaliadas para a divergência genética entre os 58 genótipos de feijão (Cáceres, 2013).

Caracteres Avaliados	S, j	Contribuição (%)
FLORESC	32938,91644	23,3734
ALTIN	4445,652185	3,1546
ALTPL	7847,56555	5,5686
CMLV	7695,403481	5,4607
NTVP	6738,785598	4,7818
NMSV	1166,429708	0,8277
NMSP	111,146803	0,0789
P100	35151,409147	24,9434
CICLO	38203,832223	27,1094
PROD	6625,362961	4,7014

[1/] FLORESC = número de dias para o florescimento; ALTIN = altura média de inserção da primeira vagem; ALTPL = altura média final de planta; CLMV = comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP = número total médio de vagens por planta; NMSV = número médio de sementes por vagem; NMSP = número médio de sementes por planta; P100 = peso médio de cem grãos; CICLO = ciclo; PROD = produtividade de grão.

Segundo Correa e Gonçalves, (2012) ao analisar a contribuição relativa das características empregando-se coeficientes de ponderação associados às variáveis canônicas, apresentaram boa concordância com a estimada pela estimativa $S_{.j'}$ de

Singh indicando o caráter de peso de cem sementes como sendo aquele que mais contribuiu para a dissimilaridade entre os genótipos, o que ratifica a sua importância num programa de melhoramento e corrobora com os resultados obtidos por outros pesquisadores já citados. O caráter NMVP, assim como na estimativa $S._{j'}$, foi o que menos contribuiu para a dissimilaridade entre os genótipos, seguido de PROD.

Observa-se na Figura 4 as características de maior contribuição que são concordantes com Cabral et al. (2011) que avaliou 57 acessos de feijão comum, sendo 31 genótipos tradicionais e 26 melhorados, onde a maior contribuição relativa para a divergência foi do peso de 100 sementes e CICLO; no estudo realizado por Correa e Gonçalves, (2012) com intuito de conhecer a dissimilaridade entre genitores (linhagens e cultivares), para obtenção de genótipos superiores, também encontraram o peso de 100 sementes como sendo a característica de maior importância para determinar a divergência genética (65, 86%).

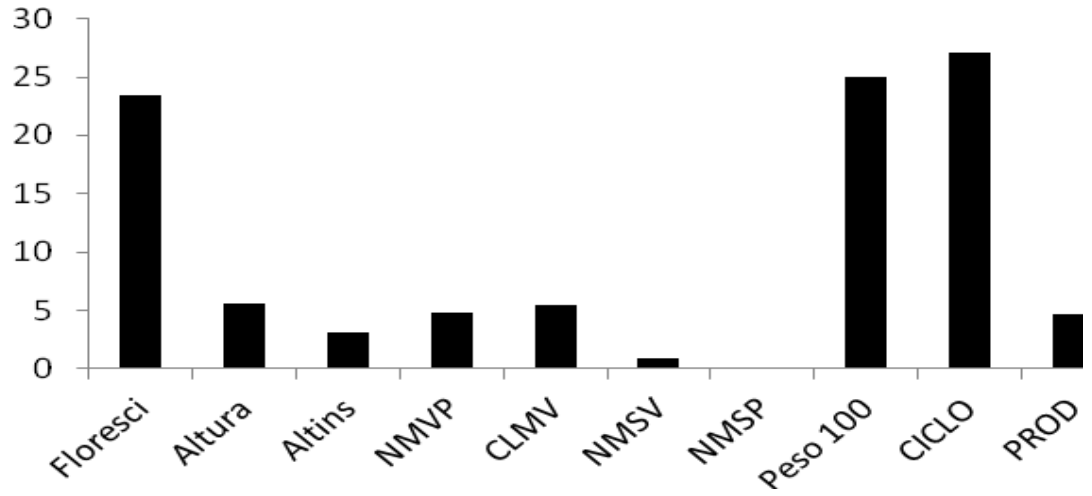

Figura 4. Visualização gráfica da contribuição relativa dos 10 caracteres morfoagronômicos avaliadas para a divergência genética entre os 58 genótipos de feijão (Cáceres, 2013).

Dessa forma constatamos que os dados referentes à contribuição relativa dos caracteres tanto com base nos coeficientes de ponderação associados às variáveis canônicas quanto à importância relativa dos caracteres são concordantes e

permitiram determinar as características CICLO, P100 e FLORESC, como sendo as de maior contribuição para a determinação da divergência, sugerindo que as demais características pudessem ser descartadas tendo em vista tal resultado. Todavia característica de maior importância no processo seletivo como os componentes de produção não devem ser descartadas pelo fato de tais características serem as de maior importância na produção, como PROD, NMVP, CLMV, NMVP, ALTINS e ALTURA não devem ser descartadas (Ferrão et al., 2002).

4.4 Índices de seleção para escolha de genitores

Para conseguir híbridos com potencial de gerar segregantes superiores aos pais, é necessário que se tenha genótipos divergentes e com características produtivas e especificas de morfologia e precocidade adequadas para a cultura explorada, no caso desses genótipos estudados, temos materiais melhorados com um conjunto de alelos favorecendo a características de rendimento muito interessante juntamente com acessos tradicionais que tem seus alelos todos voltados à adaptabilidade ao local, em função do longo período em que foram plantados pelos produtores que os cultivavam na região.

