

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE, QUALIDADE TECNOLÓGICA
E NUTRICIONAL E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS
DE FEIJOEIRO-COMUM**

ELBA HONORATO RIBEIRO

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
NOVEMBRO - 2011**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE, QUALIDADE TECNOLÓGICA
E NUTRICIONAL E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS
DE FEIJOEIRO-COMUM**

ELBA HONORATO RIBEIRO

Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
NOVEMBRO – 2011**

FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do **CCTA / UENF** 002/2012

Ribeiro, Elba Honorato

Adaptabilidade e estabilidade, qualidade tecnológica e nutricional e divergência genética entre linhagens de feijoeiro-comum / Elba Honorato Ribeiro. – 2011.

136 f. : il.

Orientador: Messias Gonzaga Pereira

Tese (Doutorado – Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. Campos dos Goytacazes, RJ, 2011.

Bibliografia: f. 128 – 136.

1. Feijão-comum 2. Avaliação de linhagens 3. Adaptabilidade e estabilidade 4. Qualidade culinária 5. Dissimilaridade genética I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. II. Título.

CDD – 635.6522

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE, QUALIDADE TECNOLÓGICA
E NUTRICIONAL E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS
DE FEIJOEIRO-COMUM

ELBA HONORATO RIBEIRO

Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.

Aprovada em 25 de novembro de 2011.

Comissão Examinadora:

Prof^a. Rosana Rodrigues (D.Sc., Produção vegetal) – UENF

Prof^a. Telma Nair Santana Pereira (Ph.D., Plant Breeding) – UENF

Prof. José Eustáquio de Souza Carneiro (D.Sc., Genética e Melhoramento de
Plantas) – UFV

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) – UENF
(Orientador)

Aos meus queridos pais,
Luiz Justino Ribeiro (*in memoriam*) e Clotildes Honorato de Lima Ribeiro,
pela dedicação

Ao meu filho Luiz Alberto,
por todo amor e carinho

A José Manoel de Miranda,
pelo carinho e por fazer parte da minha vida

Aos meus irmãos,
Edson, Luiz Carlos, Eliane e Carlos Eduardo

Aos meus sobrinhos,
Isabela, Lucas, José Henrique, Maria Eduarda, Lucas Cauã, Maria Heloíza, Túlio
Vinícius e João Emanuel

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela dádiva da vida e por todas as coisas que, bondosamente, tem me proporcionado, incluindo esta conquista.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), pela oportunidade de participar do Programa de Pós-Graduação, pela infraestrutura e pelo suporte financeiro para a realização deste trabalho.

À FAPERJ, pela concessão da bolsa de estudo.

Ao meu orientador, professor Messias Gonzaga Pereira, pela orientação, pelos valiosos ensinamentos, pela confiança e pelo incentivo.

A todos os professores do LMGV, especialmente aos professores Rosana Rodrigues, Telma Nair Santana Pereira e Alexandre Pio Viana, pelos ensinamentos e pelas sugestões.

A José Manoel de Miranda, por todo amor, carinho, apoio e incentivo, além da imensurável dedicação e competência na condução dos trabalhos de campo.

A Renato Santa Catarina, pela imensa ajuda nos experimentos.

Ao Engenheiro Agrônomo Paulo Rogério Nunes e aos funcionários de campo, pela colaboração nos experimentos de campo.

A Vitória Régia Melo de Almeida Miranda, pelo auxílio nos trabalhos realizados no LMGV.

Ao professor Victor Haber Perez, a Geraldo David, à Evelyn e à Valdinéia do Laboratório de Tecnologia de Alimentos da UENF.

Ao professor José Eustáquio de Souza Carneiro, pela participação na banca examinadora, pelas sugestões e colaboração na avaliação da qualidade tecnológica.

A Marilene Santos de Lima, pela colaboração na avaliação da qualidade tecnológica.

Ao Pesquisador Benedito Fernandes de Souza Filho, à Jaqueline e à Penha do Laboratório de Sementes da PESAGRO-RIO.

Ao secretário do PPGMP, José Daniel Valle de Almeida, pela atenção e pela paciência.

Aos meus pais, pelo amor, educação e incentivo.

Aos meus irmãos, Edson, Luiz Carlos, Eliane e Carlos Eduardo, pelo carinho e amizade.

A Keli Dorci Miranda, por ter cuidado, com dedicação e carinho, do meu filho.

A todos os colegas do LMGV, pela amizade e pelo convívio, em especial a Helaine, Keila, Pedro, Roberto e Leandro.

A todos os amigos da pós-graduação, pelo convívio e pela amizade.

A todos que, de alguma maneira, contribuíram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	vii
RESUMO	xii
ABSTRACT	xiv
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Importância econômica da cultura	4
2.2. Considerações sobre o melhoramento do feijoeiro-comum	5
2.3. Características desejáveis	6
2.4. Índices de seleção	8
2.5. Interação entre genótipos e ambientes	9
2.6. Estabilidade e adaptabilidade	11
2.7. Qualidade tecnológica e nutricional	13
2.8. Divergência genética	15
2.8.1. Marcadores ISSR (<i>Inter Simple Sequence Repeats</i>)	16
3. TRABALHOS	18
3.1. AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM NAS REGIÕES NORTE E NOROESTE DO RIO DE JANEIRO	18
RESUMO	18
ABSTRACT	19
INTRODUÇÃO	20
MATERIAL E MÉTODOS	21

RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
CONCLUSÕES	47
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	48
3.2. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE FEIJÃO-COMUM NAS REGIÕES NORTE E NOROESTE DO RIO DE JANEIRO	51
RESUMO.....	51
ABSTRACT	52
INTRODUÇÃO	52
MATERIAL E MÉTODOS	55
RESULTADOS E DISCUSSÃO	59
CONCLUSÕES	67
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	67
3.3. QUALIDADE TECNOLÓGICA E NUTRICIONAL DE GRÃOS DE LINHAGENS PROMISSORAS DE FEIJOEIRO-COMUM (<i>Phaseolus vulgaris</i>)	70
RESUMO.....	70
ABSTRACT	71
INTRODUÇÃO	71
MATERIAL E MÉTODOS	75
RESULTADOS E DISCUSSÃO	80
CONCLUSÕES	84
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	85
3.4. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJÃO (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) COM BASE EM MARCADORES MOLECULARES, CARACTERES CONTÍNUOS E MULTICATEGÓRICOS	89
RESUMO.....	89
ABSTRACT	90
INTRODUÇÃO	91
MATERIAL E MÉTODOS	93
RESULTADOS E DISCUSSÃO	103
CONCLUSÕES	119
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	120
4. RESUMO E CONCLUSÕES	125
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	128

LISTA DE TABELAS

3.1. AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM NAS REGIÕES NORTE E NOROESTE DO RIO DE JANEIRO..... 18

Tabela 1 – Linhagens de feijoeiro-comum avaliadas no ano de 2008, em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.....22

Tabela 2 – Médias de genótipos e ensaios, quadrados médios dos genótipos (QMT) e dos resíduos (QMR), e coeficiente de variação (CV) para as características^{1/} ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), mancha angular (MA), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR) avaliadas em 34 genótipos (Grupo 1) de feijão em ensaios^{2/} conduzidos em Campos dos Goytacazes (A₁, A₂ e A₄) e Itaocara (A₃), em 2008.....27

Tabela 3 – Médias de genótipos e ensaios, quadrados médios dos genótipos (QMT) e dos resíduos (QMR), e coeficiente de variação (CV) para as características^{1/} ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), mancha angular (MA), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR) avaliadas em 34 genótipos (Grupo 2) de feijão em ensaios^{2/} conduzidos em Campos dos Goytacazes (A₁, A₂ e A₄) e Itaocara (A₃), em 2008
.....31

Tabela 4 – Resumo das análises de variância conjunta para as características ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), mancha angular (MA), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR) de 34 genótipos de feijoeiro-comum (Grupo 1), avaliados em quatro ensaios, no Estado do Rio de Janeiro, no ano de 2008	38
Tabela 5 – Resumo das análises de variância conjunta para as características ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), mancha angular (MA), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR) de 34 genótipos de feijoeiro-comum (Grupo 2), avaliados em quatro ensaios, no Estado do Rio de Janeiro, no ano de 2008	39
Tabela 6 – Valores médios das características ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), antracnose (A), mancha angular (MA), crestamento bacteriano comum (CB), acamamento (AC) e arquitetura de planta (AR) de 30 linhagens (Grupo 1) e quatro testemunhas ^{1/} de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2008	41
Tabela 7 – Valores médios das características ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), antracnose (A), mancha angular (MA), crestamento bacteriano comum (CB), acamamento (AC) e arquitetura de planta (AR) de 30 linhagens (Grupo 2) e quatro testemunhas ^{1/} de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2008	42
Tabela 8 – Médias (X) e classes (C) ^{1/} dos caracteres produtividade (PROD), massa de mil grãos (MMG), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR). Notas máximas de ferrugem (FE), antracnose (A), mancha angular (MA) e crestamento bacteriano comum (CB) para o cálculo do índice de soma de postos (I_{MMi}) em linhagens (L) de feijoeiro-comum (Grupo 1)	43
Tabela 9 – Médias (X) e classes (C) ^{1/} dos caracteres produtividade (PROD), massa de mil grãos (MMG), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR). Notas máximas de ferrugem (FE), antracnose (A), mancha angular (MA) e crestamento bacteriano comum (CB) para o cálculo do índice de soma de postos (I_{MMi}) em linhagens (L) de feijoeiro-comum (Grupo 2)	45

3.2. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE FEIJÃO-COMUM NAS REGIÕES NORTE E NOROESTE DO RIO DE JANEIRO51

Tabela 1 – Linhagens de feijoeiro-comum avaliadas no presente estudo, com respectivas genealogias56

Tabela 2 – Médias de produtividade de grãos, média geral de ambientes ($Y_{.j}$) e de genótipos ($Y_{i.}$), coeficiente de variação (CV), Quadrados médios dos genótipos (QMT) e dos resíduos (QMR) referentes à avaliação de genótipos de feijão-comum em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos de 2009^{1/} e 2010^{2/}60

Tabela 3 – Resumo da análise de variância conjunta da produtividade (kg ha^{-1}) de grãos de 33 genótipos de feijoeiro-comum, avaliados em seis ensaios em Campos do Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos de 2009 e 201062

Tabela 4 – Médias de produtividade de grãos (PROD) e estimativas de adaptabilidade e estabilidade (P_i) obtidas pelo método do trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (Carneiro, 1998), de 33 genótipos de feijoeiro-comum, avaliados em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos de 2009 e 2010, a partir da decomposição em ambientes favoráveis (P_{if}) e desfavoráveis (P_{id})64

Tabela 5 – Estimativa da produtividade média de grãos (β_{0i}), dos coeficientes de regressão (β_{1i}) e de determinação (R_i^2), e da variância dos desvios de regressão (σ_{di}^2), obtidos pelo método de Eberhart e Russel (1966), de 33 genótipos de feijoeiro-comum avaliados em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos de 2009 e 201066

3.3. QUALIDADE TECNOLÓGICA E NUTRICIONAL DE GRÃOS DE LINHAGENS PROMISSORAS DE FEIJOEIRO-COMUM (*Phaseolus vulgaris* L.)70

Tabela 1 – Linhagens de feijoeiro-comum avaliadas no presente estudo, com respectivas genealogias76

Tabela 2 – Valores médios de referência para tempo de cocção de feijão	80
Tabela 3 – Quadrados médios, coeficientes de variação experimental (CV) e médias para teor de proteína bruta em percentagem (Proteína), percentagem de absorção de água pelos grãos (% absorção), percentagem de grãos com casca dura (% GD) e tempo de cozimento (cocção) avaliados em 33 genótipos de feijoeiro-comum, no ano de 2010. Campos dos Goytacazes – RJ.....	81
Tabela 4 – Médias de teor de proteína bruta em percentagem (Proteína), tempo para cozimento em minutos (Cocção), percentagem de absorção de água (% Absorção) e percentagem de grãos com casca dura (% GD) de genótipos de feijão-comum avaliados no ano de 2010. Campos dos Goytacazes – RJ	82
3.4. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJÃO (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) COM BASE EM MARCADORES MOLECULARES, CARACTERES CONTÍNUOS E MULTICATEGÓRICOS	89
Tabela 1 – Linhagens de feijoeiro-comum avaliadas no presente estudo, com respectivas genealogias. Campos dos Goytacazes, 2010	94
Tabela 2 – Iniciadores ISSR selecionados para utilização no presente estudo, temperatura de anelamento (Ta) e número de ciclos para cada iniciador	100
Tabela 3 – Valores médios dos caracteres tempo de cozimento (Tcocção), teor de proteína bruta (Proteína), produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), número de dias da emergência ao florescimento (NDEF), número de dias da emergência a maturação (NDEM), comprimento da haste principal (CHP), arquitetura de plantas (AR) e acamamento (AC) avaliados em 33 genótipos de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2011	104
Tabela 4 – Notas máximas de antracnose (A), crestamento bacteriano comum (CBC), mancha angular (MA) e ferrugem (FE); classificação quanto à presença de antocianina no hipocótilo (AH), cor de flor (CF), cor da vagem na maturação (CVM), cor da vagem seca (CVS), hábito de crescimento (HC), porte (PP), cor do	

tegumento dos grãos (CS), brilho (BS), forma (FS) e perfil da semente (PS) de 33 genótipos de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2011	106
Tabela 5 – Sequência de iniciadores ISSR utilizados, temperatura de anelamento (TA), número de fragmentos amplificados e polimórficos gerados no estudo da divergência genética entre 33 genótipos de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2010	112
Tabela 6 – Correlações entre matrizes de distâncias genéticas estimadas a partir do estudo de caracteres morfoagronômicos (quantitativos e multicategóricos), de marcadores moleculares (ISSR) e do estudo conjunto dos dados (quantitativos, multicategóricos e moleculares), em 33 genótipos de feijoeiro-comum	118

RESUMO

RIBEIRO, Elba Honorato, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Novembro de 2011, Adaptabilidade e estabilidade, qualidade tecnológica e nutricional e divergência genética entre linhagens de feijoeiro-comum. Orientador: Messias Gonzaga Pereira. Conselheiros: Alexandre Pio Viana e Rosana Rodrigues.

