Revista Agrarian
ISSN: 1984-2538

Escolha de genitores de feijão-comum baseado na divergência genética

Parents choice of common bean based in genetic divergence

Adriano dos Santos[1]; Douglas Candido Braga[2]; Agenor Martinho Correa[2]; Carlos Lásaro Pereira de Melo[3]; Jeferson Antônio dos Santos Silva[2]; Allan Robson de Souza Lima[2]; Erina Vitório Rodrigues[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Avenida Alberto Lamego, n. 2.000, Parque Califórnia, 28.013-602, Campos dos Goytacazes, RJ. E-mail: adriano.agro84@yahoo.com.br
[2]Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS), Unidade Universitária de Aquidauana, Aquidauana, MS.
[3]Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO), Dourados, MS.

Recebido em: 20/03/2014 Aceito em: 16/02/2015

Resumo. Objetivou-se estimar parâmetros da variabilidade genética e as correlações genéticas entre os caracteres agronômicos e seus efeitos diretos e indiretos, sobre a produtividade de grãos e caracterizar a divergência genética em genótipos de feijão-comum por meio de técnicas de análises multivariadas, baseadas em caracteres morfoagronômicos promissores para compor programas de melhoramento. Foram avaliados 28 genótipos de feijão-comum em delineamento experimental de blocos casualizados, com três repetições. Os caracteres avaliados foram: dias para o florescimento, dias para maturação, número de nó por haste, altura de inserção da primeira vagem, número de vagem por planta, número de grãos por vagem, massa de cem grãos e produtividade de grãos. Observou-se variabilidade genética entre os genótipos avaliados. Em geral, as correlações genotípicas foram superiores às ambientais e fenotípicas, demonstrando uma maior contribuição dos fatores genéticos na expressão desses caracteres, em relação aos ambientais. A situação mais favorável ao melhoramento para produtividade de grãos via indireta foi observada com a variável MCG que apresentou valores relativamente altos e positivos, tanto na correlação como no efeito direto. Os genótipos foram agrupados pelo método de otimização de Tocher, observou-se formação de sete grupos. A população tem potencial para o melhoramento genético pela hibridação entre genitores contrastantes capazes de gerar populações de base genética ampla. As técnicas de análise multivariada foram eficientes em agrupar os genótipos de acordo com o seu pool gênico.

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

Abstract. This study aimed to estimate parameters of genetic variability and genetic correlations among agronomic traits and their direct and indirect effects on grain yield and characterize the genetic diversity in common bean genotypes by techniques of multivariate analysis, based in morphological characters to compose promising breeding programs. We evaluated 28 common bean genotypes in a randomized block design with three replications. The characters evaluated were: FL, MAT, NNH, ALV, NVP, NGV, MCG and PROD. There was genetic variability among genotypes. In general, genetic correlations were higher than phenotypic and environmental, demonstrating a greater contribution of genetic factors on the expression of these traits in relation to environmental. The most favorable situation to improve for indirect pathway grain yield was observed with the MCG variable that showed relatively high and positive values, both in correlation as the direct effect. The genotypes were clustered by Tocher optimization method, we observed formation of seven groups. The population has the potential for genetic improvement by hybridization between contrasting parents able of generating broad base populations. The multivariate analysis techniques were efficient to group genotypes according to their gene pool.

Keywords: Multivariate analysis, correlations, *Phaseolus vulgaris*, genetic variability.

Introdução

O Feijão comum representa grande importância socioeconômica e nutricional,

constituindo-se na principal fonte de proteína de populações de baixa renda. Em programa de melhoramento, envolvendo hibridações, a seleção de genitores constitui uma das etapas mais importantes e deve ser realizada de forma criteriosa a fim de obter progênies com alto potencial genético. Assim sendo, o estudo de divergência genética entre os genitores é essencial para expressar o máximo de efeito heterótico e maior probabilidade na identificação de genótipos superiores nas gerações segregantes.

A possibilidade de se obter estimativas de parâmetros genéticos que contribuam para o estudo do controle genético de um dado caráter ou auxiliem de forma direta na seleção, é sem dúvida alguma, uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas. Diversos parâmetros mensuráveis da variabilidade genética são usualmente estimados, para uma dada população, nos trabalhos de melhoramento, tais como: variância fenotípica, genotípica e de ambiente, coeficiente de determinação genotípica, coeficiente de variação genética e quociente *b.*

Os estudos de correlações têm grande importância em programas de melhoramento, principalmente quando a seleção de um caráter desejável apresenta dificuldades por possuir baixa herdabilidade e/ou apresenta problemas de mensuração ou identificação (Cruz et al., 2006). Todavia, o simples conhecimento da direção e da magnitude das correlações não é suficiente para esclarecer as relações entre as variáveis de importância para o melhorista de plantas, podendo resultar em equívocos na estratégia de seleção.

Com o intuito de entender melhor as causas envolvidas nas associações entre caracteres, Wright (1921) propôs um método denominado de análise de trilha "*path analysis"*, que consiste no desdobramento das correlações em efeitos diretos e indiretos de vários caracteres sobre uma variável básica cujas estimativas são obtidas pela equação de regressão múltipla em que as variáveis são previamente padronizadas (Cruz et al., 2006).