O uso de índices de seleção está baseado somente em genótipos tradicionais buscando selecionar genótipos que tragam consigo características produtivas superiores certamente, no entanto, a principal característica requerida desses acessos é a de adaptação ao local que ao cruzar com um genótipo melhorado, busca-se indivíduos segregantes superiores para selecionar, proporcionando materiais produtivos e adaptados à região.

No Tabela 12 há comparação entre as médias das características na população em geral e a média das características para a população selecionada juntamente com as herdabilidades e os ganhos de seleção para as determinadas características. Observam-se as médias da população original e dos selecionados, tomando como base a seleção de 25,00 % dos genótipos tradicionais. Para FLORESC temos um decréscimo de 1,84%, seguindo de altura de plantas com um porte mais elevado 1,72%; ALTINS temos um percentual elevando dentre os genótipos estudados e uma pequena redução poderia proporcionar um aumento no

número de vagens por planta então reduziu-se 3,87% mesmo assim continuando com média acima de 15 cm (18,62); 7,15% de aumento no NMVP; 4,25% para o CLMV; NMSV ficando quase nulo sem modificações com 0,72%; NMSP elevando-se em 5,39%; assim como P100 aumentando 6,20%; uma redução no CICLO de 2,52% e 10,2% de ganho em PROD.

Tabela 12 Valores de Média original(Xo) e dos selecionados (Xs), coeficiente de determinação genotípico ($\hat{\Phi}_g$) e ganho seleção (GS) com base no índice de seleção de Mulamba e Mock (1978) em 58 genótipos de Feijoeiro comum, Cáceres- MT,

Variável	X_o	X_s	$\hat{\Phi}_g$	GS	GS%
FLORESC	37,05	36,3	90,61	-0,69	-1,84
ALTURA	50,62	51,74	77,70	0,86	1,72
ALTINS	19,92	18,62	59,41	-0,77	-3,87
NMVP	18,01	20,05	63,26	1,28	7,15
CLMV	10,41	10,95	82,03	0,44	4,25
NMSV	5,45	5,52	57,99	0,04	0,72
NMSP	72,45	81,23	44,44	3,90	5,39
P100	22,87	24,43	90,07	1,40	6,12
CICLO	79,31	77,0	86,23	-1,99	-,2,52
PROD	2526,70	3005,16	55,96	267,76	10,6

[1/] FLORESC = número de dias para o florescimento; ALTIN = altura média de inserção da primeira vagem; ALTURA = altura média final de planta; CLMV = comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP = número total médio de vagens por planta; NMSV = número médio de sementes por vagem; NMSP = número médio de sementes por planta; P100 = peso médio de grãos; CICLO = ciclo; PROD = produtividade de grão.

Observa-se então que as médias das características FLORESC, CICLO E ALTINS obtiveram redução em seus valores quando comparamos a média original com a média dos selecionados. As características FLORESC e CICLO, têm ligação direta com precocidade e a nova população apresentando média inferior à

população original garante que conseguiremos redução no tempo para cultivo desses genótipos elevando a precocidade; já para ALTINS, característica extremamente importante tendo em vista colheita mecanizada e sanidade das vagens e grãos já se observa um valor elevado, optou-se então por uma redução visando aumento do NMVP sem causar perda uma vez que a característica ainda continua com medidas ideais para a colheita mecanizada. Com relação às demais características, obteveram-se ganhos positivos, com herdabilidades consideradas altas, e com ganhos produtivos confirmando o potencial destes genótipos para compor um dialelo e por meio de hibridações gerar segregantes capazes de conter genótipos com alelos favoráveis reunidos, que traduzirão potencial produtivo com precocidade.

No Tabela 13, tem-se os genótipos selecionados e suas medidas para as características estudadas, com base nos pesos atribuídos ao índice, uma vez que florescimento e produtividade foram o que receberam os maiores pesos em função de necessidade de genótipos precoces e produtivos, tendo em vista a aptidão produtiva do estado e região em que o programa de melhoramento atuará.

Considerando o feijão não sendo a cultura principal da propriedade é necessário ser precoce proporcionando seu plantio na entressafra garantindo melhor planejamento quanto a janela de plantio da cultura subsequente, e em se tratando do Feijão como cultura principal o maior potencial produtivo aliado a maior precocidade proporcionará talvez o plantio de 3 safras ao ano com a utilização de irrigação, proporcionando maiores ganhos ao produtor.

A seleção foi realizada com base na redução dos dias para o florescimento e aumento de rendimento, juntamente com pesos menores para as demais características em estudo, selecionando-se 10 genótipos tradicionais com potencial para participar de um esquema de cruzamento com os cultivares melhorados, com o intuito de aliar um grande numero de alelos favoráveis à produção com os de adaptação para gerarem genótipos potenciais e que venham proporcionar ganhos desejados para as características de importância da cultura do feijão.