O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do mundo. O feijoeiro é cultivado em, praticamente, todos os Estados do país. A ampla diversidade de condições ambientais em que o feijoeiro-comum é produzido requer cultivares adaptadas às diferentes condições de cultivo. Este trabalho teve como objetivo desenvolver novas cultivares de feijoeiro-comum adaptadas para as regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Inicialmente, dois grupos de 30 linhagens foram avaliados em quatro ensaios, conduzidos nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara, no ano de 2008. Os caracteres avaliados foram ciclo, produtividade de grãos, massa de mil grãos, acamamento e arquitetura de plantas, e severidade de doenças. O índice de seleção de soma de postos permitiu a identificação de linhagens superiores nos dois grupos. Vinte e nove linhagens, juntamente com quatro testemunhas, foram avaliadas em ensaios de valor de cultivo e uso, nos anos de 2009 e 2010, totalizando seis ambientes. Foram detectadas diferenças significativas entre genótipos, ambientes e para a interação genótipos por ambientes, justificando o estudo da adaptabilidade e estabilidade de rendimento. De acordo com o método de Carneiro, as linhagens 129, 132 e 118 tiveram os

melhores desempenhos, destacando-se com adaptabilidade geral e elevada estabilidade. O método de Eberhart e Russell indicou adaptabilidade ampla para todos os genótipos avaliados, com exceção das linhagens 32 e 33. Quanto ao parâmetro de estabilidade, apenas cinco linhagens tiveram baixa previsibilidade de comportamento. As linhagens também foram avaliadas quanto ao teor de proteína bruta nos grãos, tempo de cozimento, percentagem de absorção de água pelos grãos e percentagem de grãos com casca dura. Foram observadas diferenças significativas para todas as características, com exceção de grãos com casca dura. As linhagens 14 e 120 e a cultivar Xamego se destacaram com teor de proteína bruta em torno de 26%. As linhagens 122 e 112 se destacaram com menor tempo para cozimento em relação aos padrões considerados. Com base nos resultados, é possível indicar as linhagens 129, 132 e 118 para cultivo nas regiões Norte e Noroeste do Rio de Janeiro, pois associam elevado rendimento, com adaptabilidade ampla e estabilidade elevada. Além disso, essas linhagens do grupo comercial preto têm boa qualidade tecnológica, conferida pelo rápido cozimento. Para finalizar o trabalho, a dissimilaridade genética entre os 33 genótipos foi estimada por meio da análise individual e conjunta de caracteres contínuos, multicategóricos e moleculares. Foi observado um bom ajuste entre a matriz de dissimilaridade baseada nas variáveis multicategóricas e a matriz cofenética ($r = 0,88$), o que não ocorreu com os demais agrupamentos. Esse agrupamento foi muito similar ao agrupamento gerado pela análise conjunta dos dados ($r = 0,84$). Com base no agrupamento gerado utilizando-se as variáveis multicategóricas, na observação das médias e da genealogia das linhagens foi possível a indicação dos cruzamentos: linhagem 14 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 112; linhagem 33 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 116; e linhagem 27 x linhagem 129, como os mais promissores para obtenção de recombinantes superiores.

ABSTRACT

RIBEIRO, Elba Honorato, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, November 2011, Adaptability and stability, technological and nutritional quality and genetic divergence among common bean lines. Advisor: Messias Gonzaga Pereira. Committee Members: Alexandre Viana Pio and Rosana Rodrigues.

Brazil is one of the largest producers and consumers of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in the world. Bean is grown in every state in the country. The wide diversity of environmental conditions in which common bean is produced requires cultivars adapted to different growing conditions. This study aimed to develop new common bean cultivars adapted to the Northern and Northwestern Rio de Janeiro state. Initially, two groups of 30 lines with four controls were evaluated in four trials conducted in the cities of Campos dos Goytacazes and Itaocara, in 2008. The traits cycle, grain yield, mass of thousand grains, lodging and architecture of plants, and disease severity were evaluated. The selection index based on sum of ranks allowed the identification of superior lines in both groups. Twenty-nine lines and four controls were assessed to test the value for cultivation and use (VCU) in 2009 and 2010, totaling six environments. Through combined analysis of variance, significant differences were detected between genotypes, environments and genotype x environment interaction, which explains the need for the study on yield adaptability and stability. According to the method of Carneiro the lines 129, 132 and 118 presented the best performance, mainly for general adaptability and high stability. The method of Eberhart and Russell (1966) indicated wide adaptability

for all genotypes, except for lines 32 and 33. As for the stability parameter, only five lines presented low behavior predictability. The lines were also evaluated for crude protein content in grains, cooking time, percentage of water absorption by grains and percentage of grains with hard shell. Significant differences were observed for all traits except grain with hard shell. Lines 14 and 120 and the cultivar Xamego stood out for protein content, around 26%. Lines 122 and 112 stood out for shorter cooking time, compared to the standards considered. Based on these results, it is possible to indicate the lines 129, 132 and 118 for cultivation in Northern and Northwestern Rio de Janeiro, since they present high yield, wide adaptability and high stability. Furthermore, these lines from the black commercial group present good technological quality, conferred by the cooking time of less than 30 minutes. Finally, the genetic dissimilarity among the 33 genotypes was estimated by individual and combined analysis of continuous, multi-category and molecular traits. Good adjustment was observed between the dissimilarity matrix based on the multi-category variables and the cophenetic matrix ($r = 0.88$), which did not occur with the other groupings. This group was very similar to that generated by the combined data analysis ($r = 0.84$). Based on the grouping generated by the use of multi-category variables, observation of the averages and genealogy of the lines, the following crosses could be indicated as the most promising for obtaining superior recombinants: lines 14 x 112; 27 x 112; 33 x 112; 27 x 116; and 27 x 129.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil destaca-se, em nível mundial, como um dos principais produtores e consumidores de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Essa cultura é muito relevante na dieta alimentar da população brasileira. Segundo estudo do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2011), o consumo médio *per capita* de feijão, no período de 2008/2009, foi de 9,1 kg/hab/ano. Conforme estimativas da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2011), o Brasil produziu 3,32 milhões de toneladas de feijão na safra 2009/2010, numa área total cultivada de 3,61 milhões de hectares, alcançando rendimento de 921 kg ha⁻¹.

Segundo Ramalho (2011) o ganho médio em rendimento, de algumas das espécies cultivadas mais importantes no país, é de 4,85% por ano. Aproximadamente 50% desse progresso é atribuído ao melhoramento genético. Atributos como resistência a doenças e tolerância a diferentes fatores abióticos fazem parte dos programas de melhoramento do feijoeiro, visando, sobretudo, ao aumento de produtividade. Além disso, as características tecnológicas dos grãos devem ser consideradas, pois são determinantes para a aceitação do produto pelos consumidores (Carbonell et al., 2003).

O feijoeiro-comum é cultivado em quase todos os Estados brasileiros. Além disso, o feijoeiro é cultivado em três safras distintas e em diferentes sistemas de produção, desde a agricultura de subsistência a sistemas em cujo processo produtivo estão incluídas modernas tecnologias (Yokoyama, 2002). Essa vasta diversidade de condições a que o feijoeiro-comum é submetido

demanda cultivares adaptadas às diferentes condições de cultivo (EMBRAPA, 2011). Diante desse fato, nos programas de melhoramento, os ensaios de competição devem ser conduzidos em vários ambientes, para que se tenha uma boa estimativa da interação genótipos por ambientes. Entretanto, o simples conhecimento dessa interação não provê informações pormenorizadas do comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais (Cruz et al., 2004). Assim, as análises de adaptabilidade e estabilidade permitem uma maior segurança na indicação de cultivares (Melo et al., 2007).

O objetivo do melhoramento genético é a obtenção de indivíduos superiores para vários caracteres de interesse. A complexidade na seleção de genótipos superiores deve-se, sobretudo, às relações existentes entre os diferentes caracteres. Assim, os índices de seleção são ferramentas úteis ao melhorista, facilitando esse processo. No caso específico do feijoeiro-comum, em um programa de seleção de genótipos já fixados, recomenda-se a utilização dos índices de seleção não paramétricos, pois priorizam a simples classificação dos genótipos (Oliveira, 2008).

A disponibilidade de variabilidade genética é essencial nos programas de melhoramento, possibilitando a seleção e o alcance de progresso a partir da obtenção de genótipos superiores. Nesse contexto, a análise genômica, baseada na tecnologia de marcadores moleculares, que permitem a detecção das diferenças entre indivíduos em nível de DNA, fornece medidas precisas da variabilidade genética existente entre genótipos, orientando a utilização desses nos programas de melhoramento genético. No entanto, a utilização combinada de marcadores moleculares e características morfoagronômicas é recomendável, pois fornecem resultados complementares na identificação da divergência entre genótipos (Singh et al., 1991).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo desenvolver novas cultivares adaptadas para as regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Os objetivos específicos foram: 1) a avaliação de 60 linhagens, desenvolvidas pelo programa de melhoramento de feijoeiro-comum da UENF, juntamente com quatro cultivares, e seleção das linhagens superiores por meio de índice de seleção; 2) avaliação das 29 linhagens selecionadas e quatro cultivares em ensaios de valor de cultivo e uso; 3) obtenção de estimativas de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de rendimento de 33 genótipos; 4) determinação

da qualidade tecnológica e nutricional dos grãos de 33 genótipos; 5) avaliação da divergência genética entre os 33 genótipos, por meio da análise individual e conjunta de caracteres contínuos, multicategóricos e moleculares, visando à identificação de genitores para cruzamentos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Importância econômica da cultura

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento básico, tanto em países subdesenvolvidos quanto em desenvolvimento, das regiões tropicais e subtropicais, principalmente no continente Americano e no Leste e Sul da África. Essa espécie, além de possuir, em seus grãos, alto teor protéico, variando entre 20 a 28%, tem elevado conteúdo de carboidratos, fibras e considerável teor de ferro (Yokoyama et al., 1996).

Segundo estatísticas da Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAO, 2011), 20 países foram responsáveis por 17,31 milhões de toneladas de feijão produzidas em 2009 e, apenas, seis países participaram com quase 73% da produção mundial de feijão. O Brasil destacou-se como o principal produtor, respondendo por, aproximadamente, 20% do total produzido, seguido por Myanmar (17,33%), Índia (14,09%), China (8,55%), Estados Unidos (6,64%) e México (6%).

O feijão ocupa a sétima posição entre as culturas produzidas no Brasil (FAO, 2011) e, juntamente com o arroz e o milho, é um dos principais produtos destinados ao mercado interno. A produção nacional de feijão, para a safra 2009/2010, foi estimada em 3,32 milhões de toneladas, alcançando rendimento de 921 kg ha⁻¹, numa área total cultivada de 3,61 milhões de hectares

(CONAB, 2011). Os Estados do Paraná, Minas Gerais, Bahia, São Paulo e Goiás concentraram 72,8% da produção nacional. As estimativas para a safra 2009/2010 apontam o Estado do Paraná como o maior produtor nacional, contribuindo com 794,2 mil toneladas, o que representa 23,9% do total produzido numa área total cultivada de 521,1 mil hectares (14,4%). O Estado de Minas Gerais foi o segundo maior produtor de feijão, com 623,7 mil toneladas produzidas (18,8%), em 419,6 mil hectares cultivados (11,6%). Embora tenha a maior área cultivada com feijão no país, 612 mil hectares (16,9%), o Estado da Bahia foi o terceiro maior produtor, com 390,4 mil toneladas produzidas (11,8%). O Estado de São Paulo foi responsável por 9,6% e Goiás por 8,7% do total de feijão produzido no país. Vale ressaltar que o Distrito Federal e os Estados de Goiás e São Paulo detêm as maiores produtividades, com 2.851 kg ha⁻¹, 2.556 kg ha⁻¹ e 1.764 kg ha⁻¹, respectivamente (CONAB, 2011).

2.2. Considerações sobre o melhoramento do feijoeiro-comum

O feijoeiro-comum é uma espécie autógama com estimativas da taxa de fecundação cruzada inferiores a 5%, ou seja, há predomínio da autopolinização (Marques Júnior e Ramalho, 1995). Assim, geralmente, nos programas de melhoramento dessa cultura, busca-se a obtenção de linhagens homozigotas superiores às existentes em cultivo.

Considerando que se deseja reunir alelos favoráveis presentes em diferentes genitores, o melhoramento do feijoeiro baseia-se, principalmente, em cruzamentos entre linhagens e/ou cultivares, visando à obtenção de populações segregantes (Zimmermann et al., 1996). As populações segregantes são conduzidas por algum método de melhoramento, em geral, até a geração F₆, quando se obtém o nível de homozigose almejado. As melhores plantas são selecionadas e colhidas individualmente, originando as famílias F₇. Essas famílias são multiplicadas por um ciclo para a obtenção das linhagens. Essas linhagens são submetidas a diferentes ensaios de competição para avaliação do seu potencial agrônomo. Posteriormente, as linhagens mais promissoras são avaliadas em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) (Borém, 2009).

Os atributos dos ensaios de competição diferem conforme o programa de melhoramento. Entretanto, caracteres importantes para a cultura, como produção, reação a patógenos, aspectos dos grãos, arquitetura de plantas, entre outros, normalmente, são levados em consideração nas avaliações.

Os ensaios de VCU para a cultura do feijoeiro seguem regras específicas determinadas pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Esses ensaios são necessários para a realização do registro das novas cultivares junto ao Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) (BRASIL, 2001).

Silva et al. (2009) relataram que, a partir de cinco famílias F_8 , provenientes do cruzamento entre os genótipos 'Rosinha Maria da Fé' e 'ESAL 693', foram obtidas 143 linhagens. Essas linhagens foram avaliadas quanto à produção e tipo de grãos em um experimento realizado no município de Lavras (MG), na safra das águas 2005/2006, sendo selecionadas 99 linhagens. As 99 linhagens selecionadas foram avaliadas em Lavras e Lambari (MG), na safra da seca de 2006, quanto à produção, tipo de grão e reação à mancha angular. Essas linhagens também foram inoculadas com o patótipo 65 de *C. lindemuthianum*, para identificação das linhagens resistentes à antracnose. Vinte e quatro linhagens foram selecionadas e avaliadas na safra de inverno em 2006, também em Lavras e Lambari, quanto à produção, tipo de grão e tempo de cocção. Quatro linhagens com tipo de grão rosinha foram selecionadas, com alta produção, rápida cocção e resistência à mancha angular e à antracnose.

2.3. Características desejáveis

Os principais objetivos dos programas de melhoramento de feijoeiro-comum visam atender às demandas dos produtores e consumidores. Nesse aspecto, considerando-se os anseios dos consumidores, os caracteres relacionados aos grãos tais como cor, tamanho, forma e, principalmente, a qualidade culinária merecem atenção.

Em relação à cor do grão, o tipo comercial carioca é o preferido pelos consumidores, sendo aceito em, praticamente, todo o Brasil. Os feijões do grupo preto são mais populares no Rio de Janeiro, sul do Espírito Santo, sul do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul (Vieira et al., 2006).

Quanto ao tamanho do grão, a preferência nacional é por grãos com massa entre 23 a 25 gramas, por cem grãos. Padrões inferiores a 23 gramas, provavelmente, restringirão a aceitação da cultivar (Ramalho e Abreu, 2006). Outro aspecto importante é o brilho da semente; nesse caso, a preferência recai sobre feijões com tegumento opaco, pois o brilho está associado a grãos com tegumento impermeável, que requerem maior tempo para o cozimento (Ramalho e Abreu, 2006). Além desses atributos, a aceitação de uma cultivar de feijão junto aos consumidores requer sua rápida cocção, ou seja, a cultivar deve ter tempo médio de cozimento inferior a 30 minutos (Rodrigues et al. 2005).

Quanto às demandas dos produtores de feijão, o aspecto mais importante é o rendimento de grãos; assim, o incremento na produtividade é um dos principais objetivos no melhoramento da cultura (Lemos et al., 2004; Baldoni et al., 2006; Chiorato et al., 2009; Silva et al., 2009).

As doenças estão entre os principais fatores que podem prejudicar a produção da cultura do feijoeiro. As enfermidades mais importantes associadas a essa cultura são a antracnose, a mancha-angular, a ferrugem, o crestamento bacteriano comum e o mosaíco-dourado (Vieira et al., 2006). Também se destacam o mofo-branco e a murcha-de-fusarium, doenças cuja importância vem aumentando, principalmente, em cultivos irrigados (Ramalho e Abreu, 2006). A utilização de cultivares resistentes destaca-se como procedimento mais eficaz e econômico no controle de doenças, além de reduzir os impactos danosos ao ambiente ocasionados pelo uso excessivo de defensivos agrícolas (Abreu e Ramalho, 2005).