A divergência genética é um dos mais importantes parâmetros avaliados por melhoristas de plantas na fase inicial de um programa de melhoramento genético. Em programas que envolvem hibridações, esses estudos fornecem informações para identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitam maior efeito heterótico na progênie (Samal & Jagadev, 1996; Pandey & Dobhal, 1997; Carvalho et al., 2003).

Como o melhoramento do feijão-comum baseia-se, principalmente, na hibridação de cultivares e linhagens, geralmente com cruzamentos convergentes, gerando populações segregantes passíveis de selecionar linhagens genética e agronomicamente superiores, torna-se importante o conhecimento da dissimilaridade entre os genitores (Correa & Gonçalves, 2012).

Ademais, estudos de diversidade genética têm sido de grande importância em programas de melhoramento por fornecerem informações sobre caracteres de identificação de genitores que possibilitem a obtenção de híbridos com maior efeito heterótico que proporcionem maior segregação em recombinações, aumentando a probabilidade do aparecimento de genótipos superiores nas progênies (Silva et al., 2008).

Uma das formas de se estimar a divergência genética é por meio de técnicas de análise multivariada, ou de associações entre elas. Essas alternativas têm como finalidade básica a redução do número de variáveis e, consequentemente, a simplificação na obtenção das distâncias genéticas. Sua eficiência depende da quantidade de variação que essas novas variáveis explicam, em relação às variações existentes nos caracteres originais, prestando-se ainda para identificar grupos de indivíduos similares, após a estimação de uma matriz de dissimilaridade, de tal forma que exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos estabelecidos (Correa & Gonçalves, 2012).

A utilização de técnicas multivariadas é uma opção viável para a escolha de genitores para a formação de populações segregantes uma vez que permite múltiplas combinações de informações dentro da unidade experimental (Moreira et al., 1994). Vários métodos multivariados podem ser usados na predição da diversidade genética sendo os mais empregados: análise por componentes principais, análise por variáveis canônicas e os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende de uma medida de dissimilaridade previamente estimada.

Deste modo este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros da variabilidade genética e as correlações genéticas entre os caracteres agronômicos, por meio da análise de trilha, e caracterizar a divergência genética em 28 genótipos de feijão-comum, por meio de técnicas de análises multivariadas, baseada em caracteres morfoagronômicos promissores para compor programas de melhoramento.

Revista Agrarian
ISSN: 1984-2538

Material e Métodos

O trabalho foi desenvolvido no Município de Aquidauana, MS, situado a 20º20′00″ latitude Sul e 55º48′00″ longitude Oeste, com altitude de 174 m. O clima da região, segundo a classificação de Köppen, é Tropical Quente - Úmido (Aw) com precipitações pluviométricas anuais entre 1200 e 1300 mm e temperatura média anual de 26ºC.

O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com 28 tratamentos e 3 repetições. A unidade experimental constituiu-se de quatro fileiras de plantas com 4 m de comprimento cada, espaçadas a 0,50 m entre si; considerou-se como área útil as duas fileiras centrais. Os genótipos avaliados encontram-se discriminados na Tabela 1. A semeadura foi realizada no dia 16/04/2010, manualmente, empregando-se a densidade de 16 sementes por metro e, tanto na implantação como na condução da cultura, seguiram-se as recomendações de Vieira et al. (2006).

Tabela 1. Relação dos genótipos de feijão-comum utilizados no experimento.

Ordem/Genótipos		Grupo comercial	Pool gênico	Procedência
1	BRS Pitanga	Cores	Mesoamericano	Embrapa
2	BRS Radiante	Cores	Andino	Embrapa
3	Jalo Precoce	Cores	Andino	Embrapa
4	BRS Requinte	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
5	BRS Pontal	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
6	BRSMG Majestoso	Carioca	Mesoamericano	Embrapa/Epamig/UFV/UFLA
7	BRS 9435 Cometa	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
8	BRS Estilo	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
9	VC3	Carioca	Mesoamericano	UFV
10	VC6	Carioca	Mesoamericano	UFV
11	BRS Campeiro	Preto	Mesoamericano	Embrapa
12	BRS 7762 Supremo	Preto	Mesoamericano	Embrapa
13	BRS Esplendor	Preto	Mesoamericano	Embrapa
14	BRS Valente	Preto	Mesoamericano	Embrapa
15	Pérola	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
16	CNFC 10429	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
17	CNFC 10408	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
18	CNFC 10467	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
19	CNFC 10470	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
20	CNFC 10762	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
21	CNFC 10763	Carioca	Mesoamericano	Embrapa
22	CNFP 10104	Preto	Mesoamericano	Embrapa
23	CNFP 10793	Preto	Mesoamericano	Embrapa
24	CNFP 10794	Preto	Mesoamericano	Embrapa
25	BJ-4	Cores	Andino	Embrapa/Epamig/UFV/UFLA
26	CNFRJ 10556	Cores	Andino	Embrapa/Epamig/UFV/UFLA
27	VR3	Cores	Mesoamericano	UFV
28	Iapar 81	Carioca	Mesoamericano	IAPAR