Tabela 13 Classificação dos genótipos selecionados com base na soma de ranks de Mulamba e Mock e suas respectivas características quanto a rendimento e precocidade.

Genótipos	FLORESCI	ALTURA	ALTINS	NMVP	CLMV	NMSV	NMSP	P100	CICLO	PROD
36	38,67	46,9	17,03	17,43	11,27	6,53	86,33	25,39	79,33	3231,34
22	39,00	48,97	18,03	18,03	10,41	5,67	80,63	25,85	86,67	3178,76
32	35,67	49,67	18,07	19,63	10,00,	5,83	90,40	22,02	80,33	3112,54
15	33,33	54,6	21,37	19,60	10,81	4,77	73,20	24,77	73,00	3067,62
23	37,00	51,43	19,60	19,57	10,55	5,60	84,37	25,56	75,67	2978,99
1	36,33	56,83	16,53	20,23	11,74	5,7	77,80	25,91	78,00	2972,5
29	35,67	55,6	20,37	23,33	10,55	5,50	96,30	20,74	78,00	2897,84
7	36,67	50,53	18,07	20,77	11,83	5,27	68,53	24,05	73,00	2874,98
13	36,33	51,9	17,33	24,07	11,94	5,07	81,83	24,61	73,00	2874,49
25	34,33	50,97	19,83	17,90	10,41	5,33	72,97	25,41	73,00	2862,57

[1/] FLORESC = número de dias para o florescimento; ALTIN = altura média de inserção da primeira vagem; ALTURA = altura média final de planta; CLMV = comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP = número total médio de vagens por planta; NMSV = número médio de sementes por vagem; NMSP = número médio de sementes por planta; P100 = peso médio de cem grãos; CICLO = ciclo; PROD = produtividade de grão.

Os genótipos selecionados, por meio dos índices de seleção foram os 36, 22, 32, 15, 23, 1, 29, 7, 13, e 25. Desta forma com base nas analise de divergência tendo em vista o maior número de combinações dissimilares dos cultivares escolhidos para compor o dialelo foram 42 e 43 (Campos gerais e Uirapuru), um representante do grupo carioca e outro do grupo preto, que cruzados com os genótipos tradicionais tendem a gerar populações segregantes com possibilidade de produzir descendentes superiores, promovendo ganhos desejados ao melhoramento da cultura do feijão comum no estado.

De acordo com Jost (2012), a existência de varias metodologias quanto a índices de seleção, no entanto quando se trata do uso destes índices em populações de feijão poucos estudos são encontrados, o que dificulta a escolha o índice ideal. Todavia alguns trabalhos foram observando quando ao uso desse índice em populações de feijão.

Bem, (2012), com intuito de selecionar linhagens de feijão carioca para ensaios de valor de cultivo e uso, utiliza do índice de seleção de genótipo ideotípo conseguindo identificar de forma promissora as linhagens superiores resultados esses concordantes com os encontrados.

Utilizando também índices de seleção, Ribeiro et al (2013) com o objetivo de selecionar de forma combinada para produtividade de grãos, qualidade de cozimento e minerais em feijão comum, também obteve sucesso tendo em vista que obteve linhagens promissora indicada para a hibridação em programa de melhoramento visando biofortificação.

Utilizando o índice igual ao do presente trabalho, Santos e Araujo (2001), também conseguiram ganhos desejados como a redução nos dias para maturação e ganhos positivos na produtividade, confirmando que esse índice favoreceu os ganhos esperados para todas as características de interesse no estudo, similar aos resultados apresentados anteriormente.

E Bertini et al. (2010) avaliando divergência genética de genótipos de feijão caupi por meio de técnicas multivariadas com o intuito de selecionar genitores, usando os índices de seleção conseguiram identificar genótipos superiores e divergentes assegurando a escolha de parentais com maior potencial produtivo e que pudessem ser utilizados a formação de populações segregantes.

Freitas Junior et al (2009), obteve maiores ganhos preditos com o índice de Mulamba e Mock (1978) semelhantes com os encontrados no presente estudo uma vez que conseguiu-se ganhos tanto positivos quanto negativos para as características, um exemplo é o a característica florescimento que reduziu seu valor.

Assim a utilização do índice de Mulamba e Mock (1978), proporcionou a seleção de genótipos com características desejáveis, superiores aos demais acessos tradicionais estudados, garantindo a observação do melhor genótipo não só em função de uma característica isolada, mas com base no conjunto de características que auxiliam no rendimento produtivo, juntamente com características de precocidade e qualidade do produto final que é o grão, proporcionando confiabilidade no uso dessa metodologia quanto a cultura do Feijão de acordo com os dados analisados, uma vez que o uso da metodologia conseguiu alocar os melhores genótipo de diferentes grupos formados por meio da análise multivariada, confirmando que dentre esses genótipos selecionados existe variabilidade genética possível de ser explorada com o intuito de ganhos produtivos.