Outro atributo importante para o melhoramento do feijoeiro-comum é o porte da planta. O porte ereto é um caráter desejável, pois favorece a colheita mecanizada e os tratos culturais (Abreu e Ramalho, 2005). Além disso, cultivares que se caracterizam como prostradas possuem a maioria das vagens em contato com o solo, o que pode provocar perdas na produção e na qualidade dos grãos colhidos, principalmente, pela ocorrência de enfermidades, como o mofo-branco, e se houver chuva por ocasião da colheita (Silva et al., 2006).

2.4. Índices de seleção

Nos programas de melhoramento genético, é comum a mensuração de diversas características, visando à seleção simultânea em algumas delas. Assim, o genótipo selecionado deve possuir uma série de caracteres desejáveis sobressaindo-se em relação aos padrões utilizados (Farias, 2005).

Os índices de seleção permitem associar as informações referentes aos diversos caracteres de interesse agrônômico com as propriedades genéticas da população estudada. Com esses índices, obtém-se um valor numérico, que atua como um caráter adicional, resultante da combinação de caracteres selecionados pelo pesquisador, sobre os quais se pretende realizar a seleção simultânea (Cruz e Carneiro, 2003).

Segundo Cruz e Carneiro (2003), o primeiro índice de seleção utilizado no melhoramento vegetal foi proposto por Smith (1936), como critério de seleção simultânea de duas ou mais características correlacionadas. Posteriormente, esse índice foi adaptado para o melhoramento genético animal por Hazel (1943). Para composição desse índice, necessita-se do estabelecimento do valor econômico referente a cada caráter, assim como da obtenção das variâncias genótípicas e fenotípicas, além das covariâncias genótípicas e fenotípicas entre pares de caracteres.

O índice-base foi proposto por Willians (1962); nesse método, o estabelecimento do índice é efetuado por meio da combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, os quais são ponderados por seus pesos econômicos, dispensando as estimativas de variâncias e covariâncias fenotípicas e genótípicas, evitando-se, assim, a interferência de imprecisões dessas matrizes de covariância na obtenção do índice (Cruz e Carneiro, 2003).

O índice de Pesek e Baker (1969) preconiza a utilização de ganhos genéticos desejados para caracteres individuais, em um programa de seleção, para a substituição dos pesos econômicos relativos no cálculo do índice de seleção. Para obtenção desse índice, necessita-se da média dos genótipos e das matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica. Desse modo, calcula-se o coeficiente do índice que resultará em um ganho máximo para cada caráter, conforme a importância relativa assumida na especificação do ganho desejado (Cruz e Carneiro, 2003).

Segundo Farias (2005), além dos índices de Williams (1962) e de Pesek e Baker (1969), várias outras metodologias lineares baseadas na proposta do índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) foram desenvolvidas, destacando-se entre elas: os índices básicos (Brim; Johnson; Cockerham; 1955); os índices básicos modificados (Smith; Hallauer; Russel, 1981); os índices restritos (Kempthorne; Nordskog, 1959; Tallis, 1962; Rao, 1962; Cunnigham; Moen; Gjedrem, 1970) e os índices de resposta à seleção desejada (Tai, 1977).

Os índices paramétricos ou lineares têm como limitação à sua utilização a necessidade de estimativas de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas e/ou o estabelecimento de pesos econômicos relativos a cada caráter. Os índices não paramétricos foram propostos, visando à simples classificação dos genótipos, sem a necessidade de atribuição de pesos econômicos e a estimação de parâmetros (Farias, 2005). Entre eles, estão o índice multiplicativo (Elston, 1963), o índice de soma de postos (Mulamba e Mock, 1978) e o índice de seleção de cultivares (Garcia e Souza Júnior, 1999).

Mulamba e Mock (1978) propuseram um índice baseado na soma de postos, que consiste na classificação dos genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. As posições de cada genótipo referentes a cada caráter são somadas, originando uma medida adicional adotada como índice de seleção (Cruz e Carneiro, 2003). Nesse caso, o genótipo que obtiver o menor valor no índice é tomado como superior. Para utilização desse índice, não é necessária a atribuição de pesos econômicos aos diferentes caracteres, assim como a obtenção de matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas.

Lessa et al. (2010), avaliando diferentes metodologias de índice de seleção não paramétrico na classificação de híbridos diplóides (AA) de bananeira, relataram que os índices de Mulamba e Mock (soma de postos) e de Elston (multiplicativo) foram adequados para a classificação dos híbridos citados.

2.5. Interação entre genótipos e ambientes

A alteração no desempenho relativo dos genótipos, em função da diferença de ambiente, é denominada interação genótipos por ambientes (Borém,

2009). Considerando um caráter como rendimento de grãos, o fenótipo é a expressão da constituição genética do genótipo, do efeito de ambiente e da interação do genótipo com o ambiente. Este último componente ocorre porque os genótipos não têm desempenho consistente nos vários ambientes. A existência da interação está associada a dois fatores. O primeiro, denominado simples, é proporcionado pela diferença entre genótipos. O segundo, denominado complexo, é dado pela falta de correlação entre os genótipos (Cruz et al., 2004). A interação genótipos por ambientes reduz a correlação entre o fenótipo e o genótipo, a baixa correlação indica que o genótipo superior em um ambiente, geralmente, não terá o mesmo desempenho relativo em outro ambiente (Falconer, 1987).

Nos programas de melhoramento, tem sido frequente a avaliação do comportamento de um grupo de cultivares relativo às variações ambientais, considerando-se como ambientes diferentes locais, épocas e anos de plantio e diversos níveis tecnológicos (Cruz et al., 2004).

Coimbra et al. (1999), avaliando os reflexos da interação genótipos por ambiente na cultura do feijoeiro e suas implicações nos ganhos genéticos com diferentes critérios de seleção, concluíram que o componente da interação genótipos por ambiente superestima a predição dos parâmetros genéticos, como , por exemplo, a variância genética e a herdabilidade. Desse modo, esse componente tem grande relevância nas estimativas dos ganhos genéticos, evidenciando que essa influência deve ser considerada na seleção e na recomendação de genótipos específicos nos programas de melhoramento genético da cultura do feijoeiro.

Os efeitos da interação podem ser reduzidos ao se identificarem cultivares específicas para cada ambiente, pela realização de zoneamento ecológico, ou identificação de cultivares com maior estabilidade. O procedimento mais utilizado para contornar as interações genótipos por ambientes tem sido a utilização de cultivares que tenham elevada estabilidade de desempenho em um número considerável de ambientes (Cruz et al., 2004).

2.6. Estabilidade e adaptabilidade

A diversidade de condições ambientais em que o feijoeiro é cultivado requer que os ensaios de competição sejam conduzidos em vários ambientes, para que se tenha uma boa estimativa da interação genótipo por ambiente (Melo et al., 2007). O conhecimento dessa interação é essencial para o melhoramento genético, porém não é suficiente, pois não fornece informações detalhadas do comportamento de cada genótipo em função das variações ambientais (Cruz et al., 2004). Assim, análises da adaptabilidade e da estabilidade são necessárias, pois permitem uma maior segurança na indicação de cultivares (Melo et al., 2007).

A estabilidade refere-se à capacidade de os genótipos terem comportamento altamente previsível em função das variações ambientais. A adaptabilidade pode ser definida como a capacidade de os genótipos responderem, vantajosamente, à melhoria do ambiente, ou, ainda, como a capacidade de os genótipos terem rendimentos elevados e constantes em ambientes desfavoráveis, mas com habilidade de responder à melhoria das condições ambientais (Elias et al., 2007a).

Segundo Cruz et al. (2004), vários métodos que permitem o estudo dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade estão disponíveis, entre eles: Yates e Cochran, 1938; Plaisted e Peterson, 1959; Wricke, 1962; Finlay e Wilkinson, 1963; Eberhart e Russell, 1966; Tai, 1971; Verma et al., 1978; Silva e Barreto, 1985; Wricke e Weber, 1986; Lin e Binns, 1988; Cruz et al., 1989; e Annicchiarico, 1992. Esses métodos fundamentam-se nas interações entre genótipos e ambientes, o mais antigo deles consiste em uma análise de variância conjunta de um experimento conduzido em diversos locais, numa sucessão de anos. Assim são determinados, além dos efeitos de genótipos, locais e anos, os efeitos das interações entre genótipo e local, entre genótipo e ano, e entre genótipo *versus* local *versus* ano (Cruz et al., 2004).

O método proposto por Eberhart e Russell (1966), baseado na análise de regressão linear simples, tem sido utilizado na cultura do feijoeiro por diversos autores (Miranda et al., 1998; Coimbra et al., 1999; Piana et al., 1999; Ribeiro et al., 2004; Oliveira et al., 2006; Buratto et al., 2007; Elias et al., 2007a; Melo et al.,

2007; Rocha et al., 2009) para estimar parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. Eberhart e Russell (1966) definem o genótipo ideal como aquele que tem rendimento médio elevado, comportamento altamente previsível ($\sigma^2_{di}=0$) e ampla adaptabilidade ($\beta_{1i}=1$), ou seja, cujo desempenho melhora em resposta a condições ambientais favoráveis, porém mantém seu rendimento em condições ambientais adversas. Segundo Vencovsky e Barriga (1992), esse método é o mais indicado quando há restrição no número de ambientes.

Outro método bastante utilizado na cultura do feijoeiro é o método de Lin e Binns (1988) e suas modificações propostas por Carneiro (1998) (Backes et al., 2005; Elias et al., 2005; Melo et al., 2007; Pereira et al., 2009; Ribeiro et al., 2009). No método proposto por Lin e Binns (1988), as estimativas de adaptação, adaptabilidade e estabilidade são mensuradas em um único parâmetro, denominado *Pi*. A estatística *Pi* é a diferença em relação ao máximo de cada local elevada ao quadrado, tendo, portanto, propriedade de variância, ou seja, previsibilidade de comportamento. Essa estatística estima a capacidade de resposta dos genótipos em relação a um genótipo hipotético de adaptabilidade geral (Cruz e Carneiro, 2003).

Piana et al. (1999), com o objetivo de identificar genótipos com maior adaptabilidade e estabilidade de rendimento em diferentes condições de ambiente, para direcionar a utilização desses genótipos pelos produtores do Rio Grande do Sul, efetuaram análises de adaptabilidade e estabilidade de 11 genótipos de feijão. Estes genótipos foram avaliados em ensaios conduzidos em 23 municípios do Estado, no período de 1988/89 a 1993/94, compreendendo 72 ambientes. Os autores relataram que, pelo método de regressão linear simples proposto por Eberhart e Russell (1966), nenhum dos 11 genótipos avaliados foi caracterizado como estável; os genótipos Minuano, Macotaço, CNF 5491 e Macanudo foram os mais produtivos e melhor adaptados aos ambientes considerados.

Melo et al. (2007) avaliaram a adaptabilidade e estabilidade de rendimento de 20 genótipos de feijoeiro-comum por meio dos métodos AMMI (análise da interação multiplicativa e dos efeitos principais aditivos), Lin e Binns e Eberhart e Russell. Para isso, utilizaram dados de 22 ensaios conduzidos nos anos de 2002, 2003 e 2004, nos Estados do Paraná, Santa Catarina e São Paulo.

Os autores relataram baixa associação entre os métodos AMMI e Lin e Binns ($r = 0,39$); AMMI e Eberhart e Russell ($r = 0,40$), não detectando correlação entre Lin e Binns e Eberhart e Russell. Os genótipos mais estáveis e produtivos, para tipo de grão comercial carioca, foram as cultivares BRS Requite e a linhagem CNFC 8075, e, para tipo de grão comercial preto, as cultivares BRS Supremo e BRS Campeiro.

2.7. Qualidade tecnológica e nutricional

O registro de uma nova cultivar de feijoeiro-comum junto ao Serviço Nacional de Proteção de Cultivares do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (SNPC/MAPA) requer a determinação da qualidade tecnológica e nutricional dos grãos, fornecida pelas avaliações de tempo de cozimento e teor de proteína bruta. Além disso, devem, também, ser feitas avaliações de descritores morfológicos e caracteres agronômicos, tais como a produtividade e a resistência a doenças (BRASIL, 2001).

Para teor de proteína, genótipos de feijão com valores superiores a 23% são desejáveis, pois se caracterizam por terem alto teor de proteína bruta em grãos (Ramos Júnior e Lemos, 2002; Dalla Corte et al., 2003). Quanto ao tempo de cocção, cultivares com tempo de cozimento inferior a 30 minutos são desejáveis pela economia de energia e tempo no preparo das refeições (Rodrigues et al., 2005).

Segundo Dalla Corte et al. (2003), a qualidade nutricional dos grãos de feijão, assim como a qualidade tecnológica, é determinada pelo genótipo e influenciada pelas condições ambientais predominantes no decorrer do desenvolvimento da planta e dos grãos. O teor de proteína bruta dos grãos de feijão é variável em função do local de cultivo, das condições ambientais e, principalmente, do genótipo avaliado (Lajolo et al., 1996; Lemos et al., 2004; Ramos Júnior et al., 2005; Farinelli e Lemos, 2010), além da época de colheita (Rios et al., 2003).

A qualidade dos grãos de feijão para o cozimento é determinada pelo genótipo, pelo ambiente e pela interação do genótipo com o ambiente (Rodrigues et al., 2005). Além das características do tegumento dos grãos, a qualidade do

grão por ocasião da colheita é determinante para a cocção (Scholz e Fonseca Júnior, 1999). Diversos autores têm relatado a existência da interação genótipos e ambientes para essa característica, sendo observadas diferenças no comportamento de linhagens e cultivares em diferentes locais, anos agrícolas e épocas de semeadura (Lemos et al., 1996; Carbonell et al., 2003; Lemos et al., 2004; Bordin et al., 2010), além do período e das condições de armazenamento dos grãos, tais como temperatura e umidade relativa (Ramos Júnior et al., 2005; Ribeiro et al., 2007; Coelho et al., 2009). O armazenamento realizado em ambientes com temperaturas elevadas e baixa umidade relativa podem favorecer a ocorrência de grãos *hardshell*, que são caracterizados pela impermeabilidade do tegumento à água (Ribeiro et al. 2007).

O SNPC recomenda, para a inscrição das novas cultivares, a avaliação do tempo de cozimento pela utilização do método de Proctor e Watts (1987). O cozedor de Mattson de 25 pinos tem sido utilizado, pois corresponde à pressão exercida pela dona de casa entre os dedos para verificar se os grãos estão cozidos (Costa et al., 2001). Segundo Ribeiro et al. (2007), o estudo realizado por Proctor e Watts (1987) com a cultivar Navy, que tem características diferentes dos tipos comerciais pretos e de cores consumidos no Brasil, leva em consideração o tempo de queda de 23 dos 25 pinos, que corresponde a 92% dos grãos cozidos.