A colheita das parcelas foi realizada manualmente, sendo que, na área útil de cada parcela, as plantas foram avaliadas quanto aos seguintes caracteres: florescimento (FL) – período em dias entre 50% das plântulas emergidas (estádio V1) e 50% das plantas com pelo menos uma flor aberta (estádio R6); maturação (MAT) - período em dias entre 50% das plântulas emergidas e 50% das plantas com pelo menos uma vagem com coloração modificada (estádio R9); número de nós na haste

Revista Agrarian
ISSN: 1984-2538

(NNH) – número de nós na haste principal, contados a partir do nó cotiledonar; altura de inserção da primeira vagem (ALV) – medida com auxílio de uma régua graduada em milímetros do solo ao ápice da primeira vagem; número de vagens por planta (NVP) - considerou-se a média de cinco plantas tomadas aleatoriamente na parcela; número de grãos por vagem (NGV) - considerou-se a média de cinco vagens por planta em cinco plantas tomadas aleatoriamente na parcela; massa de cem grãos (MCG) - obtida em grama, na pós-colheita e produtividade de grãos (PROD) - expressa em kg ha-1, obtida considerando-se a área útil colhida e ajustando-se os dados para 13% de umidade.

Os dados obtidos, para cada caráter, foram submetidos a análise de variância. Estimou-se as correlações genotípicas (rG), fenotípicas (rF) e ambientais (rE), entre os caracteres, e aplicou-se o teste de significância de Student (P<0,05). Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES (Cruz, 2013).

Com a matriz das correlações genotípicas foi realizado um diagnóstico de multicolinearidade de acordo com o critério número de condições (NC), segundo Montgomery e Peck (1981). Posteriormente foi realizada a análise de trilha. Para esta última análise, foi utilizada a variável produtividade de grãos como variável principal e as demais como variáveis explicativas, sendo considerado como variáveis primárias: número de grãos por vagem, número de vagem por planta e massa de cem grãos, as variáveis secundárias foram: dias para o florescimento, dias para a maturação, número de nós na haste principal.

Na avaliação da divergência genética realizou-se a análise de variância multivariada pela qual foram obtidos os arquivos de média e a matriz de variância e covariância residuais, destinadas a auxiliarem na interpretação e avaliação da variabilidade genética global entre os genótipos.

No agrupamento de genótipos foram aplicados o método aglomerativo de Tocher, citado por Rao (1952) e o método hierárquico da distância média (UPMGA), que utiliza a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para a formação de cada grupo, empregando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D2) como medida de dissimilaridade (Cruz et al., 2006). Utilizou-se, também, o critério de Sing (1981) para quantificar a contribuição relativa das características para a divergência genética.

Resultados e Discussão

A análise da variância demonstrou a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados, já que o efeito dos genótipos foi altamente significativo para todos os caracteres avaliados (P<0,05) exceto para altura de inserção da primeira vagem que não apresentou significância (Tabelas 2 e 3). A quantificação da variabilidade genética de uma população é muito importante e um fator determinante para qualquer programa de melhoramento, pois revela a estrutura genética das populações (Ceolin et al., 2007).

Altos valores de coeficientes de determinação genotípica (acima de 75%) indicam que o caráter em estudo sofreu pouca influência do ambiente, e que a população é promissora para a seleção do caráter, permitindo ganhos genéticos por meio da seleção visual. O maior coeficiente de determinação genotípica foi observado para o caráter massa de cem grãos (MCG) (93,41%), seguido pelos caracteres número de nó por haste (NNH), florescimento (FL) e maturação (MAT), os quais apresentaram valores superiores a 76%. Os demais caracteres evidenciam maiores dificuldades na seleção, principalmente nas gerações com maior percentual de heterozigotos. Segundo Teixeira et al. (2007) estimativas elevadas para R^2 podem ser devidas à variabilidade genética inerente aos genótipos testados, em razão de cada um deles contribuir com uma identidade genética distinta.

O coeficiente de variação genética (CV_g) apresentou valores que variaram de 1,70 a 23,11% entre dias para maturação e produtividade, respectivamente (Tabelas 2). Da mesma forma que o coeficiente de determinação genotípico, o coeficiente de variação genética permite fazer inferência na variabilidade genética dos caracteres estudados, sendo que valores acima de 25% indicam que os genótipos em estudos são promissores para a seleção dos caracteres estudados, esperando-se ganhos significativos de seleção (Correa et al., 2003)

Valores de CVg de 18,71 e 23,11% para os caracteres massa de cem grãos e produtividade de grãos, sugerem que tais caracteres são mediamente promissores para a seleção. Segundo Morais (1992), o coeficiente de variação genético constitui um valioso indicador da grandeza relativa das mudanças possíveis de serem conseguidas em cada característica, por meio da seleção. Pode-se inferir que as variações observadas entre os genótipos é devido, em maior, parte, aos efeitos genéticos, uma vez que o índice b é maior que 1, sugerindo sucesso na seleção de genótipos para os caracteres avaliados.