5. CONCLUSÃO

Com base no desempenho agronômico, no estudo de divergência genética e no uso do índice de seleção, consegue-se selecionar os genótipos 42 (Campos Gerais) e 43 (Uirapuru) juntamente com os acessos tradicionais, 36, 22,15, 29,32, 13, 23, 1, 25, e 7 para compor Programa de Melhoramento da UNEMAT

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A. F. B **Cultivo do Feijão da Primeira e Segunda Safra na Região Sul de Minas Gerais**: Importância Econômica 2008, Disponível em: <http://migre,me/7oqdR>, Acesso em: 25 abr, 2014.

ALVARES, R. C.; REIS. E, F, dos.; PINTO, J. F. N. Divergência genética entre genótipos de pimenta coletados no sudoeste goiano. **Ciência Agrotecnologica.** 36: 498-506, 2012.

ALZATE-MARIN, A. L.; COSTA, M. R.; SARTORATO, A.; DEL PELOSO, M. J.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Genetic Variability and Pedigree Analysis of Brazilian Common Bean Elite Genotypes. **Scientia Agricola**. 02: 283-290, 2003.

ANDRADE, F. M.; ROCHA, M. de M.; GOMES, L. R. F.; FREIRE FILHO, R. F.; RAMOS, S. R. R. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi avaliados para feijão fresco. **Revista Ciência Agronômica**. 41: 253-258, 2010.

ARANTES, E. M,; CREMON, C.; LUIZ, M. A. C. Alterações dos atributos químicos do solo cultivado no sistema orgânico com plantio direto sob diferentes coberturas vegetais. **Revista Agrarian**. 5: 47 - 54, 2012.

ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafós, 1996. 786p.

ARRIEL, E. F.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. S. Análise dialélica do número de dias para o florescimento do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 25: 759- 763, 1990.

BAKER, R.J. **Selection indices in plant breeding**. Florida: CRC Press, 1986. 218p.

BARBOSA, F. R. e GONZAGA, A. C. O. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro comum na região central brasileira: 2012- 2014** Documentos 272/ Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antonio de Goias: Embrapa Arroz e Feijão, 2012. 248p.

BARELLI, M. A. A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; NEVES, L. G.; SILVA, H. T. da. Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato Grosso do Sul State. **Semina**. 30: 2009.

BARILI, L, D.; VALE, N. M do.; MORAIS, P. P. P.; BALDISSERA, J. N. da C.; ALMEIDA, C. B. de.; ROCHA, F. da. VALENTINI, G.; BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Correlação fenotípica entre componentes do rendimento de grãos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L,). **Semina**. 42: 132 - 138, 2011.

BECERRA-VELÁSQUEZ, V. L. and Gepts, P. RFLP diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Genome**. 37: 256- 263, 1994.

BEEBE, S.; SKROCH, P.W.; TOHME, J.; PEDRAZA, F.; NIENHUIS, J. Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle American origin based on correspondence analysis of RAPD. **Crop Science**. 40:264–273. 2000.

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

BELLUCCI, E.; BITOCCHI, D. R.; RODRIGUES, M.; BIAGETTI, E.; GIARDINI, A.; ATTENE, G.; NANNI, L.; PAPA, R. Genomics of origin, domestication and evolution of *Phaseolus vulgaris*. In: Tuberosa, R.; Graner, A.; Frison, E. **Genomics of Plant Genetics Resources**. Springes, 2014, 710 p.

BEM, E. M. de A. **Seleçao de linhagens de feijão carioca para ensaios de valor de cultivo e uso.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2012, 57 p. (Dissertação- Mestrado em Fitotecnia).

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F. de.; ASSMANN, I. C.; CIGOLINI, J.; CRUZ, P. J.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; SILVA, J. A. G. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L,) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**. 8: 179 - 184, 2002.

BERALDO, A. L. B.; COLOMBO, C. A.; CHIORATO, A. F.; ITO, M. F.; CARBONELL, S. A. M. Aplicação de marcadores scars para a seleção de linhagens resistentes à antracnose em feijoeiro. **Bragantia**. 68: 3-61, 2009.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, I.; HARTWIG, E. A.; SILVA, J. A. G.; SHIMIDT, D. A. M. VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**. 12: 279 - 286, 2006.

BERTINI, C. H. C. de M.; ALMEIDA, W. de S.; SILVA, A. P. da M.; SILVA, J. W. e L.; TEOFILO, E. M. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum. Agronomy**. 32: 613-619, 2010.

BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; ANDRADE, L. R. B. de.; NODARI, R. O. Agronomic potential of genebank landrace elite accessions for common bean genetic breeding. **Scientia Agricola**. 71:120-125, 2014.

BITOCCHI, E.; BELLUCCI, E.; GIARDINI, A.; RUA, D.; RODRIGUES, M.;BIAGETTI, E.; SANTILOCCHI, R.; SPAGNOLETTI ZEULI, P.; GIOIA, T.; LOGOZZO, G.; NANNI, L.; PAPA, R. Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean in Mesoamerica and the Andes. **New Phytologisty**. 197: 300–313, 2013.

BITOCHI, E.; NANNI, L.; BELLUCCI, E.; ROSSI, M.; GIARDINI, A.; ZEULI, P. S. BLAIR, M. W.; SOLER, A.;. CORTE, A. J. Diversification and Population Structure in Common Beans (*Phaseolus vulgar*is L.). **Plos one**.7:1-12, 2012.