Ribeiro et al. (2007) relatam que diferentes critérios têm sido utilizados para caracterizar o tempo de cozimento dos grãos de feijão, tornando, desse modo, inviável a comparação dos diferentes resultados citados na literatura. Esses autores avaliaram 23 cultivares de feijão, quanto ao tempo de cozimento, visando padronizar a metodologia usada para avaliação dessa característica. Para isso, consideraram o tempo de queda de cada um dos 25 pinos do cozedor de Mattson (Pino1, Pino2,..., Pino25), ou tempo de cozimento de cada grão, e o tempo médio de queda dos i -ésimos primeiros pinos, $i = 1, 2, \dots, 25$ pino. Tal estudo indicou que a precisão experimental é alterada em função do critério utilizado para caracterizar o tempo de cozimento dos grãos, e, de modo geral, a utilização do tempo médio de queda dos pinos do cozedor de Mattson permite melhor discriminação entre as cultivares, em relação ao tempo de queda individual dos pinos. Assim, os autores propõem, como critério a ser adotado na avaliação do tempo de cozimento dos grãos de feijão, a utilização do tempo

médio de queda dos 13 primeiros pinos do cozedor de Mattson de 25 pinos, o que confere maior precisão experimental.

2.8. Divergência genética

O conhecimento da dissimilaridade genética dentro de uma espécie é fundamental, principalmente, na caracterização de genótipos e como critério de seleção de parentais em programas que envolvem cruzamentos (Cruz, 2008).

O melhoramento do feijoeiro baseia-se, sobretudo, na hibridação de genótipos, visando à obtenção de populações segregantes, na qual se realiza a seleção de linhagens superiores. A variabilidade genética de uma população segregante é dependente da divergência genética entre os genitores utilizados nos cruzamentos (Falconer, 1987). Assim, os estudos de divergência genética são de suma importância para a cultura do feijoeiro, pois fornecem parâmetros que permitem a identificação de genótipos que, quando cruzados, possibilitam maior chance de recuperação de linhagens superiores nas gerações segregantes, além do conhecimento da base genética da população (Cruz et al., 2004).

A divergência genética pode ser estudada por meio das diferenças entre os genótipos avaliados, sejam estas morfológicas, agrônômicas, fisiológicas, moleculares, entre outras (Cargnelutti Filho et al., 2008). Diversos autores têm relatado análises de dissimilaridade genética com base em informações obtidas por meio de caracteres morfoagronômicos (Machado et al., 2000; Ferrão et al., 2002; Ribeiro e Storck., 2003; Elias et al., 2007b; Barelli et al., 2009). Outros, porém, preconizam a utilização de marcadores moleculares de DNA como forma mais fidedigna de acessar a divergência entre genótipos (Lefebvre et al., 2001). Nas análises de dissimilaridade genética, os marcadores moleculares de DNA merecem destaque, pois, em relação a outros tipos de marcadores, permitem acessar um maior número de locos polimórficos (Borém e Caixeta, 2006).

Singh et al. (1991) recomendam a integração das análises moleculares com a avaliação de caracteres morfológicos, agrônômicos e bioquímicos, por fornecerem informações complementares, aumentando a eficácia das análises de diversidade genética. Na literatura, são relatados alguns estudos, utilizando-se o algoritmo de Gower (1971) para a quantificação da dissimilaridade genética por

meio da análise conjunta de caracteres quantitativos e qualitativos, em espécies como trigo (Vieira et al., 2007), tomate (Gonçalves et al., 2008), pimenta (Moura et al., 2010) e banana (Mattos et al., 2010).

2.8.1. Marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*)

Com as técnicas de biologia molecular, surgiram vários métodos de detecção de polimorfismo genético diretamente em nível de DNA. Entre eles, podem ser citados os marcadores RFLP (polimorfismos do comprimento dos fragmentos de restrição), minissatélites, RAPD (polimorfismo de DNA amplificado ao acaso), AFLP (polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado), microssatélites ou SSR (sequências simples repetidas) e ISSR (sequências internas simples repetidas) (Borém e Caixeta, 2006).

Esses marcadores moleculares de DNA têm sido utilizados em diversos estudos com espécies de *Phaseolus*, tais como fluxo gênico (Martínez-Castillo et al., 2007), efeitos da domesticação na diversidade genética (Kwak e Gepts, 2009), identificação de espécies e estruturas de populações (Burle et al. 2010), além de análises de variabilidade genética (Alzate-Marin et al., 2003; Carvalho et al., 2008).

A técnica conhecida como ISSR permite a amplificação de segmentos de DNA localizados entre duas sequências microssatélites idênticas orientadas em direções opostas. O princípio dessa metodologia baseia-se na amplificação do DNA por meio da reação de polimerase em cadeia (PCR), usando-se, como iniciadores, sequências de nucleotídeos com 16 a 25 pares de bases, complementares a sítios de microssatélites aleatórios (Zietkiewicz et al., 1994). Esses iniciadores podem ser não ancorados ou ancorados em uma das extremidades (5' ou 3') por uma pequena sequência de um a quatro nucleotídeos. A ancoragem serve para fixar o pareamento do iniciador em uma única posição no sítio alvo, resultando em baixo nível de pareamento inespecífico.

Segundo González et al. (2005), entre os estudos realizados com os marcadores ISSR, estão a detecção de diversidade genética, a identificação de cultivares relacionadas, a análise de processos evolucionários tais como sistemas reprodutivos e fluxo gênico. Esses autores utilizaram marcadores ISSR para

determinar a diferenciação e o nível de diversidade genética entre uma população silvestre e quatro populações domesticadas de feijão-comum da Sierra Norte de Puebla, México. Em suas conclusões, relataram que os marcadores ISSR, além de permitir a distinção entre populações silvestres e domesticadas de feijão, também identificaram polimorfismos dentro de populações.

Galván et al. (2003), usando marcadores moleculares, descreveram diferenças entre dez cultivares argentinas e três cultivares francesas, e amplas diferenças entre os grupos Andino e Mesoamericano. Eles, também, compararam os resultados obtidos com os marcadores ISSR com análises anteriores realizadas com marcadores RAPD e, em suas conclusões, elegeram os marcadores ISSR como os melhores para identificar feijões dos dois grupos, Andino e Mesoamericano.

3. TRABALHOS

3.1. AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM NAS REGIÕES NORTE E NOROESTE DO RIO DE JANEIRO

RESUMO

Este trabalho teve como objetivo a avaliação do potencial agrônômico de 60 linhagens de feijoeiro-comum, visando à identificação das linhagens mais promissoras para composição dos ensaios de valor de cultivo e uso. Dois grupos de 30 linhagens e quatro cultivares foram avaliados em quatro ensaios realizados nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara, no ano de 2008. Cada ensaio foi conduzido em delineamento em blocos ao acaso com três repetições. Os caracteres avaliados foram ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), arquitetura (AR) e acamamento de plantas (AC), severidade de ferrugem (FE), mancha angular (MA), antracnose (A) e crestamento bacteriano comum (CB). Foram realizadas análises de variância individual e conjunta para as características ciclo, PROD, MMG, FE, MA, AC e AR. Por meio da análise de variância conjunta, foi possível detectar diferenças significativas ($P < 0,05$) entre genótipos, ambientes e para a interação entre genótipos e ambientes, nos

dois grupos. O índice de seleção de soma de postos foi utilizado na identificação de linhagens superiores nos dois grupos. Doze linhagens do grupo 1 e 16 linhagens do grupo 2 foram identificadas como superiores quanto à produtividade, massa de mil grãos, acamamento, arquitetura de plantas, e reação aos patógenos da ferrugem e mancha angular. As linhagens 122, 132, 120, 133, 114, 112, 116, 129, 118, 107, 134, 106, 30, 33, 27, 22, 32, 12, 36, 37, 29, 11, 31, 7, 14, 18, 8 e 6 possuem potencial para serem incluídas nos ensaios de valor de cultivo e uso.

ABSTRACT

This study aimed to evaluate the agronomic potential of 60 lines of common bean, in order to identify the most promising ones for the composition of the test of value of cultivation and use (VCU). Two groups of 30 lines and four cultivars were evaluated in four trials conducted in the cities of Campos dos Goytacazes and Itaocara, in 2008. Each test was conducted in a randomized complete block design, with three replications. The following traits were evaluated: cycle, grain yield (PROD), weight of thousand grains (MMG), architecture (AR) and plant lodging (AC), severity of rust (FE), angular leaf spot (MA), anthracnose (A) and common bacterial blight (CB). Individual and combined variance analyses were performed for the traits cycle, PROD, MMG, FE, MA, AC and AR. The analysis of variance allowed to detect significant differences ($P < 0.05$) between genotypes, environments and in the interaction between genotypes and environments in both groups. The sum of ranks selection index was used to identify superior lines in both groups. Twelve lines of group 1 and 16 of group 2 were identified as superior for yield, weight of thousand grains, lodging, plant architecture, and response to pathogens of rust and angular leaf spot. Lines 122, 132, 120, 133, 114, 112, 116, 129, 118, 107, 134, 106, 30, 33, 27, 22, 32, 12, 36, 37, 29, 11, 31, 7, 14, 18, 8 and 6 have the potential to be included in the VCU test.

INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do mundo. Esse fato deve-se à importância dessa cultura na dieta alimentar da grande maioria da população brasileira. Para a safra 2009/2010, a produção nacional foi estimada em 3,32 milhões de toneladas, alcançando rendimento da ordem de 921 kg ha⁻¹ (CONAB, 2011).

A busca por genótipos de feijoeiro com elevado rendimento de grãos e adaptados às diferentes condições de cultivo é uma constante nos programas de melhoramento da cultura. Além da produção, características como arquitetura de planta, resistência a doenças e pragas, e tolerância a diversos fatores abióticos, fazem parte desses programas de melhoramento. O melhoramento genético de plantas é uma das alternativas para melhoria do desempenho produtivo do feijoeiro, por meio da obtenção de cultivares com características agrônômicas desejáveis. Cultivares mais produtivas propiciam um maior retorno econômico para o produtor (Ribeiro et al., 2003).

A obtenção de genótipos superiores para diversos caracteres simultaneamente não é um procedimento fácil; geralmente os caracteres agronomicamente mais importantes são governados por vários genes. Além disso, existe a influência do ambiente e das interações genótipos por ambientes, ressaltando-se, também, as relações existentes entre os diversos caracteres de interesse para o melhoramento. Esse conjunto de fatores pode dificultar o processo de seleção (Oliveira, 2008).

Algumas metodologias, denominadas índices de seleção, visam facilitar a seleção simultânea para vários caracteres de interesse. Tais índices se constituem em um novo caráter obtido pela combinação ótima dos vários caracteres de interesse (Cruz e Carneiro, 2003). Na literatura, são citados alguns métodos com essa finalidade (Garcia e Souza Júnior et al., 1999; Santos e Araújo., 2001; Granate et al., 2002; Santos et al., 2007; Bertini et al., 2010; Lessa et al., 2010). Entre eles, está o índice de soma de postos proposto por Mulamba e Mock (1978). Esse índice é facilmente aplicado, não necessitando da determinação de pesos econômicos e de estimativas de variâncias e

covariâncias, baseando-se na classificação dos genótipos a partir da média de cada característica, em ordem favorável ao melhoramento (Cruz e Carneiro, 2003).

Santos e Araújo (2001), visando à identificação de genótipos de feijão-de-corda com melhor combinação para a produção de grãos, menor comprimento do ramo principal, maior massa de 100 grãos, menor tempo para a maturação, maior número de sementes por vagem e tolerância a *oídio* e *potyvirus*, aplicaram vários índices de seleção (clássico, soma de postos, base, multiplicativo, livre de pesos e parâmetros e dos ganhos desejados). Os autores relataram que os índices soma de postos, multiplicativo e o livre de pesos e parâmetros foram os de mais fácil aplicação e propiciaram progressos satisfatórios para o conjunto de características avaliadas. Bertini et al. (2010) identificaram genótipos superiores de feijão-caupi quanto à produtividade, precocidade e qualidade do grão, por meio da utilização do índice de seleção soma de postos.

Este trabalho teve como objetivo a avaliação do potencial agrônomo de 60 linhagens de feijoeiro-comum, desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético da UENF, visando à identificação das linhagens mais promissoras para composição dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU).

MATERIAL E MÉTODOS

Dois grupos de 30 linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) pertencentes ao programa de melhoramento de feijoeiro-comum da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) foram avaliados neste trabalho. As linhagens do Grupo 1 (Tabela 1) são provenientes dos cruzamentos realizados no ano de 1995. O avanço de gerações foi efetuado utilizando-se o método SSD (*Single Seed Descent*), até a geração F₆, quando, então, foi realizada a seleção de plantas. Cada planta F₆ obtida a partir de uma planta F₂ foi considerada uma linhagem endogâmica recombinada (LER).

Tabela 1 – Linhagens de feijoeiro-comum avaliadas no ano de 2008, em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ

Grupo 1			Grupo 2		
Linhagem	Grupo Comercial	Genealogia	Linhagem	Grupo Comercial	Genealogia
105	Mistura ^{2/}	'Porto Real' x 'Ouro Negro'	5	Preto	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
106	Preto	'Venezuela' x 'Varre-Sai'	6	Preto	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
107	Preto	'Venezuela' x 'Varre-Sai'	7	Preto	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
108	Mistura ^{2/}	'Venezuela' x 'Xodó'	8	Preto	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
109	Outros ^{1/}	'Porto Real' x 'Varre-Sai'	9	Preto	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
110	Outros ^{1/}	'Porto Real' x 'Ouro Negro'	11	Preto	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
111	Outros ^{1/}	'Porto Real' x 'Varre-Sai'	12	Preto	'Xamego' x 'Caraota 260'
112	Rosinha	'Porto Real' x 'Varre-Sai'	13	Outros ^{1/}	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
113	Preto	'Venezuela' x 'Xodó'	14	Preto	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
114	Preto	'Varre-Sai' x 'Xodó'	17	Preto	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
115	Mistura ^{2/}	'Porto Real' x 'Varre-Sai'	18	Outros ^{1/}	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
116	Preto	'Ouro Negro' x 'Varre-Sai'	19	Preto	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
117	Rosinha	'Porto Real' x 'Varre-Sai'	20	Outros ^{1/}	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
118	Preto	'Porto Real' x 'Ouro Negro'	21	Mistura ^{2/}	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
119	Preto	'Porto Real' x 'Ouro Negro'	22	Preto	'Xodó' x 'Precoce 60 dias'
120	Preto	'Porto Real' x 'Ouro Negro'	23	Preto	'Caraota 260' x 'Ouro Negro'
121	Carioca	'Porto Real' x 'Xodó'	24	Preto	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
122	Preto	'Porto Real' x 'Varre-Sai'	25	Preto	'Caraota 260' x 'Ouro Negro'
123	Mistura ^{2/}	'Porto Real' x 'Xamego'	26	Mistura ^{2/}	'Precoce 60 Dias' x 'Moruna'
124	Mistura ^{2/}	'Porto Real' x 'Xamego'	27	Preto	'Precoce 60 Dias' x 'Moruna'
125	Outros ^{1/}	'Porto Real' x 'Xamego'	28	Preto	'Moruna' x 'Rico 23'
126	Mistura ^{2/}	'Porto Real' x 'Ipanema'	29	Preto	'Moruna' x 'Rico 23'
127	Outros ^{1/}	'Porto Real' x 'Ipanema'	30	Preto	'Moruna' x 'Rico 23'
128	Mistura ^{2/}	'Porto Real' x 'Ipanema'	31	Preto	'Moruna' x 'Rico 23'
129	Preto	'Ouro Negro' x 'Xodó'	32	Preto	'Moruna' x 'Rico 23'
130	Outros ^{1/}	'Porto Real' x 'Varre-Sai'	33	Preto	'Moruna' x 'Rico 23'
131	Outros ^{1/}	'Venezuela' x 'Xamego'	34	Mulatinho	'PI 207262' x 'Rico 23'
132	Preto	'Xodó' x 'Ipanema'	35	Preto	'PI 207262' x 'Rico 23'
133	Preto	'Xodó' x 'Ipanema'	36	Preto	'Moruna' x 'Rico 23'
134	Preto	'Porto Real' x 'Ipanema'	37	Preto	'Moruna' x 'Rico 23'

^{1/} Classificados como: vermelho, rajado, pintado, enxofre ou pardo (BRASIL, 2001). ^{2/} Dois ou mais tipos de grão.