Revista Agrarian
ISSN: 1984-2538

Jost et al. (2010) avaliando composição de macrominerais em cultivares de feijão, encontraram CV_g de 2,62 para produtividade de grão, valor este que indica uma menor participação de variância de causa genética.

Tabela 2. Resumo da análise de variância e estimação de parâmetros genéticos para os caracteres de 28 genótipos de feijão-comum.

F.V	G.L	FL	MAT	NNH	NGV	NVP	MCG	PROD
Blocos	2	5,39	0,15	1,22	5,34	9,55	13,07	790375,16
Genótipos	27	12,16**	5,52**	4,70**	6,45**	6,27**	48,80**	197851,71*
Resíduo	54	1,67	1,14	0,57	1,54	1,95	3,21	75778,95
Média	-	46,00	70,76	6,52	4,79	7,95	20,83	872,68
CV (%)	-	2,76	1,51	11,59	8,19	17,58	8,60	31,54
Parâmetros Genéticos								
σ_P^2	-	4,05	1,84	1,56	21,53	2,09	16,26	65950,57
σ_E^2	-	0,55	0,38	0,19	51,51	6,52	1,07	25259,65
σ_G^2	-	3,49	1,46	1,37	16,38	1,43	15,19	40690,91
R^2	-	86,21	79,33	87,83	76,07	68,78	93,41	61,69
CV_g	-	3,99	1,70	10,11	8,43	15,06	18,71	23,11
b (CV_g/CV_e)	-	1,44	1,13	1,55	1,03	0,85	2,17	0,73

FL: florescimento (dias); MAT: maturação (dias); NNH: número de nó por haste; e NGV: número de grãos por vargem; NVP: número de vagem por planta; MCG: massa de 100 grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos secos (kg ha^{-1}); CV: coeficiente de variação; σ_P^2: variância fenotípica; σ_E^2: variância de ambiente; σ_G^2: variância genotípica; R^2: coeficiente de determinação genotípica, CV_g: coeficiente de variação genética; b (CV_g/CV_e): quociente b; **, *: significativo a (P<0,01) e significativo (P<0,05), respectivamente, pelo teste F.

As estimativas de b para os caracteres variaram de 0,73 para PROD a 2,17 para o caráter MCG. Estimativas de $b \geq 1,0$ foram obtidas para os caracteres FL, MAT, NNH, número de grãos por vagem (NGV) e MCG, podendo desta forma serem considerados os caracteres com as maiores possibilidades de sucesso na seleção, uma vez que estes também foram os caracteres que obtiveram as mais altas estimativas de R^2. Para os outros caracteres o quociente b esteve abaixo de 1, indicando maiores dificuldades na seleção devido a maior interferência do ambiente, principalmente para o caráter produtividade de grãos, o qual sofre forte influência ambiental.

Nas estimativas dos coeficientes de correlação, genotípica, fenotípica e ambiental entre os caracteres estudados em feijão-comum, as magnitudes foram consideradas baixas, quando apresentaram valores inferiores a 0,4, médias entre 0,4 e 0,7, e altas com valores superiores a 0,7 (Tabela 3). Os valores de magnitude das correlações variaram entre -0,01(r_E entre NGV e PROD) a 0,92 (r_G entre FL e MAT), porém, sabe-se que o coeficiente de correlação igual a zero não implica em falta de relação entre duas variáveis, reflete apenas a ausência de relação linear entre os caracteres avaliados (Coimbra et al., 1998).

Em geral, as correlações genotípicas foram superiores às ambientais e fenotípicas, demonstrando uma maior contribuição dos fatores genéticos na expressão desses caracteres, em relação aos ambientais. O que se torna vantajoso para o melhoramento, uma vez que a expressão do genótipo não é mascarada pelo efeito do ambiente. Resultados semelhantes também foram encontrados por Bonett et al. (2006).

A maior correlação genotípica positiva foi observada entre FL e MAT ($r_{G\ FL\ x\ MAT=}$ 0,92). Correlações genotípicas e fenotípicas positivas entre os caracteres FL x MAT são esperadas, uma vez que, o aumento ou redução do intervalo entre os estádios vegetativos e reprodutivos da planta (emergência até o florescimento), induz um aumento ou redução no tempo de maturação.

Correlações genotípicas e fenotípicas negativas significativas se deram entre os pares de caracteres "FL x MCG"; "MAT x MCG" e "NNH x MCG". Correlações negativas entre dias para

Revista Agrarian
ISSN: 1984-2538

florescimento e maturação com a massa de cem grãos, são esperadas uma vez que, após a maturação fisiológica dos grãos inicia se o processo gradativo de desidratação dos grãos no campo.

Tabela 3. Estimativa de correlações fenotípicas (r_F), genotípicas (r_G) e ambientais (r_E) entre os caracteres fisiológicos e reprodutivos de 28 genótipos de feijão-comum.