BONETT, L. P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SCHUELTER, A. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONELA, A.; LACANALLO, G. F. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coleta dos no estado do Paraná, Brasil. **Semina**. 27: 547-560, 2006.

BORÉM, A. e CARNEIRO, J.E.S. A Cultura. In: Vieira, C.; Paula Júnior, T.J.; Borém, A. **Feijão**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. p.13-18.

BOREM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas.** Viçosa: UFV, 2013. 175p.

BORGES, M. H. C. **Avaliação agronômica, estabilidade e adaptabilidade de genótipos de feijoeiro comum.Uberlandia**: UFU 2007 (Dissertação de mestrado).

BROUGHTON, W. J; HERNANDEZ, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S.; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Beans (Phaseolus vulgaris L, spp,) - model food legumes. **Plant Soil**. 252: 55–128, 2003.

BURATTO, J. S.; MODA- CIRINO, V.; FONSECA JUNIOR, N. da S.; PRETE, C. E. C.; FARIA, R. de T. Adaptabilidade e estabilidade produtiva em genótipos precoces de feijão no estado do Paraná. **Semina**. 28: 373-380, 2007.

BURLE, M. L.; FONSECA, J. R.; KAMI, J. A.; GEPTS, P. Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (Phaseolus vulgaris L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. **Theoretical and Applied Genetics**. 121:801–813, 2010.

BUTTOW, M. V.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.;HEIDEN, G.; CARVALHO, F. I. de F. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. **Ciência Rural**. 40: 2010.

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

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P. dos; SOUZA, J. R. de; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**. 38: 2138-2145, 2008.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; PAIXÃO, S. L.; COSTA, J. G. D.; PEREIRA, R. G.; MADALENA, J. A. Desempenho agronômico, dissimilaridade genética e seleção de genitores de batata doce para hibridização. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. 5: 485-49, 2010.

CEOLIN, A. C. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, C.; FILHO, P. S. V.; KVITSCHAL, M. V.; GONELA, A.; SCAPIM, C. A. Genetic divergence of the common beans (Phaseolus vulgaris L,) group Carioca using morphoagronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**. 144: 1-9, 2007.

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

CONAB, **Companhia Nacional de Abastecimento**, Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2013/2014 – Décimo primeiro levantamento agosto de 2014. Disponível em: < http://www,conab,gov,br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_08_07_08_59_54_boletim_

graos_agosto_2014,pdf06_09_09_27_boletim_graos_-_junho_2013,pdf> Acesso em: 12, agosto, 2014.

CONAB, **Companhia Nacional de Abastecimento**, Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2012/2013 – Décimo segundo levantamento setembro 2013. Disponível em: <http://www,conab,gov,br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_06_06_09_09_27_boletim_graos_-_junho_2013,pdf> Acesso em: 20, agosto, 2013.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**. 59: 206-212, 2012.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C.; DESTRO, D.; SOUZA, L. C. F.; SOBRINHO, T. A. Estimates of genetic parameters in common bean genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechonology**. 3: 223 – 230, 2003.

COSTA, J. G. da C. e RAVA, C. A. Linhagens de feijoeiro comum com fenótipos agronômicos favoráveis e resistência ao crestamento bacteriano comum e antracnose. **Ciência agrotecnologia**. 27:1176-1182, 2003.

COSTA, M. B. N.; PEREIRA, W. E.; BRUNO, R. L. A.; FREIRE, E. C.; NÓBREGA, M. B. M.; MILANI, M. Genetic divergence on castor bean accesses and cultivars through multivariate analysis. **Brazilian Agricultural Research**. 41: 1617-1622, 2006.

CRUZ, C. D. **Programa Genes – Versão Windows.** Viçosa: UFV, 2010. 648 p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulações,** Viçosa: UFV, 2006. 175 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, 2006, v. 2. 585 p.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**, Visconde do Rio Branco: Suprema, v1, 2011. 620p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelo biométrico aplicado ao melhoramento genético.** 4 ed, Viçosa: UFV, 2012. V,1. 514 p.

CRUZ, C.D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Piracicaba: ESALQ, 1990. 188p. Tese de Doutorado.

DEBOUCK, D. K.; TORO, O.; PAREDES,O. M.; JOHNSON, W. C.; GEPTS, P. Genetic diversity and ecological distribution ofphaseolus vulgaris (fabaceae) in north western south America. **Economic Botany**. 47: 408-423. 1993.

DELGADO-SALINAS, A.; BIBLER, R.; LAVIN, M. Phylogeny of the Genus Phaseolus (Leguminosae): A Recent Diversification in an Ancient Landscape. **Systematic Botany**. 31: 779-791, 2006.

DESIDERIO, F.; BITOCCHI. E.; BELLUCCI, E.; RAU, D.; RODRIGUEZ, M.; ATTENE, G.; PAPA, R.; NANNI, L. Chloroplast microsatellite diversity in *Phaseolus vulgaris.* **Frontiers in Plant Science**. 3:1- 15, 2013.