As 52 LER selecionadas, juntamente com quatro cultivares, foram avaliadas em ensaios de competição de rendimento, nos anos de 2002 a 2006, no município de Campos dos Goytacazes. Em 2006, o experimento foi conduzido, também, no município de Bom Jesus do Itabapoana, sendo selecionadas as 30 melhores linhagens, com base, principalmente, na produtividade de grãos.

As linhagens do Grupo 2 (Tabela 1) são provenientes dos cruzamentos realizados no ano de 1999. O avanço de gerações foi realizado via SSD. Na geração F_6 foi realizada a seleção de plantas. Cada planta F_6 , obtida a partir de uma planta F_2 , foi considerada uma LER. Em 2006, as 185 LER foram avaliadas, juntamente com quatro cultivares, sendo selecionadas as 30 linhagens mais produtivas (Ribeiro et al., 2009).

Quatro ensaios foram conduzidos para cada grupo de linhagens, no ano de 2008, três ensaios foram instalados no município de Campos dos Goytacazes e um ensaio no município de Itaocara. O município de Campos dos Goytacazes localiza-se na região Norte do Estado do Rio de Janeiro, situa-se a $21^{\circ}45'15''$ Latitude Sul e $41^{\circ}19'28''$ Longitude Oeste, com altitude média de 13 m (IBGE, 2011). Nesse município, dois ensaios foram implantados na área de convênio da UENF com a PESAGRO-RIO: um ensaio no período de abril a agosto (A_1) e outro no período de setembro a dezembro (A_4). No Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo, foi conduzido um ensaio no período de abril a agosto (A_2).

O município de Itaocara está localizado na região Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, situa-se a $21^{\circ}40'09''$ Latitude Sul e $42^{\circ}04'$ Longitude Oeste, com altitude de 60 m (IBGE, 2011). Nessa localidade, um ensaio foi instalado na Estação Experimental na Ilha Barra do Pomba, em área de convênio da UENF com a PESAGRO-RIO, no período de abril a agosto (A_3).

Os ensaios foram conduzidos seguindo um delineamento estatístico em blocos casualizados com testemunhas adicionais, com três repetições. As cultivares Xamego, Porto Real, Xodó e Ipanema foram utilizadas como testemunhas nos dois grupos. Em ambos os experimentos, as parcelas experimentais foram constituídas de quatro linhas de 5m de comprimento, espaçadas de 0,5m, sendo semeadas 14 sementes por metro. As duas linhas centrais constituíram a área útil da parcela, sendo desconsiderados 0,5m de cada extremidade, perfazendo, dessa forma, $4m^2$. Os tratos culturais foram realizados

de acordo com o recomendado para a cultura na região. Porém, visando avaliar a ocorrência natural de doenças, não foi efetuado controle das mesmas.

Em todos os ensaios, as seguintes características foram avaliadas:

a) Severidade de doenças (antracnose, mancha angular, ferrugem e crestamento bacteriano comum) – na avaliação da severidade de doenças, foi utilizada uma escala de notas de 1 a 9, sendo a nota 1 para o fenótipo mais desejável, ou seja, ausência de doença, e 9 para o menos desejável (totalmente infectado) para as principais doenças que ocorreram na cultura (Schoonhoven e Pastor-Corrales, 1987). As avaliações foram realizadas na fase de enchimento dos grãos, observando-se a área útil da parcela.

b) Arquitetura de planta – foi realizada uma avaliação da arquitetura de planta, com notas de 1 (porte ereto, altura da primeira vagem distante do solo, superior a 12 cm, planta compacta e sem guia) a 9 (planta bastante ramificada, maioria das vagens em contato com o solo e excesso de guias). As avaliações foram feitas no estágio de maturação fisiológica (Costa et al., 1990).

c) Acamamento – foi avaliado no estágio de maturação fisiológica, sendo utilizada uma escala de nove graus, onde 1 = nenhuma planta acamada na parcela e 9 = todas as plantas da parcela acamadas (Costa et al., 1990).

e) Ciclo – número de dias transcorridos da emergência até a maturação de colheita (90% das vagens secas) (IPGRI, 2001).

f) Massa de mil grãos – determinada por meio da contagem de mil grãos, em amostras com 12 a 14% de umidade, seguida da pesagem em balança de precisão, expressa em gramas (IPGRI, 2001).

g) Produtividade de grãos – estimada pela produção da área útil de cada parcela experimental, convertida em kg/ha, corrigida para 13% de umidade (BRASIL, 2001).

O Grupo 1 e o Grupo 2 foram analisados separadamente. Os dados das características ciclo, produtividade de grãos (PROD) e massa de mil grãos (MMG) foram submetidos à análise de variância individual para cada ensaio. Os dados originais das características ferrugem (FE), mancha angular (MA), arquitetura (AR) e acamamento de plantas (AC) foram transformados em raiz quadrada de $x + 0,5$, previamente à realização da análise de variância. Para antracnose (A) e crestamento bacteriano comum (CB), foi observada baixa ocorrência, não permitindo a realização de análises estatísticas.

As análises de variância individual foram realizadas conforme o seguinte modelo estatístico (Cruz et al., 2004): $Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$, em que:

Y_{ij} = valor observado no i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ = média geral;

G_i = efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, l + t$), sendo l o número de linhagens e t o número de testemunhas;

B_j = efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, r$);

ε_{ij} = erro experimental.

O teste de homogeneidade das variâncias residuais foi realizado previamente à análise conjunta, obedecendo ao critério de razão máxima igual a sete para o quociente entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (Cruz et al., 2004). As características ciclo, PROD, MMG, FE, MA, AC e AR foram submetidas à análise de variância conjunta, envolvendo os quatro ensaios, considerando-se fixos os efeitos de genótipos e ambientes, conforme o delineamento em blocos casualizados, com três repetições, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{(j)k} + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} = valor observado do i-ésimo genótipo no k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

μ = média geral;

$B/A_{(j)k}$ = efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

G_i = efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, l + t$), sendo l o número de linhagens e t o número de testemunhas;

A_j = efeito do j-ésimo ambiente ($j = 1, 2, \dots, a$);

GA_{ij} = efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j ; e

ε_{ijk} = erro experimental.

Todas as análises foram efetuadas com o auxílio do Programa Genes (Cruz, 2009). As médias originais dos caracteres PROD, MMG, AR e AC, e as notas máximas das avaliações de FE, A, MA e CB foram empregadas no cálculo do índice de soma de postos de Mulamba e Mock (1978), conforme a seguinte expressão: $I_{MMi} = \sum_{j=1}^m n_{ij}$, em que I_{MMi} é o índice de soma de postos e n_{ij} é o número de classificação do genótipo i com relação ao caráter j . Com base no I_{MMi} , foram selecionadas as melhores linhagens do Grupo 1 e do Grupo 2.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio das análises de variância individual, foram detectadas diferenças significativas ($P < 0,05$) entre genótipos para todas as características avaliadas no Grupo 1 (G1), com exceção de FE no ambiente A_4 e PROD nos ambientes A_3 e A_4 (Tabela 2). Também foram detectadas diferenças significativas ($P < 0,05$) entre genótipos para todas as características avaliadas no Grupo 2 (G2), exceto para MA nos ambientes A_1 e A_2 , e para PROD no ambiente A_2 (Tabela 3).

Na Tabela 2, podem ser observadas as médias de genótipos e ambientes para as características avaliadas no Grupo 1. As médias para ciclo nos quatro ambientes variaram de 72,97 dias (A_4) a 78,15 dias (A_1). Quanto à produtividade, observou-se menor média para o ambiente A_1 (1.292,06 kg ha⁻¹) e maior média para o ambiente A_3 (2.218,37 kg ha⁻¹). Para MMG, as médias observadas variaram de 195,58 g (A_1) a 221,87g (A_3). Quanto à FE, observou-se menor média no ambiente A_4 (1,1) e maior média no ambiente A_1 (2,43). Nas avaliações de MA, o ambiente A_2 teve a menor média (1,63) e o A_4 a maior média (4,92). O ambiente A_2 teve menor grau de acamamento com média de 3,59, enquanto o A_3 teve maior grau de acamamento, com média de 6,85. Em relação à AR, a variação observada foi de 3,43 (A_2) a 4,52 (A_3).

Ainda considerando-se o G1, no ambiente A_1 , a linhagem 110 foi a mais precoce com ciclo médio de 74,33 dias, e a linhagem 116 foi a mais tardia com número médio de dias transcorridos da emergência a maturação de colheita de 81,67 dias. Quanto à característica PROD, a linhagem 117 teve o pior desempenho, apenas 900,75 kg ha⁻¹, a linhagem 120 foi a mais produtiva com 2.069,39 kg ha⁻¹. Para MMG, a variação observada foi de 149,00 g (linhagem 130) a 234,67 g (linhagem 112). Em relação à FE, as médias oscilaram de 1 a 5, houve menor ocorrência de MA que FE, a variação observada foi de 1 a 3,33. A linhagem 132 teve menor grau de acamamento (4,0) e as linhagens 120 e 121 tiveram maior grau de acamamento de plantas (8,0). A linhagem 116 teve a pior arquitetura de planta, sua média foi de 5,33. A cultivar Ipanema teve a melhor arquitetura de planta (2,33).

Tabela 2 – Médias de genótipos e ensaios, quadrados médios dos genótipos (QMT) e dos resíduos (QMR), e coeficiente de variação (CV) para as características^{1/} ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), mancha angular (MA), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR) avaliadas em 34 genótipos (Grupo 1) de feijão em ensaios^{2/} conduzidos em Campos dos Goytacazes (A₁, A₂ e A₄) e Itaocara (A₃), em 2008

Genótipos	A ₁							A ₂						
	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
105	79,00	1.855,98	226,67	2,33	1,67	7,33	4,33	72,67	1.731,85	232,00	2,00	2,00	6,33	4,67
106	79,00	1.407,11	191,00	1,67	2,67	7,67	3,67	74,67	1.894,52	190,33	1,67	2,33	3,67	4,33
107	77,00	1.080,68	185,00	3,33	3,00	5,00	3,33	75,67	1.715,47	195,33	3,33	1,67	3,33	3,00
108	79,67	1.072,16	196,00	3,67	2,33	4,67	3,00	72,67	1.777,75	201,00	3,00	1,00	1,67	2,67
109	77,67	948,27	168,00	5,00	1,00	7,00	4,00	73,00	1.329,18	172,33	4,33	1,00	2,67	3,00
110	74,33	983,32	209,00	1,00	2,00	7,67	4,67	73,00	1.867,78	235,00	1,00	1,67	5,00	5,00
111	80,33	1.284,78	175,33	1,33	2,00	7,67	4,33	72,33	2.055,66	199,00	2,00	1,00	4,67	4,00
112	76,00	1.038,07	234,67	2,33	3,00	6,33	3,00	70,33	1.651,62	254,33	4,33	1,33	2,67	3,00
113	79,67	1.301,48	188,00	1,67	1,33	7,67	3,67	74,00	1.734,34	211,00	3,00	1,67	4,67	3,67
114	79,67	1.220,83	192,33	2,67	1,00	4,33	4,00	72,33	1.473,49	206,00	3,00	1,00	2,00	3,33
115	77,67	1.380,49	182,67	2,67	1,00	5,67	3,67	74,67	1.902,72	209,00	2,00	1,00	3,67	3,67
116	81,67	1.592,24	200,33	1,00	1,33	6,67	5,33	76,00	2.162,96	234,33	1,33	1,00	4,33	4,00
117	78,00	900,75	158,33	3,67	1,67	5,67	3,33	73,00	1.503,52	181,67	2,67	1,67	3,00	3,00
118	78,33	1.784,68	218,00	1,67	2,33	7,67	4,67	73,33	1.782,37	232,00	1,33	2,67	5,33	4,33
119	80,00	1.032,51	207,67	1,33	1,00	7,00	4,33	74,33	1.354,17	227,00	1,00	1,33	5,67	4,67
120	75,67	2.069,39	214,00	1,00	2,33	8,00	4,00	71,67	1.981,46	226,00	1,67	2,67	6,00	4,00
121	77,33	1.205,50	191,00	3,00	1,67	8,00	4,33	73,33	1.725,12	213,33	2,33	1,67	5,33	5,00
122	78,00	1.523,67	193,33	1,00	2,33	7,00	3,00	74,67	2.131,99	226,33	1,33	3,33	3,00	3,33
123	77,00	1.492,69	224,00	2,00	1,33	5,67	3,33	73,33	1.531,69	227,00	1,67	1,67	3,67	3,33
124	79,00	1.255,96	194,33	2,67	2,33	4,33	3,67	74,33	1.966,82	222,33	2,33	1,67	2,67	3,33
125	77,33	1.177,69	184,00	3,00	1,33	6,67	3,67	72,67	1.854,42	196,33	2,00	1,00	3,67	3,67

Tabela 2, Cont.

Genótipos	A ₁							A ₂						
	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
126	76,33	1.041,67	193,33	4,00	2,67	6,67	3,00	72,33	1.817,13	193,33	5,00	1,33	2,67	3,00
127	79,67	1.380,56	207,67	3,67	2,33	6,33	4,00	72,00	1.570,91	212,00	2,33	1,33	3,67	3,33
128	76,00	1.272,42	207,00	3,67	3,33	6,67	3,00	71,00	1.348,13	195,33	4,33	1,00	3,00	2,33
129	80,00	1.360,31	218,00	1,67	1,33	7,00	4,00	74,00	1.750,83	237,00	1,33	1,33	3,00	3,33
130	75,67	974,56	149,00	3,00	1,00	7,33	3,33	71,00	1.667,59	155,67	2,67	1,00	2,33	2,67
131	77,00	1.345,31	201,67	1,67	3,00	7,33	4,67	70,67	1.661,33	242,00	1,00	2,00	5,33	4,33
132	78,00	1.521,57	203,33	1,67	1,67	4,00	4,00	73,33	1.540,58	210,00	1,33	2,33	3,67	4,00
133	78,00	1.746,41	187,33	3,00	2,33	5,33	4,00	72,33	1.730,10	189,67	2,33	3,00	2,33	2,33
134	78,33	1.119,91	178,00	2,33	2,00	6,33	3,67	71,33	1.760,19	188,00	3,67	2,33	3,33	2,33
'Xamego'	80,67	1.371,92	185,00	2,33	1,33	4,33	2,67	72,67	1.703,24	189,33	2,33	1,00	2,00	2,00
'Porto Real'	75,00	984,10	222,67	1,67	2,00	6,67	3,33	74,00	1.369,16	231,33	3,33	1,00	3,67	3,67
'Xodó'	80,33	1.278,87	185,33	2,67	1,67	5,00	3,33	72,67	1.546,45	198,67	2,00	1,67	2,33	2,33
'Ipanema'	79,67	924,11	177,67	3,33	1,33	5,00	2,33	75,00	1.651,14	203,33	3,33	1,67	1,67	2,00
Média	78,15	1.292,06	195,58	2,43	1,90	6,34	3,73	73,07	1.713,11	209,92	2,42	1,63	3,59	3,43
CV (%)	2,86	23,89	4,95	12,41	12,85	10,20	7,92	2,45	16,55	7,65	14,09	14,45	15,05	10,19
QMT	9,46*	244.850**	1.116**	0,314**	0,174**	0,19**	0,084**	5,79*	138.292*	1.436**	0,338**	0,164**	0,326**	0,158**
QMR	5,00	95.293	93,78	0,056	0,056	0,093	0,0366	3,22	80.397	257,95	0,0796	0,0631	0,1242	0,0563

Tabela 2, Cont.