Caracteres		MAT	NNH	NGV	NVP	MCG	PROD
FL	r_F	0,79**	0,55**	-0,72 ns	0,15 ns	-0,68**	0,23 ns
	r_G	0,92**	0,64**	0,27 ns	0,23 ns	-0,71**	-0,20 ns
	r_E	0,20*	-0,08 ns	0,10 ns	-0,15 ns	-0,50 ns	-0,38 ns
MAT	r_F		0,56*	0,07 ns	-0,09 ns	-0,61**	-0,32 ns
	r_G		0,68*	0,15 ns	-0,14 ns	-0,65**	-0,31 ns
	r_E		-0,04 ns	-0,23 ns	0,06 ns	-0,40*	-0,36 ns
NNH	r_F			0,13 ns	0,23 ns	-0,68**	-0,19 ns
	r_G			0,12 ns	0,30 ns	-0,74**	-0,25 ns
	r_E			0,18 ns	0,00 ns	-0,01 ns	-0,02 ns
NGV	r_F				0,07 ns	-0,04 ns	-0,08 ns
	r_G				0,16 ns	-0,05 ns	-0,11 ns
	r_E				-0,18 ns	0,04 ns	-0,01 ns
NVP	r_F					-0,02 ns	0,49**
	r_G					-0,06 ns	0,58**
	r_E					0,17 ns	0,32 ns
MCG	r_F						0,42*
	r_G						0,41*
	r_E						0,41*

FL: florescimento (dias); MAT: maturação de colheita (dias); NNH: número de nó por haste; NGV: número de grãos por vagem; NVP: número de vagem por planta; MCG: massa de 100 grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos secos (kg ha^{-1}). ns, * e **: não significativo, significativo a ($p<0,05$) e ($p<0,01$) pelo teste t, respectivamente.

Os componentes primários da produção número de vagem por planta (NVP) e MCG apresentaram correlações positivas e significativas com a produtividade de grãos embora de baixa magnitude, indicando que a maioria dos genes que atua sobre a primeira característica também tem efeito sobre a segunda, sugerindo que o ganho para estes caracteres poderá resultar em ganhos para a produtividade de grãos de forma indireta.

Por outro lado, o componente NGV aparenta não ter influenciado a produtividade de grãos, fato que pode ser explicado devido à compensação entre os componentes do rendimento, de forma que o aumento no NVP ou MCG pode resultar em redução no NGV (Correa et al., 2003). Cabral et al. (2011) concluíram em seu trabalho que, entre os componentes primários da produção, NVP, MCG e NGV são os caracteres de maiores potencialidades para seleção e identificação de genótipos superiores para produtividade de grãos em feijoeiro.

Todos os caracteres com exceção de NVP e MCG se correlacionaram de forma negativa com a produtividade, embora não significativa e de baixa magnitude. Contudo correlações negativas constituem grande dificuldade para o melhorista, uma vez que a melhoria de determinado caráter frequentemente implica na redução do outro. Cabral et al. (2011) também encontraram correlações de média a baixa magnitude e de sentido contrário com o caráter PROD. Correlações negativas entre os componentes primários da produção de grãos ocorrem na maioria das culturas, principalmente em condições de estresse ambiental, uma vez que, os fatores ambientais exercem influência na expressão gênica, afetando assim as correlações genéticas existentes entre os caracteres.

Correlações ambientais positivas e significativas foram obtidas para os caracteres "FL x MAT" e "MCG x PROD". A existência de correlação ambiental significativa entre os pares de caracteres indica que os dois são influenciados pelas condições ambientais, sendo positiva quando o efeito dessas variações for favorável ou desfavorável aos dois caracteres simultaneamente. Coeficientes de

Revista Agrarian
ISSN: 1984-2538

correlação ambiental positivos entre esses pares de caracteres na cultura do feijoeiro também foram encontrados por Ribeiro et al. (2009).

Na literatura podem ser observadas amplas variações nas estimativas de parâmetros genéticos das características do feijoeiro-comum (Correia et al., 2003; Ribeiro et al., 2008; Ribeiro et al., 2009. Entretanto, é importante ressaltar que tais variações podem ser consequência dos diversos métodos utilizados na estimação dos diferentes genótipos estudados, das distintas condições ambientais e da época de plantio, dentre outros fatores.

A influência da variável explicativa MCG sobre a variável principal PROD, expressa pelo coeficiente de trilha (efeito direto) de mesmo sinal positivo e magnitude que o apresentado pelo coeficiente de correlação, indica MCG como determinante para a produtividade de grãos. Contudo o coeficiente de correlação negativo entre os pares de caracteres "FL x PROD", mas com efeito direto do coeficiente de trilha, positivo e elevado, indica que a variável FL não deve ser descartada em programas de melhoramento para incremento à produtividade de grãos no feijoeiro (Tabela 4).

Tabela 4. Desdobramento das correlações genotípicas em componentes de efeito direto e indiretos envolvendo a variável dependente principal (produtividade) e as variáveis independentes explicativas em 28 genótipos de feijão-comum.