DIDONET, A. D. Ecofisiologia e rendimento potencial do feijoeiro, In: DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C. **Potencial de rendimento da cultura do feijoeiro.** 1 ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 9-37.

FAGERIA, N. K.; BALIGAR, V. C.; CLARK, R. B. **Physiology of crop production**. New York: Food Products Press, 2006. 345 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, UFV, 1987. 279 p.

FAO, **Faostat database gateway,** Food and Agricultural commodities production, **Base 2014.** Disponível em**:** <http://faostat,fao,org/site/339/default,aspx> Acesso em: 28, agosto, 2014.

FARINELLI, R. e LEMOS, L. B. Características agronômicas de genótipos de feijoeiro cultivados nas épocas da seca e das águas. **Bragantia**. 69: 361-366, 2010.

FERRÃO, L. F. V.; CECON, P. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F. e F.; PUAIATTI, M. Divergência genética entre genótipos de pimenta com base em caracteres morfo-agrônomicos. **Horticultura brasileira**. 29: 2011.

FERRÃO, M. A. G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. Divergência genética em feijoeiros em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 37: 1089 - 1098, 2002.

FERREIRA JUNIOR, J. A. **Diversidade genética com base em dados fenotípicos avaliada em diferentes populações e linhagens avançadas de soja**. Jaboticabal: UNESP, 2013. 68p. (Dissertação – Mestrado em Agronomia).

FREITAS JUNIOR, S. de P. AMARAL, A. do T.; RANGEL, R. M.; PIO VIANA, A. Predição de ganhos genéticos na população de milho pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. **Semina**. 30: 803-814, 2009.

FREITAS, F.de O. Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**. 41:,1199-1203, 2006.

FREYRE, R.; RÍOS, R.; GUZMÁN, L.; DEBOUK, D. G.; GEPTS, P. Ecogeographic distribution of Phaseolus spp, (Fabaceae) in Bolivia. **Economic Botany**. 50:,195–215, 1996.

FREYTAG, G. F.; DEBOUCK, D. G. **Taxonomy, distribution and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae- Papilionoideae) in North America, Mexico and Central America.** Fort Worth: BRIT, 2002. 300p.

FROTA JÚNIOR, J. I.; LIMA, E. N.; ARAÚJO, M. E. B. de; LIMA, I. B. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS DE CAJUEIRO ANÃO PRECOCE UTILIZANDO MARCADORES ISSR. **Enciclopédia biosfera**. 10:1345, 2014.

GEPTS, P.; BLISS, F. A. F1 hybrid weakness in the common bean: differential geographic origin suggests two gene pools in cultivated bean germplasm. **The Journal of Heredity**. 76:,447–450, 1985.

GEPTS, P.; BLISS, F. A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (Phaseolus vulgaris L,) from Colombia. **Economic Botany**. 40:469-478, 1986.

GEPTS, P.; OSBORN, T. C.; RASHKA, K.; BLISS, F. A. Phaseolin–protein variability in wild forms and landraces of the common bean (Phaseolus vulgaris): evidence for multiple centers of domestication. **Economic Botany**. 40:,451–468, 1986.

GLÉMIN, S.; BATAILLON, T. A comparative view of the evolution of grasses under domestication. **New Phytologist**. 183:273–290, 2009.

GONÇALVES, D. de L.; AMBROZIO, V. C.; BARELLI, M. A. A.; NEVES, L. G.; SOBRINHO, S. P.; LUZ, P, da B.; SILVA, C. da R. Divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros através de características da semente. **Bioscience Journal**. 30, 1671- 1681, 2014.

Graham, P. H.; e Ranalli, P. Common bean (Phaseolus vulgaris L,). **Field Crops Research**. 53: 131-146,1997.

JOST, E. **Seleção de famílias de feijão baseada em caracteres agronômicos e da qualidade nutricional**. Santa Maria: Universidade Federal de Santa Maria, 2011, 64 p.(Tese- Doutorado em Produção Vegetal).

KAMI, J.; BECERRA–VELÁSQUEZ, V.; DEBOUCK, D. G.; GEPTS, P. Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in Phaseolus vulgaris. **Acedemyof Sciense**. 92:1101–1104, 1995.

Kappes, C.; WRUCK, F. J.; CARVALHO, M. A. C.; YAMASHITA, O. M. Feijão comum: características morfo- agronômicas de cultivares. In: Congresso Nacional da Pesquisa de Feijão, 9.,Campinas. **Anais...** Campinas: IAC, 2008. p. 506- 509.

KOENIG, R. and GEPTS, P. Allozyme diversity in wild Phaseolus vulgaris: further evidence for two major centers of genetic diversity. **Theoretical and Applied. Genetics**. 78:809-817, 1989.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A.; NETO, V. B. N.; LEAL, N. R. Genetic divergence in snap bean based on agronomic traits and resistance to bacterial wilt. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 9: 246-252, 2009.

KWAK, M.; GEPTS, P. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of commonbean (Phaseolus vulgaris L,, Fabaceae). **Theoretical Applied Genetics**. 118:979–992, 2009.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SANTOS, V. S.; SILVA, S. O. PEIXOTO, C. P. Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. **Bragantia**. 69: 525-534, 2010.