Genótipos	A ₃							A ₄						
	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
105	84,00	2.148,75	213,00	1,00	2,00	6,67	5,33	75,00	1.791,45	215,00	1,00	4,33	5,67	4,67
106	76,67	2.076,19	196,00	1,00	3,00	7,00	3,33	73,33	1.980,04	215,33	1,67	6,67	5,00	4,33
107	81,67	2.228,44	222,67	1,67	2,00	6,33	4,00	76,00	2.029,48	213,33	1,00	5,67	5,67	4,33
108	75,67	1.961,45	206,67	1,33	3,00	5,33	3,67	73,67	1.968,12	222,00	1,00	5,00	3,33	3,33
109	79,33	2.045,63	199,33	2,00	2,67	7,67	3,67	73,33	1.770,25	226,33	1,67	5,67	6,00	5,33
110	74,67	2.295,11	232,00	1,00	2,67	8,67	4,67	72,67	1.928,80	250,67	1,00	6,00	6,33	5,67
111	73,67	2.472,96	207,00	1,00	2,67	7,67	5,00	72,00	2.156,08	209,33	1,00	5,67	6,33	4,67
112	70,67	1.941,29	247,33	1,33	3,33	4,67	4,33	70,00	2.040,50	255,67	1,00	6,33	6,00	3,67
113	83,33	1.859,11	217,67	2,00	1,67	7,67	5,33	72,33	1.701,54	200,00	1,00	3,00	6,33	3,33
114	86,00	2.466,30	223,00	2,33	1,67	6,00	5,00	73,33	2.078,22	212,67	1,00	4,67	4,67	4,33
115	80,67	2.463,65	219,33	1,33	2,00	7,67	5,67	76,00	1.834,57	209,00	1,67	3,67	7,00	5,67
116	78,33	2.608,98	226,00	1,00	2,00	6,33	4,67	76,00	1.699,75	242,67	1,00	5,00	7,00	6,33
117	72,67	2.217,94	179,00	2,33	2,67	7,67	3,67	69,00	1.797,40	199,67	1,00	1,67	4,67	3,00
118	76,00	2.294,86	245,33	1,33	2,00	7,33	4,67	75,00	1.819,69	253,33	1,00	6,33	7,00	6,00
119	80,67	1.985,69	231,67	1,00	2,00	8,67	5,67	73,33	2.288,19	255,33	1,00	6,00	7,00	4,67
120	74,00	2.197,45	247,00	1,00	3,00	7,33	4,33	71,67	1.810,38	235,00	1,00	6,00	5,33	4,67
121	79,33	2.338,93	228,33	2,00	3,00	8,00	5,67	74,67	1.773,88	230,67	1,00	5,67	7,00	5,00
122	75,67	2.599,80	250,00	1,33	3,33	6,00	4,33	71,00	2.090,02	220,33	1,00	3,33	5,67	3,67
123	79,00	2.210,08	242,33	1,33	3,00	6,67	5,33	72,00	1.508,53	232,00	1,67	5,00	5,67	4,67
124	72,67	2.001,34	205,33	1,00	2,33	6,00	4,00	75,33	1.998,82	218,67	1,00	5,00	6,33	5,33
125	75,00	2.126,35	206,33	2,00	2,00	7,33	4,00	74,33	1.786,05	210,33	1,00	4,33	5,67	4,67
126	75,00	2.163,34	212,33	2,00	2,67	7,00	5,00	72,67	2.145,83	213,00	1,00	4,00	6,33	4,33
127	76,67	1.938,04	229,67	1,67	2,67	6,33	3,67	75,00	1.931,48	197,00	1,00	5,67	7,00	5,67

Tabela 2, Cont.

Genótipos	A ₃							A ₄						
	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
128	73,67	2.439,06	235,00	1,67	3,33	7,00	4,00	70,00	2.044,96	206,33	1,00	3,67	6,00	3,33
129	85,33	2.218,95	261,33	1,00	2,00	7,67	4,33	74,00	1.688,16	269,67	1,00	5,67	5,67	4,00
130	75,67	2.094,39	177,00	2,00	2,67	6,67	4,00	72,00	2.264,17	199,33	1,00	5,00	5,33	3,67
131	74,00	2.029,47	228,33	1,00	2,67	8,00	5,67	70,00	1.448,16	250,33	1,00	6,33	7,00	6,00
132	81,33	2.435,50	232,33	1,33	3,00	6,33	5,00	69,67	1.913,10	218,00	1,00	2,67	4,67	4,33
133	79,67	2.156,32	226,67	1,00	2,33	6,67	5,00	71,00	1.957,72	212,00	1,00	5,00	4,67	4,00
134	78,67	2.282,84	211,67	1,33	2,33	7,67	4,00	72,00	1.887,78	194,67	1,00	5,00	5,00	4,33
'Xamego'	84,00	2.146,09	194,67	1,33	1,67	5,67	3,67	75,33	1.620,30	189,33	1,00	5,00	4,67	4,33
'Porto Real'	76,67	2.802,11	255,67	2,00	3,33	7,33	5,67	69,67	1.713,71	244,00	1,00	5,33	6,00	4,67
'Xodó'	74,33	2.101,52	208,33	1,33	2,00	4,67	3,00	74,67	1.867,14	208,00	1,67	3,67	5,00	4,33
'Ipanema'	81,33	2.076,66	225,33	1,67	2,67	5,33	4,33	75,00	2.184,44	199,00	1,00	5,33	4,33	2,67
Média	77,82	2.218,37	221,87	1,46	2,51	6,85	4,52	72,97	1.897,61	221,41	1,10	4,92	5,75	4,50
CV (%)	4,91	15,76	5,64	11,87	9,77	4,83	9,23	2,93	17,52	4,98	10,49	17,49	6,78	7,59
QMT	47,58**	142.190	1.239**	0,089*	0,085**	0,118**	0,099*	12,98**	120.389	1.293**	0,023	0,402*	0,12**	0,135**
QMR	14,58	122.259	156,34	0,040	0,041	0,023	0,058	4,56	110.537	121,77	0,026	0,215	0,038	0,039

^{1/} Ciclo em dias, PROD em kg ha⁻¹, MMG em gramas. Na avaliação de severidade de ferrugem e mancha angular, foi utilizada uma escala de notas de 1 (ausência de sintomas) a 9 (sintomas muito severos) (Schoonhoven e Pastor-Corrales, 1987). A avaliação da arquitetura de planta foi realizada com notas de 1 (porte ereto, altura da primeira vagem distante do solo, superior a 12 cm, planta compacta e sem guia) a 9 (planta bastante ramificada, maioria das vagens em contato com o solo e excesso de guias) (Costa et al., 1990). Na avaliação de acamamento, foi utilizada uma escala de nove graus, onde 1 corresponde a nenhuma planta acamada na parcela e 9 a todas as plantas da parcela acamadas (Costa et al., 1990).

^{2/} A₁ e A₄ = Área de convênio da UENF com a Pesagro-Rio; A₂ = Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo e A₃ = Itaocara. A₁, A₂ e A₃: conduzidos no período de abril a agosto/2008 e A₄: conduzido no período de setembro a dezembro/2008.

*, ** Significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Tabela 3 – Médias de genótipos e ensaios, quadrados médios dos genótipos (QMT) e dos resíduos (QMR), e coeficiente de variação (CV) para as características^{1/} ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), mancha angular (MA), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR) avaliadas em 34 genótipos (Grupo 2) de feijão em ensaios^{2/} conduzidos em Campos dos Goytacazes (A₁, A₂ e A₄) e Itaocara (A₃), em 2008

Genótipos	A ₁							A ₂						
	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
5	74,00	1.290,51	221,67	1,00	1,67	4,00	4,00	70,67	1.472,00	235,15	1,67	1,33	4,33	3,33
6	80,67	1.744,51	183,33	1,33	2,67	5,67	4,00	76,00	1.460,24	215,01	1,33	1,67	6,00	5,67
7	79,67	1.501,32	192,67	2,00	1,67	3,33	3,00	77,00	1.253,18	195,95	2,00	1,00	3,00	3,33
8	79,33	1.965,83	192,33	1,33	1,67	4,33	3,67	78,00	1.573,65	193,97	1,00	1,00	6,00	5,33
9	76,33	1.553,54	183,67	1,00	1,00	5,33	4,00	74,33	1.116,19	214,96	1,00	1,00	5,00	4,67
11	79,33	1.591,45	175,00	1,00	2,67	4,33	3,33	70,00	1.583,86	185,02	1,00	1,67	3,00	3,67
12	82,67	1.403,43	203,00	3,33	2,00	3,33	2,33	75,33	1.565,15	213,52	2,33	1,33	3,00	3,00
13	80,00	1.131,10	212,00	1,00	1,33	5,33	4,33	74,67	1.467,09	232,96	1,33	1,00	5,00	5,33
14	77,67	2.008,64	167,67	2,67	1,33	5,67	3,33	75,33	1.677,85	174,60	2,00	1,00	6,00	4,67
17	77,33	1.557,85	199,33	2,00	1,33	3,67	3,67	73,67	1.411,42	209,67	1,00	1,00	5,00	4,67
18	78,00	1.683,03	198,33	1,00	2,00	4,67	4,33	74,67	1.612,96	203,95	1,00	1,33	5,33	5,33
19	74,00	1.852,41	191,00	1,33	1,33	5,33	4,00	76,00	1.219,38	202,91	1,67	1,00	7,00	5,00
20	77,00	1.539,35	212,00	1,00	1,67	4,00	4,00	75,67	1.303,12	233,08	1,00	1,00	5,33	5,00
21	81,67	1.682,55	210,67	1,67	1,00	4,00	3,33	77,67	1.625,84	217,33	1,00	1,00	5,67	5,33
22	78,67	1.838,89	207,67	2,33	1,33	3,67	2,67	74,67	1.571,40	229,34	1,33	1,00	5,00	2,67
23	76,33	1.154,26	187,67	4,33	2,00	5,00	3,67	75,00	1.397,84	227,60	4,67	1,00	5,67	4,67
24	77,00	1.289,90	169,67	2,00	1,67	5,67	3,67	79,00	1.444,79	182,67	1,67	1,33	5,33	4,67
25	77,00	1.617,52	181,33	4,67	3,00	3,67	2,33	77,00	1.391,45	201,63	2,67	1,00	4,00	4,00
26	72,67	1.447,83	238,33	2,00	2,33	4,67	3,67	74,67	1.319,45	246,00	2,00	1,00	4,00	4,33
27	75,67	1.538,28	232,67	2,00	2,33	3,33	2,00	73,67	1.591,67	251,09	1,33	1,33	3,67	3,00
28	79,00	1.143,11	163,00	5,33	1,67	2,33	2,67	73,33	1.172,53	156,76	4,67	1,00	2,00	2,67

Tabela 3, Cont.

Genótipos	A ₁							A ₂						
	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
29	74,67	1.187,48	174,00	4,33	2,00	3,33	2,00	75,00	1.182,02	187,66	5,33	1,33	1,67	2,00
30	75,33	1.743,16	177,00	2,67	2,33	2,67	2,00	71,33	1.594,15	189,26	2,00	1,33	1,67	1,33
31	77,00	1.604,66	163,00	1,33	2,33	3,67	2,67	73,33	1.592,81	173,52	1,33	1,00	4,00	3,67
32	73,33	1.642,57	177,67	4,33	2,33	3,33	1,67	74,00	1.569,99	188,82	3,00	1,33	2,00	2,00
33	76,33	1.465,65	188,00	2,00	2,00	3,33	3,00	75,00	1.649,08	217,89	1,33	1,33	3,00	1,67
34	78,00	1.303,39	189,67	5,33	2,00	6,00	3,33	74,00	1.306,32	186,92	5,67	1,00	3,33	3,33
35	76,33	1.085,32	177,00	4,33	2,00	3,67	2,33	74,33	1.436,71	188,64	6,67	1,33	3,00	3,00
36	78,00	1.344,24	179,67	3,00	2,33	2,33	2,33	73,00	1.405,83	195,16	3,33	1,00	3,00	2,33
37	77,67	1.513,81	166,00	3,67	2,00	3,33	2,33	75,33	1.422,24	175,60	3,00	1,33	4,00	2,67
'Xamego'	79,00	1.350,26	175,33	3,00	1,33	3,00	2,00	74,67	1.363,29	167,17	1,67	1,00	2,00	1,67
'Porto Real'	75,00	1.600,97	221,00	3,33	3,67	4,67	3,33	74,00	1.613,50	229,27	3,33	1,67	5,00	4,00
'Xodó'	74,33	1.802,94	183,67	3,00	1,33	3,33	2,33	74,33	1.384,16	180,55	2,33	1,00	3,67	2,67
'Ipanema'	80,67	1.985,41	216,33	1,67	2,33	4,33	2,33	72,00	1.979,91	236,20	2,00	1,00	3,67	2,33
Média	77,34	1.534,27	191,51	2,54	1,93	4,07	3,05	74,61	1.462,68	204,11	2,31	1,17	4,10	3,62
CV (%)	2,71	19,67	4,67	14,19	17,01	11,18	9,79	3,43	17,23	6,32	10,09	10,59	15,32	12,59
QMT	17,42**	190.930**	1.202**	0,522**	0,121	0,192**	0,161**	11,08*	92.968	1.753**	0,584**	0,024	0,417**	0,377**
QMR	4,39	91.058	80,14	0,082	0,099	0,077	0,047	6,54	63.522	166,47	0,039	0,028	0,143	0,088

Tabela 3, Cont.