Variável	Estimativas		Estimativas
FL		NGV	
Efeito direto sobre PROD	1,5985	Efeito direto sobre PROD	-0,3237
Efeito indireto via DM	-1,3379	Efeito indireto via DF	0,4404
Efeito indireto via NNH	0,2796	Efeito indireto via DM	-0,2229
Efeito indireto via NGV	-0,0891	Efeito indireto via NNH	0,0531
Efeito indireto via NVP	-0,0043	Efeito indireto via NVP	-0,0031
Efeito indireto via MCG	0,6455	Efeito indireto via MCG	-0,0529
Total	-0,1989	Total	-0,1093
MAT		NVP	
Efeito direto sobre PROD	-1,4475	Efeito direto sobre PROD	-0,0190
Efeito indireto via DF	1,4775	Efeito indireto via DF	0,3684
Efeito indireto via NNH	0,2983	Efeito indireto via DM	0,2069
Efeito indireto via NGV	-0,0498	Efeito indireto via NNH	0,1333
Efeito indireto via NVP	0,0027	Efeito indireto via NGV	-0,0530
Efeito indireto via MCG	-0,5959	Efeito indireto via MCG	-0,0599
Total	-0, 3146	Total	0,5769
NNH		MCG	
Efeito direto sobre PROD	0,4346	Efeito direto sobre PROD	0,9059
Efeito indireto via DF	1,0285	Efeito indireto via DF	-1,1391
Efeito indireto via DM	-0,9937	Efeito indireto via DM	0,9521
Efeito indireto via NGV	-0,0395	Efeito indireto via NNH	-0,3246
Efeito indireto via NVP	-0,0058	Efeito indireto via NGV	0,0189
Efeito indireto via MCG	-0,6766	Efeito indireto via NVP	0,0012
Total	-0,2526	Total	0,4144
Coeficiente de determinação R^2	0,427		
Efeito residual	0,756		

FL: florescimento (dias); MAT: maturação de colheita (dias); NNH: número de nó por haste; NGV: número de grãos por vagem; NVP: número de vagem por planta; MCG: massa de 100 grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos secos (kg ha^{-1}).

Revista Agrarian
ISSN: 1984-2538

Os caracteres "NGV x PROD" apresentaram correlação semelhante em sinal e magnitude com seus efeitos diretos sobre a produtividade de grãos, demonstrando a existência de uma relação inversa entre esses caracteres, fato que, um maior número de grãos por vagens, devido ao efeito compensatório entre os componentes primário da produção, poderá induzir a um menor número de vagens por planta e/ou menor massa de cem grãos, reduzindo a produtividade de grãos. A situação mais favorável ao melhoramento para produtividade de grãos via indireta é observada com a variável MCG que apresentou valores relativamente altos e positivos, tanto na correlação como no efeito direto.

Os efeitos diretos e a correlação total das variáveis explicativas analisadas foram inferiores ao do efeito da variável residual (0,756), o que permite inferir que o aumento da produtividade de grãos não implica em uma relação de causa e efeito com apenas essas variáveis que, no conjunto, não podem ser consideradas os principais determinantes da produtividade de grãos, existindo outros a serem considerados pelo melhorista. Este resultado é justificado pelo coeficiente de determinação total (0,427), indicando que apenas 42,7% da produtividade de grãos obtida é decorrente dos efeitos das variáveis analisadas. Santos et al. (2014), avaliando genótipos de feijão-caupi, observaram baixas correlações dos componentes do rendimento, entretanto os autores encontraram uma relação de causa e efeito com essas variáveis, distorcendo os valores das correlações genéticas encontradas entre essas variáveis e a produtividade de grãos.

Quanto a importância relativa (S.j') de cada um dos caracteres avaliados para a dissimilaridade genética, observa-se que a variável MCG apresentou a maior contribuição (46,93%) seguida da variável NNH (16,33%) e FL (11,13%) (Tabela 5). Coelho et al. (2007), Cabral et al. (2011) e Correa & Gonçalves (2012) também observaram que a variável MCG é a que mais contribuiu na separação dos acessos de feijoeiro-comum, o que indica que a seleção para este caráter deve ser priorizada em programas de melhoramento genético.

Observa-se ainda que a PROD, apesar de ser o mais importante caráter comercial, teve baixo poder discriminante entre os acessos, mesmo existindo uma alta heterogeneidade produtiva entre os mesmos, evidente que, pela sua importância, este caráter não deve ser descartado na escolha de genitores (Tabela 5).

Tabela 5. Contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade genética (S.j') em 28 genótipos de feijão-comum.

Variável	S.j'	%	% acumulada
FL	1459,5044	11,1373	11,1373
MAT	1098,1275	8,3796	19,5169
NNH	2141,1345	16,3387	35,8556
NGV	1146,2098	8,7466	44,6022
NVP	813,0049	6,2039	50,8061
MCG	6150,1993	46,9312	97,7373
PROD	296,5259	2,2627	100

De acordo com os resultados da análise de agrupamento dos genótipos pelo método de otimização de Tocher, observou-se que houve formação de sete grupos.

Verificou-se que o maior número de genótipos pertenceu ao grupo I, com 19 dos 28 genótipos analisados. Os grupos 4, 5, 6 e 7 foram formados por somente um genótipo (Tabela 6). Ainda que os métodos de agrupamento empregados sejam diferentes pode se observar a existência de certa similaridade na ordem de formação dos grupos, sendo que, em ambos os métodos os genótipos 2, 26, 25 e 3, respectivamente, BRS Radiante, CNFRJ 10556, BJ-4 e Jalo Precoce, permaneceram em um mesmo grupo.