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

MACHADO, C. de F.; NUNES, G. H. de S.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. dos. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**. 32: 251 - 258, 2002.

MARINHO, C. D. **Análises de estabilidade fenitípica e uso de índices para seleção e linhagens de feijão de vagem.** Campos dos Goytacazes, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darci Ribeiro- UENF. 135p. 2012. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas).

MENDES, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**. 44:1312-1318, 2009.

MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D.; COSTA, C.P. da. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (Capsicum annuum L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genetica**. 11:929-937, 1988.

MULAMBA, N.N.; Mock, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (Zea may L,) population by breeding for plant traits, Egypitian Journal of Genetics and Cytology. **Alexandria**. 7: 40-51, 1978.

NANNI, L.; BITOCCHI, E.; ROSSI, M.; RAU, D.; ATTENE, G.; GEPTS, P. PAPA, R. Nucleotide diversity of a genomic sequence similar to SHATTERPROOF (PvSHP1) in domesticated and wild common bean (Phaseolus vulgaris L,). **Theoretical Applied Genetic**s. 123:1341–1357, 2011.

NASSAR, R. M. A.; BOGHDADY, M. S.; AHMED, Y. M. Botanical Studies On *Phaseolus Vulgaris* L, II-Anatomy Of Vegetative And Reproductive Organs. **Journal of American Science**. 12: 2010.

NEVES, S. M. A. das; NUNES, M. C. M.; NEVES, R. J. Caracterização das condições climáticas de Cáceres/MT-Brasil, no período de 1971 a 2009: subsídio às atividades agropecuárias e turísticas municipais. **Boletim Goiano de geografia**. 31: 55 - 68, 2011.

NICK, C.; CARVALHO, S. P. de; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N.; MARIM, B. G.; ASSIS, L. H. B. de. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE SUBAMOSTRAS DE MANDIOCA. **Bragantia**. 69: 289-298, 2010.

OLIVEIRA, G. V.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. de E. S.; CRUZ, C. D. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. **Pesquisa agropecuaria brasileira**. 41: 257-265, 2006.

OLIVEIRA, R. L de.; MUNIZ, J. A.; ANDRADE, M. J. de B.; REIS, R. L dos. Precisão experimental em ensaios com a cultura do feijão. **Ciência agrotecnologia**. 33: 113-119, 2009.

OLIVEIRA, T. de C.; SILVA, J.; SOUSA, S. de A.; CAMPESTRINI, R.; FIDELIS, R. R. Potencial produtivo de genótipos de feijão comum em função do estresse de fósforo no Estado do Tocantins. **Journal of Biotechnology.and Biodiversity**. 3: 24-30, 2012.

OLIVEIRA, V. R.; SCAPIM, C. A.; CASALI, V. W. D. Diversidade genética e eficiência da predição do comportamento de híbridos de pimentão (de híbridos de pimentão (Capsicum annuum L.). **Acta Scientiarum**. 20: 263-267, 1998.

PAPA, R.; GEPTS, P. Asymmetry of gene flowand differential geographical structure of molecular diversity in wild and domesticated common bean (Phaseolus vulgaris L,) from Mesoamerica. **Theoretical Applied Genetic**s. 106: 239–250, 2003.

PELUZIO, J. M.; VAZ DE MELO, A.; AFFERRI, F. S.; SILVA, R. R.; BARROS, H, B.; NASCIMENTO, I. R.; FIDELIS, R.R. Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Pesquisa Aplicada e Agrotecnologia**. 2: 2009.

PEREIRA, J. J.; CRUZ, C. D. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo de diversidade genética de cultivares de arroz. **Revista Ceres**. 50:41-60, 2003.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**.1: 215-274, 1969.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Desempenho de progênies precoces de feijoeiro (Phaseolus vulgaris L,) em diferentes locais e épocas de plantio. **Revista Ceres**. 40: 272-280, 1993.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RAMOS JUNIOR, E. U.; LEMOS, L. B.; SILVA, T. R. da B. Componentes da produção, produtividade de grãos e Características tecnológicas de cultivares de feijão. **Bragantia**. 64: 75-82, 2005.

RESENDE, M. D. de V. e DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuaria Tropical**. 37: 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. São Paulo: USP, 2002, v, 1. 975 p.

RIBEIRO, E. H.; PEREIRA, M. G.; COELHO, de K. S.; FREITAS JUNIOR, de S. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (Phaseolus vulgaris L.). **Revista Ceres**. 56: 580-590, 2009.

RIBEIRO, N. D.; HOFFMANN JUNIOR, L.; POSSEBON, S. B.Variabilidade genética para ciclo em feijão dos grupos preto e carioca. **Revista Brasileira Agrociência**. 10: 19-29, 2004.

RIBEIRO, N. D.; MAMBRIN, R. B.; STORCK, L.; PRIGOL, M.; WAYNE, C. Combined selection for grain yield, cooking quality and minerals in the common bean. **Revista Ciência Agronomica**. 44: 869-877, 2013.