Genótipos	A ₃							A ₄						
	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
5	82,33	1.847,86	247,67	1,00	1,33	6,33	6,33	73,67	1.660,59	204,33	1,67	3,00	7,67	6,00
6	81,67	2.078,44	213,67	1,00	2,67	8,33	6,67	75,00	2.033,59	211,00	1,00	4,67	7,00	5,00
7	81,67	2.222,25	228,67	1,67	2,00	4,33	3,67	72,33	1.511,91	181,67	1,00	4,33	5,33	4,67
8	80,67	2.238,47	202,67	1,00	2,33	5,00	6,33	76,00	1.794,64	199,33	1,00	3,67	5,67	4,67
9	83,00	1.950,46	212,00	1,00	2,00	5,33	5,67	75,33	1.562,28	188,33	1,00	4,00	5,00	5,00
11	78,67	2.161,75	225,33	1,33	2,67	7,33	5,00	74,00	1.712,37	204,67	1,00	3,67	5,67	4,67
12	81,67	2.233,74	247,33	1,33	3,00	6,33	4,00	75,67	1.862,61	213,67	1,67	5,67	5,00	3,67
13	82,33	1.532,98	255,00	1,00	1,67	7,00	6,67	75,33	1.348,34	246,67	1,00	4,33	7,00	5,67
14	83,00	2.471,26	226,67	1,33	2,00	7,33	5,33	74,33	2.044,33	216,33	1,00	4,33	6,33	4,33
17	84,67	2.286,43	226,00	1,00	1,67	6,33	6,67	74,00	1.411,32	216,33	1,00	3,33	5,33	4,33
18	77,33	2.313,16	230,33	1,00	2,00	7,00	6,00	74,67	1.593,36	210,67	1,00	4,33	6,00	5,33
19	84,67	2.195,59	222,00	1,00	1,67	8,33	6,33	76,00	1.417,39	212,33	1,00	3,67	6,00	4,33
20	84,33	1.702,34	244,33	1,00	1,00	6,33	6,33	75,00	1.439,42	221,33	1,00	4,00	7,67	6,33
21	82,33	2.227,59	245,33	1,00	1,33	7,00	5,33	74,00	1.452,11	212,33	1,00	3,33	6,00	5,00
22	82,33	2.247,15	239,67	1,00	2,00	7,00	4,33	72,00	1.992,78	226,33	1,00	4,67	5,33	4,33
23	87,33	2.180,73	225,67	2,67	2,00	8,00	6,33	74,33	1.765,58	224,33	1,00	5,67	7,67	5,67
24	79,33	1.908,06	208,00	1,33	3,67	7,33	5,67	72,00	1.572,44	198,33	1,00	6,33	6,67	4,67
25	80,67	2.604,61	228,33	2,00	2,00	7,33	5,33	74,33	1.329,65	198,00	3,33	4,00	6,67	5,00
26	84,67	2.128,27	271,33	1,33	2,33	3,67	4,67	73,67	1.521,90	221,67	1,00	5,33	5,33	5,33
27	77,67	1.935,16	287,67	1,00	4,00	6,33	4,33	72,67	1.728,56	247,00	1,00	6,00	5,67	3,67
28	80,67	2.060,86	219,33	3,33	2,00	6,33	4,33	75,67	2.211,11	219,67	1,00	4,33	6,33	5,00
29	73,00	2.084,17	229,33	1,67	4,67	4,67	3,33	74,33	1.922,19	226,00	1,00	6,67	4,00	3,33
30	73,00	2.343,22	240,67	1,00	3,33	4,00	3,33	69,67	2.291,35	234,00	1,00	1,00	5,00	2,33

Tabela 3, Cont.

Genótipos	A ₃							A ₄						
	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR	Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
31	77,67	2.190,45	212,00	1,00	2,67	7,33	5,33	73,00	2.303,30	210,00	1,00	4,67	6,00	4,33
32	75,67	2.207,91	222,00	3,00	3,67	6,33	3,00	74,33	2.324,02	220,67	1,00	6,00	5,00	4,00
33	76,33	2.315,59	245,67	1,67	3,33	6,00	3,67	70,00	2.364,87	247,33	1,00	3,67	5,33	3,33
34	83,33	1.694,24	230,33	3,00	4,33	8,33	5,67	76,33	1.584,52	220,00	1,00	6,33	7,33	5,33
35	79,00	1.970,10	228,67	2,67	3,67	6,00	4,33	75,33	1.861,66	216,33	1,00	5,67	7,33	5,67
36	82,33	2.412,87	236,67	1,67	2,67	4,33	3,67	75,00	1.957,43	227,00	1,00	5,00	6,00	5,33
37	77,00	2.343,05	192,33	2,00	3,33	6,00	3,67	75,00	2.356,31	206,00	1,00	4,67	5,67	4,33
'Xamego'	80,00	2.528,69	212,67	1,00	2,33	5,33	3,67	74,67	1.666,76	180,67	1,00	3,00	5,67	4,00
'Porto Real'	75,00	2.465,85	253,33	3,33	3,33	6,33	5,00	73,33	2.506,37	238,33	1,00	5,33	6,00	5,67
'Xodó'	77,33	2.140,01	219,00	1,67	2,33	4,67	4,00	74,67	1.919,36	182,33	1,00	4,33	4,67	5,00
'Ipanema'	80,00	2.430,07	257,00	1,00	2,33	5,67	3,67	73,67	1.377,23	199,33	1,00	4,00	4,00	2,00
Média	80,31	2.166,28	231,96	1,56	2,57	6,27	4,93	74,09	1.805,93	214,19	1,11	4,50	5,92	4,63
CV (%)	5,27	15,18	3,82	12,39	11,72	7,00	9,44	1,76	17,37	6,81	6,91	9,58	8,72	6,44
QMT	35,74**	177.951*	1.150**	0,209**	0,231**	0,199**	0,213**	7,18**	349.017**	918,87**	0,068**	0,281**	0,123**	0,175**
QMR	17,93	108.174	78,35	0,045	0,059	0,044	0,065	1,71	98.438	212,57	0,011	0,062	0,065	0,029

^{1/} Ciclo em dias, PROD em kg ha⁻¹, MMG em gramas. Na avaliação de severidade de ferrugem e mancha angular, foi utilizada uma escala de notas de 1 (ausência de sintomas) a 9 (sintomas muito severos) (Schoonhoven e Pastor-Corrales, 1987). A avaliação da arquitetura de planta foi realizada com notas de 1 (porte ereto, altura da primeira vagem distante do solo, superior a 12 cm, planta compacta e sem guia) a 9 (planta bastante ramificada, maioria das vagens em contato com o solo e excesso de guias) (Costa et al., 1990). Na avaliação de acamamento, foi utilizada uma escala de nove graus, onde 1 corresponde a nenhuma planta acamada na parcela e 9 a todas as plantas da parcela acamadas (Costa et al., 1990).

^{2/} A₁ e A₄ = Área de convênio da UENF com a Pesagro-Rio; A₂ = Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo e A₃ = Itaocara. A₁, A₂ e A₃: conduzidos no período de abril a agosto/2008 e A₄: conduzido no período de setembro a dezembro/2008.

*, ** Significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

No ambiente A_2 , as médias para ciclo oscilaram de 70,33 dias (linhagem 112) a 76 dias (linhagem 116). As médias para PROD variaram de 1.329,18 kg ha⁻¹ (linhagem 109) a 2.162,96 kg ha⁻¹ (linhagem 116). Semelhante ao ambiente A_1 , as linhagens 130 e 112 tiveram os valores extremos para MMG, 155,67 g e 254,33 g, respectivamente. A variação observada para FE e MA foi igual ao ambiente A_1 . Para AC, as médias variaram de 1,67 ('Ipanema' e linhagem 108) a 6,33 (linhagem 105). As cultivares Xamego e Ipanema tiveram a menor média (2,0) para AR e as linhagens 110 e 121 a maior média (5,0).

No ambiente A_3 , observou-se uma amplitude de variação de, aproximadamente, 15 dias para a característica ciclo. As médias dos genótipos oscilaram de 70,67 dias (linhagem 112) a 86 dias (linhagem 114). A linhagem 113 teve o pior desempenho para produtividade com média de 1.859,11 kg ha⁻¹. A cultivar Porto Real foi a mais produtiva com 2.802,11 kg ha⁻¹. Novamente a linhagem 130 obteve menor MMG (177 g) e a linhagem 129 teve a maior média observada para essa característica (261,33 g). No ambiente A_3 , observou-se baixa ocorrência de FE e MA, as médias oscilaram de 1,0 a 2,33 e de 1,67 a 3,33, respectivamente. Para AC, a variação observada foi de 4,67 ('Xodó' e linhagem 112) a 8,67 (linhagens 110 e 119). Quanto a AR, as médias oscilaram de 3 a 5,67.

Os valores médios observados para a característica ciclo no ambiente A_4 variaram de 69 dias (linhagem 117) a 76 dias (linhagens 107, 115 e 116). Quanto a PROD, observou-se uma amplitude de variação superior a 800 kg ha⁻¹, a linhagem 131 foi a menos produtiva com média de 1.448,16 kg ha⁻¹ e a linhagem 119 teve o melhor desempenho, com 2.288,19 kg ha⁻¹. Os valores extremos para MMG foram de 189,33 g ('Xamego') e 269,67 g (linhagem 129). No ambiente A_4 , houve baixa ocorrência de ferrugem, com médias oscilando de 1 a 1,67. Para MA, as médias variaram de 1,67 (linhagem 117) a 6,67 (linhagem 106). Quanto a AC, a variação observada foi de 3,33 a 7,0. Para AR, as médias variaram de 2,67 ('Ipanema') a 6,33 (linhagem 116).

Na Tabela 3, estão apresentadas as médias referentes ao Grupo 2. Quanto ao caráter ciclo, as médias dos ambientes oscilaram de 74,09 dias (A_4) a 80,31 dias (A_3). Para a característica PROD, o ambiente A_2 obteve a menor média (1.462,68 kg ha⁻¹) e o ambiente A_3 a maior média (2.166,28 kg ha⁻¹). Para MMG, as médias variaram de 191,51 g (A_1) a 231,96 (A_3). Quanto à FE, a variação observada foi de 1,11 (A_4) a 2,54 (A_1). Para MA, as médias oscilaram de 1,17 (A_2)

a 4,5 (A_4). Menor grau de acamamento foi observado para o ambiente A_1 (4,07), o ambiente A_3 teve a maior média para este caráter (6,27). O ambiente A_1 teve melhor arquitetura de planta, com média de 3,05. Por outro lado, o ambiente A_3 teve a pior arquitetura de planta, com média de 4,93.

No ambiente A_1 , a linhagem 26 foi a mais precoce com número médio de dias transcorridos da emergência à maturação de colheita de 72,67 dias. A linhagem 12 mostrou-se mais tardia com ciclo de 82,67 dias. Quanto ao caráter PROD, a linhagem 35 teve o pior desempenho com $1.085,32 \text{ kg ha}^{-1}$, e a linhagem 14 teve o melhor desempenho ($2.008,64 \text{ kg ha}^{-1}$). Para MMG, a variação observada foi de 163,00 g (linhagens 28 e 31) a 238,33 g (linhagem 26). Quanto à FE, as médias oscilaram de 1,0 a 5,33, as linhagens 28 e 34 tiveram maior severidade de ferrugem. Para MA, as médias variaram de 1,0 a 3,67. As linhagens 28 e 36 tiveram menor acamamento de plantas, com média de 2,33, e a linhagem 34 teve o maior grau de acamamento de plantas, com média igual a 6,00. Para AR, a variação foi de 1,67 (linhagem 32) a 4,33 (linhagens 13 e 18).

No ambiente A_2 , as médias para ciclo oscilaram de 70 dias (linhagem 11) a 79 dias (linhagem 24). As médias para PROD variaram de $1.116,19 \text{ kg ha}^{-1}$ (linhagem 9) a $1.979,91 \text{ kg ha}^{-1}$ (cultivar Ipanema). Para as linhagens 28 e 27, observaram-se os valores extremos para MMG, 156,76 g e 251,09 g, respectivamente. No ambiente A_2 , houve maior ocorrência de ferrugem em relação à mancha angular, as médias oscilaram de 1,0 a 6,67 e de 1,0 a 1,67, respectivamente. Para AC, a variação observada foi de 1,67 a 7,0 e, para AR, foi de 1,33 (linhagem 30) a 5,67 (linhagem 6).

Os valores médios, para a característica ciclo no ambiente A_3 , oscilaram de 73 dias (linhagens 29 e 30) a 87,33 dias (linhagem 23). Para o caráter PROD, observou-se uma amplitude de variação superior a 1.000 kg ha^{-1} , as médias oscilaram de $1.532,98 \text{ kg ha}^{-1}$ (linhagem 13) a $2.604,61 \text{ kg ha}^{-1}$ (linhagem 25). Para MMG, as médias variaram de 192,33 g (linhagem 37) a 287,67 g (linhagem 27). As médias observadas, para FE e MA, oscilaram de 1,0 a 3,33 e de 1,0 a 4,67, respectivamente. Para AC, as médias variaram de 3,67 a 8,33 e, para AR, de 3,0 a 6,67.

No ambiente A_4 , observaram-se médias para ciclo de 69,67 dias (linhagem 30) a 76,33 dias (linhagem 34). As médias, para PROD, oscilaram de $1.329,65 \text{ kg ha}^{-1}$ (linhagem 25) a $2.506,37 \text{ kg ha}^{-1}$ (cultivar Porto Real). A cultivar

Xamego teve menor MMG (180,67 g), e a linhagem 33 teve a maior média para esse caráter (247,33 g). No ambiente A₄, observaram-se médias, para FE, de 1,0 a 3,33, houve maior ocorrência de MA com médias de 1,0 (linhagem 30) a 6,67 (linhagem 29). Para AC, as médias oscilaram de 4,0 a 7,67, e, para AR, de 2,0 ('Ipanema') a 6,33 (linhagem 20).

Após a verificação da homogeneidade de variâncias, considerando-se a razão entre o maior e menor quadrado médio do resíduo das análises de variância individual inferior a sete (Cruz et al. 2004), foi realizada a análise conjunta para as características ciclo, PROD, MMG, FE, MA, AC e AR para os grupos G1 (Tabela 4) e G2 (Tabela 5). Para o caráter ciclo do G2, consideraram-se, apenas, os três ambientes que tiveram homogeneidade de variâncias na realização da análise conjunta.

Por meio da análise de variância conjunta, foi possível detectar diferenças significativas ($P < 0,05$) entre genótipos, ambientes e para a interação entre genótipos e ambientes para as características avaliadas, nos dois grupos, com exceção da interação genótipos por ambientes para as características AC, no G1, e AR nos grupos G1 e G2.

A precisão experimental é um fator importante para que se possam detectar diferenças no potencial dos genótipos. A medida de precisão mais utilizada é o coeficiente de variação experimental (CV), que permite fazer inferência sobre o nível de precisão alcançada. Nas análises conjuntas, os CV observados oscilaram de 3,46 a 17,95% e de 2,72 a 17,25%, para os grupos G1 e G2, respectivamente (Tabelas 4 e 5). Os CV observados indicam boa precisão experimental, possibilitando a detecção de diferenças genéticas entre as linhagens. Esses valores são semelhantes aos relatados, na literatura, para a cultura do feijão (Marques Júnior, 1997).