Revista Agrarian
ISSN: 1984-2538

Tabela 6. Grupos formados de acordo com o método de Tocher com base em sete caracteres de 28 genótipos de feijão-comum.

Grupos	Genótipos																		
I	6	28	7	9	10	17	16	21	18	23	5	22	1	12	4	20	27	11	14
II	2	26																	
III	8	15	19																
IV	24																		
V	13																		
VI	25																		
VII	3																		

O Coeficiente de Correlação Cofenética obtido foi de 0,87 e significativo ($p < 0,1$) pelo teste t, o que representa um bom ajuste entre a matriz cofenética e a matriz de dissimilaridade construída com base na distância generalizada de Mahalanobis (Figura 1). Tal coeficiente, de acordo com Sokal & Rohlf (1962), indica boa confiabilidade dos agrupamentos estabelecidos.

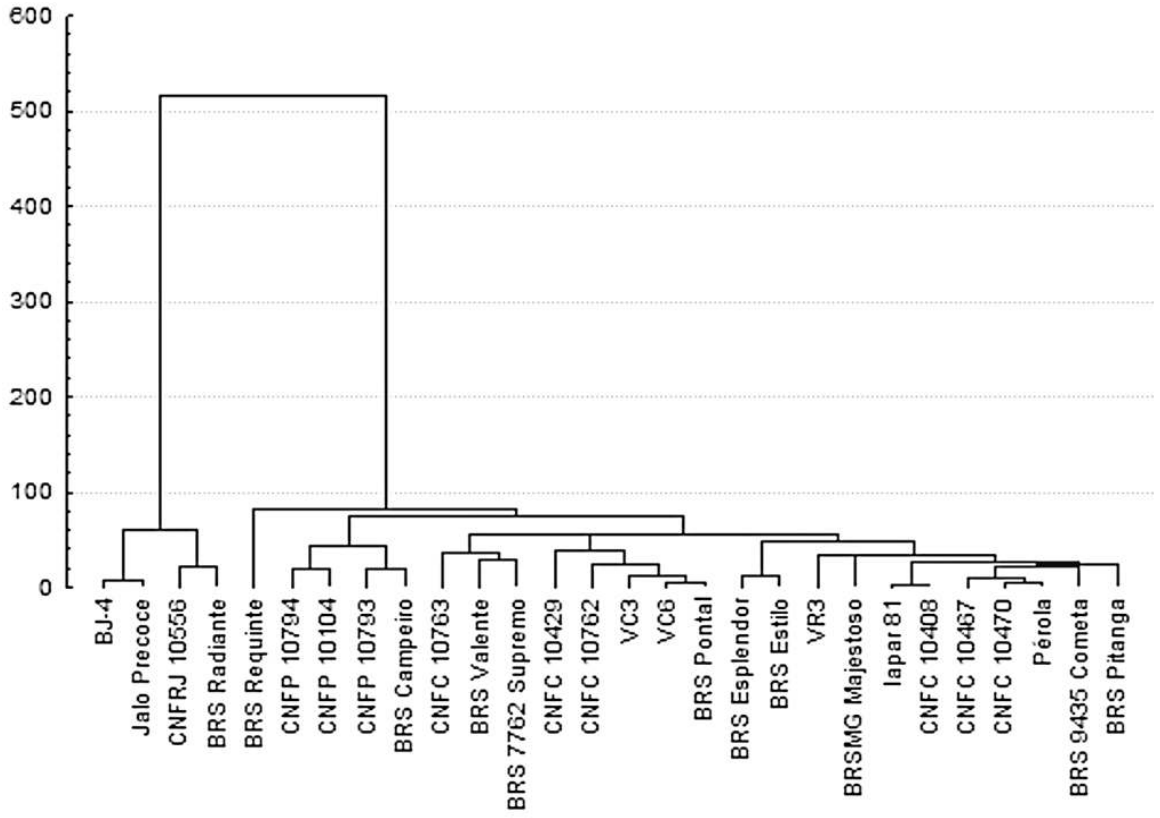


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 28 genótipos estudados, obtidas pela ligação média entre grupos (UPGMA), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade. Coeficiente de Correlação Cofenética (0,876**).

A partir do corte no dendrograma, em aproximadamente 20% de dissimilaridade, pode-se observar a formação de dois grupos. A menor dissimilaridade foi entre os genótipos CNFC 10408 e Iapar 81 (0,660) e a maior entre BRS Radiante e BRS Esplendor (168,3529). Esses resultados é um indicativo de que hibridações entre CNFC 10408 e Iapar 81 podem acarretar em

geração de progênies muito similares, com base genética muito estreita; por outro lado, dependendo da estratégia do programa de melhoramento esse tipo cruzamento, considerado convergente, pode facilitar o trabalho dos melhoristas na seleção de linhagens superiores em menor tempo, pois ambas cultivares possuem desempenho superior em importantes características agronômicas, tais como potencial produtivo. Observa-se também uma similaridade genética entre os pares de genótipos BRS 9435 Cometa x BRS Majestoso, VC6 x BRS Pontal e CNFC 10470 x Perola.