RIBEIRO, N. D.; STORCK, L. Genitores potenciais para hibridações identificados por divergência genética em feijão carioca. **Ciência Rural**. 33:413-421, 2003.

RODRIGUES, F.; PINHO, R. G. V.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; PINHO, E. V. R. V. Indice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho verde. **Ciência Agrotecologica**. 35: 278-286, 2011.

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**. 37: 1275 - 1284, 2002.

ROSSI, M. BITOCCHI, E.; BELLUCCI, E.; NANNI, L.; RAU, D.; ATTENE, G.; PAPA, R. Linkage disequilibrium and population structure in wild and domesticated populations of *Phaseolus vulgaris* L. **Evolutionary Applications**. 2: 504–522, 2009.

SALGADO, F. H. M.; FIDELIS, R. R.; CARVALHO, G. de L.; SANTOS, R. dos S.; CANCEILLIER, E. L.; SILVA, G. F. Comportamento de genótipos de feijão, no período da entressafra, no sul do estado de Tocantins. **Bioscience Journal**. 27: 52-58, 2011.

SANTOS, C. A. F.; ARAUJO, F. P de. Aplicação de índices para seleção de caracteres agronômicos de feijão-De corda. **Ciencia Agronomica**. 32:78-84, 2001.

SANTOS, J.B.; VENCOVSKY, R. Controle genético do início do florescimento em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 20: 841-845, 1985.

SANTOS, J. B. dos; GALVILANES, M. L. Botânica. In: VIEIRA, C.; PAULA, T. J. de; BORÉM, A. **Feijão**. Viçosa: UFV, 2006. p. 41-65.

SANTOS, V. S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseada em índices**. Piracicaba: Universidade de São Paulo, 2005.104p Tese de Doutorado.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**. 30: 507-512, 1974.

SHIMADA, M. M. E.; Arf, O. e Sá, M. Componentes do rendimento e desenvolvimento do feijoeiro comum de porte ereto sob diferentes densidades populacionais. **Bragantia**. 59 (2): 181-187, 2000.

SILVA, A. C. de L.; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; DÍAZ, J. L. C.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; PEREIRA, H. S.; WENDLAND, A. Estimativa de parâmetros genéticos em populações de seleção recorrente para produtividade de grãos em feijoeiro comum. **Documentos**, IAC, 85, 2008.

SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A de. F. B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro 'Carioca. **Pesquisa agropecuaria. Brasileira**. 42:1437-1442, 2007.

SILVA, G. O. da.;, et al, Importância de caracteres na dissimilaridade de progênies de batata em gerações iniciais de seleção. **Bragantia**. 67:141-144, 2008.

SIMONE, M. de; FAILDE, V.; GARCIA, S.; PANADERO, P.C. **Adaptación de variedades y líneas de judías secas (Phaseolus vulgaris L.) a la recolección mecanica directa**. Salta : INTA, 1992. 5p.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**. 41: 237 - 245, 1981.

SINGH, S. P. Broadening the genetic base of common bean cultivars. **Crop science**. 41:, 1659–1675, 2001.

SINGH, S. P.; NODARI, R.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common bean. I. Allozymes. **Crop Science**. 31:19–23, 1991.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**. 7: 240-250, 1936.

SOLZA, F. de F.; SOLZA, M. de G.; FARIA, L. de C.; DEL PELOSO, M. J. **Adaptabilidade e Estabilidade de Genótipos de Feijão Comum, Avaliados em Rondônia no Biênio 2001-2002**. 16 p. – (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa CPAF-Rondônia, ISSN 1677-8618 ; 7).

SOLZA, L. C. de D.; SÁ, M. de E.; SILVA, M. da P.; ABRANTES, F. L.; SIMIDU, H. M.; ARRUDA, N.; VALERIO FILHO, W. V. Efeito da adubação verde e época de semeadura de Cultivares de feijão, sob sistema plantio direto, em região de cerrado. **Bioscience Journal**. 28: 699-708, 2012.

SOUZA, F. F.; QUIÓZ, M. A.; DIAS, R. C. S. Divergência genética entre linhagens de melancia. **Horticultura Brasileira**. 23:179-183, 2005.

TEIXEIRA, A. B.; AMARAL JUNIOR, A. do T.; RODRIGUES, R.; PEREIRA, T. N. S.; SMITH, R. E. B. Genetic divergence in snap-bean (Phaseolus vulgaris L.) evaluated by different methodologies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 4: 57-62, 2004.

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

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

VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; SANTOS, J. F.; CÂMARA, T. M. M. Eficiência da seleção de progênies S1 e S2 de milho pipoca, visando a produção de linhagens. **Bragantia**. 62: 9- 17, 2003.

VIVAS, M.; SILVEIRA, F. da.; VIVAS, J. M. S.; PEREIRA, M. G. Patometria, parâmetros genéticos e reação de progênies de mamoeiro à pinta-preta. **Bragantia**. 71: 2012.

ZIMMERMANN, M. J. de O.; TEIXEIRA, M. G. Origem e evolução. In: Araujo, R. S.; Rava, C. A.; Stone, L. F.; Zimmermann, M. J. de O. (Coord.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato, 1996. p. 57-70.