De acordo com Coelho et al. (2007) os genótipos de feijão com peso médio de 100 sementes inferior a 25,00 g pertencem possivelmente ao centro de origem Mesoamericano e aqueles com peso superior a 33,00 g, ao Andino. Nesse sentido, o agrupamento foi capaz de separar os acessos de acordo com o centro de origem, sendo que o grupo I foi constituído somente por genótipos Mesoamericanos e o grupo II de genótipos Andinos. Cabral et al. (2011) avaliaram a diversidade genética de acessos de feijão-comum por caracteres agronômicos, e também observaram o agrupamento de acordo com os centros de origem.

A variabilidade genética de uma população segregante depende da divergência genética e dos pais envolvidos no cruzamento. Sendo que a utilização de genitores com maior divergência possível entre si maximiza a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas e amplia a base genética. Conforme os resultados desse trabalho pode-se indicar o cruzamento entre as cultivares BRS Radiante e BRS Esplendor, como bons genitores para geração de linhagens superiores, pois apresentaram a maior divergência entre os genótipos avaliados. Contudo, a escolha de genótipos deve ser feita considerando também seus comportamentos per se. Portanto, de acordo com Cruz et al. (2006), o mais indicado, em programas de melhoramento, é o cruzamento entre acessos divergentes que apresentem desempenho superior nas principais características de importância agronômica.

Conclusões

A população tem potencial para o melhoramento genético por meio de hibridação entre genitores contrastantes capazes de gerar populações de base genética ampla.

As técnicas de análise multivariada foram eficientes em agrupar os genótipos de acordo com o seu pool gênico.

Referências

BONETT, L.P.; VIDIGAL, M.C.G.; SCHUELTER, A.R.; VIDIGAL FILHO, P.S.; GONELA, A.; LACANALLO, G.F. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil. **Semina**, v.27, n. 4, p.547-560, 2006.

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; LIMA, A. B. P.; SOARES, Y. J. B.; SILVA, J.A. Análise de trilha do rendimento de grãos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) e seus componentes. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, n.1, p.132-138, 2011

CARVALHO, L.P.; LANZA, M.A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J.W. Análise da divergência genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.10, p.1149-1155, 2003.

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

COELHO, C. M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. A.; B. O. G. O, A.; GUIDOLIN, A. F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, v.37, n.05, p.1241-1247, 2007.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. F.; DUARTE, I. A. Análise quantitativa de parâmetros genéticos e Fenotípicos em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Pesquisa **Agropecuária Gaúcha**, v.4, n.2, p.163 -171, 1998.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, v. 59, n.2, p. 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**, v.3, n.3, p. 223-230, 2003.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2006. 390p.

CRUZ, C. D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

JOST, E.; RIBEIRO, N. D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; E ANTUNES, I. F. Composição de macrominerais em cultivares de feijão e aplicações para o melhoramento genético. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v.16, n.1 e 2, p.31-38, 2010.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: J. Wiley, 1981. 504p.

MORAIS, O.. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, Índices dc seleção combinada numa população de intercruzamentos, usando macho esterilidade**. Viçosa: UFV, 1992. 251 p. Tese de Doutorado.

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

PANDEY, G.; DOBHAL, V.K. Multivariate analysis in taro (*Colocasia esculenta* L.). **Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, New Delhi, v.57, n.3, p.262-265, 1997.

RAO, C.R. **Advanced statistical methods in bionetric research**. New York: John Wiley and Sons, 1952. 390p.

RIBEIRO, E.H.; PEREIRA, M.G.; COELHO, K. S.; FREITAS JÚNIOR, S. P. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista. Ceres**, v.56, n.5, p.580-590, 2009.

SAMAL, K.M.; JAGADEV, P.N. Genetic divergence among chickpea cultivars. **Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, v.56, n.1, p.86-88, 1996.

SANTOS, A.; CECCON, G.; DAVIDE, L. M. C.; CORREA, A. M.; ALVES, V. B. Correlations and path analysis of yield components in cowpea. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.14, n.2, p.82-87, 2014.

SILVA, G. O.; PEREIRA, A. S.; SOUZA, V. Q.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BERTAN, I.; FRITSCHE NETO, R. Importância de caracteres na dissimilaridade de progênies de batata em gerações iniciais de seleção. **Bragantia**, v.67, n.01, p.141-144, 2008.

SING, D. The relative importance of characters affecting genetics divergence. The Indian **Journal of Genetics & Plant Breeding**, v.41. p.237-245. 1981.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy**, v.11, p.33-40, 1962.

TEIXEIRA, N. J. P.; MACHADO, C. F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; GOMES, R. L. F. Produção, componentes de produção e suas interrelações em genótipos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] de porte ereto. **Revista Ceres,** v.54, p.374-382. 2007.

VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão** 2ª ed. Viçosa: Editora UFV.2006. 600p.

WRIGHT, S. **Theory of path coefficients**. Genetics, New York, v.8, p.239-285, 1921.