Tabela 4 – Resumo das análises de variância conjunta para as características ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), mancha angular (MA), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR) de 34 genótipos de feijoeiro-comum (Grupo 1), avaliados em quatro ensaios no Estado do Rio de Janeiro, no ano de 2008

Fonte de variação	GL	Quadrado médio						
		Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
Blocos/Ambientes	8	53,41	868.387,80	993,28	0,1367	0,4191	0,4770	0,1553
Genótipos (G)	33	37,77**	192.325,84**	4.101,93**	0,4150**	0,2905**	0,5224**	0,3114**
Linhagens (L)	29	36,65**	209.194,05**	4.056,93**	0,4581**	0,3132**	0,4361**	0,2572**
Testemunhas (T)	3	49,24**	722,29	5.479,19**	0,0661	0,1140	0,5321**	0,3767**
L vs. T	1	35,70*	277.925,35	1.275,36**	0,2127*	0,1630	2,9957**	1,6882**
Ambientes (A)	3	840,32**	15.251.094,62**	15.636,00**	5,7317**	16,9990**	11,6815**	1,9965**
G x A	99	12,68**	151.132,17**	327,77**	0,1162**	0,1779**	0,0773	0,0546
L x A	87	12,49**	141.140,96*	345,34**	0,1203**	0,1911**	0,0820	0,0499
T x A	9	18,26**	251.874,79**	173,63	0,1072*	0,0897	0,0344	0,0871
L vs. T x A	3	1,38	138.649,41	280,62	0,0265	0,0614	0,0699	0,0950
Resíduo	264	6,84	102.121,93	157,46	0,0520	0,0937	0,0695	0,0475
Média geral		75,50	1.780,29	212,19	1,85	2,74	5,63	4,04
Média linhagens		75,39	1.789,82	212,84	1,83	2,77	5,77	4,13
Média testemunhas		76,31	1.708,81	207,35	2,00	2,54	4,60	3,40
CV (%)		3,46	17,95	5,91	12,60	14,76	9,31	8,76
Maior/menor QMR		4,53	1,52	2,75	3,07	5,27	5,51	1,58

*, ** Significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Tabela 5 – Resumo das análises de variância conjunta para as características ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), mancha angular (MA), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR) de 34 genótipos de feijoeiro-comum (Grupo 2), avaliados em quatro ensaios no Estado do Rio de Janeiro, no ano de 2008

Fonte de variação	GL ^{1/}	GL ^{2/}	Quadrado médio						
			Ciclo	PROD	MMG	FE	MA	AC	AR
Blocos/Ambientes	6	8	18,50	515.126,89	626,35	0,1986	0,1977	0,1752	0,1785**
Genótipos (G)	33	33	16,13**	361.214,83**	3.641,47**	0,8930**	0,3208**	0,5775**	0,7203**
Linhagens (L)	29	29	17,42**	349.603,25**	3.327,13**	0,9678**	0,3097**	0,5909**	0,6838**
Testemunhas (T)	3	3	7,58	239.036,39*	7.878,28**	0,4301**	0,5353**	0,3530**	0,6900**
L vs. T	1	1	4,23	1.064.485,87**	47,13	0,1118	0,0004	0,8622	1,8712**
Ambientes (A)	2	3	310,63**	10.379.179,23**	29.769,09**	4,9918**	19,0225**	7,7323**	5,1638**
G x A	66	99	9,78**	149.884,37**	461,48**	0,1983**	0,1121**	0,1182**	0,0683
L x A	58	87	9,66**	133.538,57**	449,04**	0,2101**	0,1193**	0,1217**	0,0654
T x A	6	9	13,22**	337.024,34**	337,09**	0,1294*	0,0610	0,1105	0,1032
L vs. T x A	2	3	2,95	62.492,82	1.195,14**	0,0624	0,0550	0,0414	0,0464
Resíduo	198	264	4,21	90.298,49	134,39	0,0587	0,0617	0,0822	0,0572
Média geral			75,35	1.742,29	210,44	1,88	2,54	5,09	4,06
Média linhagens			75,39	1.723,64	210,57	1,87	2,54	5,17	4,15
Média testemunhas			75,03	1.882,17	209,51	1,96	2,52	4,5	3,35
CV (%)			2,72	17,25	5,51	13,43	12,31	10,56	9,66
Maior/menor QMR			3,83	1,70	2,71	7,25	3,59	3,26	3,05

^{1/}Graus de liberdade referentes à análise conjunta de três ensaios para a característica ciclo. ^{2/}Graus de liberdade referentes às análises conjuntas das demais características.

*, ** Significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Na Tabela 6, podem-se observar as médias dos genótipos do Grupo 1 para todas as características avaliadas, considerando-se todos os ambientes. A média para ciclo foi de 75,50 dias (Tabela 4) e os valores observados oscilaram de 71,75 dias (linhagem 112) a 78,33 dias (linhagem 129). Quanto à produtividade, a média geral foi de 1.780,29 kg ha⁻¹. A linhagem 109 teve o pior desempenho, com rendimento de 1.523,33 kg ha⁻¹, e a linhagem 122 destacou-se com produtividade de 2.086,37 kg ha⁻¹. Para MMG, a média geral foi de 212,19 g, os valores médios observados variaram de 170,25 g (linhagem 130) a 248 g (linhagem 112). Quanto ao acamamento de plantas, as médias oscilaram de 3,75 (linhagem 108) a 7,08 (linhagens 119 e 121). Para a arquitetura, as médias variaram de 2,83 ('Ipanema') a 5,17 (linhagem 131).

As médias dos genótipos do Grupo 2 para todas as características avaliadas, considerando-se os quatro ensaios, estão apresentadas na Tabela 7. Os valores observados para o caráter ciclo oscilaram de 72,33 dias (linhagem 30) a 78,92 dias (linhagem 21). A média geral obtida para produtividade foi de 1.742,29 kg ha⁻¹ (Tabela 5). As linhagens 13 e 14 tiveram os valores médios extremos observados para esta característica, 1.369,88 kg ha⁻¹ e 2.050,52 kg ha⁻¹, respectivamente. Quanto ao caráter MMG, as médias oscilaram de 183,96 g ('Xamego') a 254,61 g (linhagem 27), a média geral foi de 210,44 g.

Quanto ao acamamento de plantas, as médias oscilaram de 3,33 (linhagem 30) a 6,75 (linhagem 6). A linhagem 30, além de ter o menor grau de acamamento, foi, também, a que teve a melhor arquitetura de plantas com nota média de 2,25. No outro extremo, a linhagem 13 teve a pior arquitetura com nota média de 5,5.

Na Tabela 8, podem ser observadas as notas máximas para severidade de doenças no grupo G1. Quanto à ocorrência natural de doenças, houve maior incidência de ferrugem e de mancha angular. Na avaliação de mancha angular, as notas máximas variaram de 4 a 7, ou seja, nenhum genótipo foi considerado resistente à doença, de acordo com classificação de Schoonhoven e Pastor-Corrales (1987), apresentada no Quadro 1. Vinte e um genótipos tiveram sintomas moderados, sendo classificados como intermediários ou moderadamente resistentes, e 13 genótipos mostraram-se suscetíveis ao patógeno. As cultivares Xamego, Xodó e Ipanema tiveram sintomas moderados e a cultivar Porto Real teve sintomas severos.

Tabela 6 – Valores médios das características ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), antracnose (A), mancha angular (MA), crestamento bacteriano comum (CB), acamamento (AC) e arquitetura de planta (AR) de 30 linhagens (Grupo 1) e quatro testemunhas^{1/} de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2008

Genótipos	Ciclo (dias)	PROD (kg ha ⁻¹)	MMG (g)	FE	A	MA	CB	AC	AR
105	77,67	1.882,01	221,67	1,58	1,17	2,50	1,00	6,50	4,75
106	75,92	1.839,46	198,17	1,50	1,25	3,67	1,17	5,83	3,92
107	77,58	1.763,52	204,08	2,33	1,42	3,08	1,00	5,08	3,67
108	75,42	1.694,87	206,42	2,25	1,25	2,83	1,08	3,75	3,17
109	75,83	1.523,33	191,50	3,25	1,00	2,58	1,17	5,83	4,00
110	73,67	1.768,75	231,67	1,00	1,00	3,08	1,00	6,92	5,00
111	74,58	1.992,37	197,67	1,33	1,25	2,83	1,25	6,58	4,50
112	71,75	1.667,87	248,00	2,25	1,33	3,50	1,00	4,92	3,50
113	77,33	1.649,12	204,17	1,92	1,00	1,92	1,00	6,58	4,00
114	77,83	1.809,71	208,50	2,25	1,25	2,08	1,00	4,25	4,17
115	77,25	1.895,36	205,00	1,92	1,50	1,92	1,25	6,00	4,67
116	78,00	2.015,98	225,83	1,08	1,00	2,33	1,00	6,08	5,08
117	73,17	1.604,90	179,67	2,42	1,00	1,92	1,00	5,25	3,25
118	75,67	1.920,40	237,17	1,33	1,00	3,33	1,17	6,83	4,92
119	77,08	1.665,14	230,42	1,08	1,17	2,58	1,00	7,08	4,83
120	73,25	2.014,67	230,50	1,17	1,00	3,50	1,00	6,67	4,25
121	76,17	1.760,86	215,83	2,08	1,25	3,00	1,00	7,08	5,00
122	74,83	2.086,37	222,50	1,17	1,25	3,08	1,00	5,42	3,58
123	75,33	1.685,75	231,33	1,67	1,50	2,75	1,25	5,42	4,17
124	75,33	1.805,74	210,17	1,75	1,00	2,83	1,00	4,83	4,08
125	74,83	1.736,13	199,25	2,00	1,25	2,17	1,00	5,83	4,00
126	74,08	1.791,99	203,00	3,00	1,25	2,67	1,00	5,67	3,83
127	75,83	1.705,25	211,58	2,17	1,42	3,00	1,00	5,83	4,17
128	72,67	1.776,15	210,92	2,67	1,25	2,83	1,00	5,67	3,17
129	78,33	1.754,56	246,50	1,25	1,25	2,58	1,00	5,83	3,92
130	73,58	1.750,18	170,25	2,17	1,17	2,42	1,00	5,42	3,42
131	72,92	1.621,07	230,58	1,17	1,00	3,50	1,00	6,92	5,17
132	75,58	1.852,69	215,92	1,33	1,00	2,42	1,00	4,67	4,33
133	75,25	1.897,64	203,92	1,83	1,25	3,17	1,00	4,75	3,83
134	75,08	1.762,68	193,08	2,08	1,00	2,92	1,00	5,58	3,58
T1	78,17	1.710,39	189,58	1,75	1,17	2,25	1,00	4,17	3,17
T2	73,83	1.717,27	238,42	2,00	1,17	2,92	1,00	5,92	4,33
T3	75,50	1.698,50	200,08	1,92	1,42	2,25	1,17	4,25	3,25
T4	77,75	1.709,09	201,33	2,33	1,25	2,75	1,00	4,08	2,83

^{1/} T1 = 'Xamego', T2 = 'Porto Real', T3 = 'Xodó', T4 = 'Ipanema'.

Na avaliação da reação a doenças, foi utilizada uma escala de notas de 1 (ausência de sintomas) a 9 (sintomas muito severos) (Schoonhoven e Pastor-Corrales, 1987). A avaliação da arquitetura de planta foi realizada com notas de 1 (porte ereto, altura da primeira vagem distante do solo, superior a 12 cm, planta compacta e sem guia) a 9 (planta bastante ramificada, maioria das vagens em contato com o solo e excesso de guias) (Costa et al., 1990). Na avaliação de acamamento foi utilizada uma escala de nove graus, onde 1 corresponde a nenhuma planta acamada na parcela e 9 a todas as plantas da parcela acamadas (Costa et al., 1990).

Tabela 7 – Valores médios das características ciclo, produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), ferrugem (FE), antracnose (A), mancha angular (MA), crestamento bacteriano comum (CB), acamamento (AC) e arquitetura de planta (AR) de 30 linhagens (Grupo 2) e quatro testemunhas^{1/} de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2008

Genótipo	Ciclo (dias)	PROD (kg ha ⁻¹)	MMG (g)	FE	A	MA	CB	AC	AR
5	75,17	1.567,74	227,20	1,33	1,92	1,83	1,00	5,58	4,92
6	78,33	1.829,20	205,75	1,17	1,00	2,92	1,00	6,75	5,33
7	77,67	1.622,17	199,74	1,67	1,75	2,25	1,08	4,00	3,67
8	78,50	1.893,15	197,08	1,08	1,67	2,17	1,17	5,25	5,00
9	77,25	1.545,62	199,74	1,00	1,50	2,00	1,08	5,17	4,83
11	75,50	1.762,36	197,51	1,08	1,25	2,67	1,00	5,08	4,17
12	78,83	1.766,23	219,38	2,17	1,67	3,00	1,17	4,42	3,25
13	78,08	1.369,88	236,66	1,08	1,25	2,08	1,00	6,08	5,50
14	77,58	2.050,52	196,32	1,75	1,00	2,17	1,17	6,33	4,42
17	77,42	1.666,76	212,84	1,25	1,17	1,83	1,00	5,08	4,83
18	76,17	1.800,63	210,82	1,00	1,33	2,42	1,17	5,75	5,25
19	77,67	1.671,19	207,06	1,25	1,58	1,92	1,17	6,67	4,92
20	78,00	1.496,06	227,69	1,00	1,25	1,92	1,00	5,83	5,42
21	78,92	1.747,02	221,42	1,17	1,33	1,67	1,00	5,67	4,75
22	76,92	1.912,55	225,75	1,42	1,75	2,25	1,00	5,25	3,50
23	78,25	1.624,60	216,32	3,17	1,25	2,67	1,08	6,58	5,08
24	76,83	1.553,80	189,67	1,50	1,00	3,25	1,00	6,25	4,67
25	77,25	1.735,80	202,32	3,17	1,00	2,50	1,00	5,42	4,17
26	76,42	1.604,36	244,33	1,58	1,00	2,75	1,00	4,42	4,50
27	74,92	1.698,42	254,61	1,33	1,00	3,42	1,08	4,75	3,25
28	77,17	1.646,90	189,69	3,58	1,18	2,25	1,00	4,25	3,67
29	74,25	1.593,96	204,25	3,08	1,25	3,67	1,00	3,42	2,67
30	72,33	1.992,97	210,23	1,67	1,00	2,00	1,00	3,33	2,25
31	75,25	1.922,80	189,63	1,17	1,25	2,67	1,25	5,25	4,00
32	74,33	1.936,12	202,29	2,83	1,00	3,33	1,08	4,17	2,67
33	74,42	1.948,80	224,72	1,50	1,17	2,58	1,08	4,42	2,92
34	77,92	1.472,12	206,73	3,75	1,00	3,42	1,17	6,25	4,42
35	76,25	1.588,45	202,66	3,67	1,25	3,17	1,08	5,00	3,83
36	77,08	1.780,09	209,62	2,25	1,50	2,75	1,00	3,92	3,42
37	76,25	1.908,85	184,98	2,42	1,17	2,83	1,00	4,75	3,25
T1	77,08	1.727,25	183,96	1,67	1,17	1,92	1,08	4,00	2,83
T2	74,33	2.046,67	235,49	2,75	1,33	3,50	1,00	5,50	4,50
T3	75,17	1.811,62	191,39	2,00	1,33	2,25	1,00	4,08	3,50
T4	76,58	1.943,16	227,22	1,42	1,17	2,42	1,08	4,42	2,58

^{1/} T1 = 'Xamego', T2 = 'Porto Real', T3 = 'Xodó', T4 = 'Ipanema'.

Na avaliação da reação a doenças, foi utilizada uma escala de notas de 1 (ausência de sintomas) a 9 (sintomas muito severos) (Schoonhoven e Pastor-Corrales, 1987). A avaliação da arquitetura de planta foi realizada com notas de 1 (porte ereto, altura da primeira vagem distante do solo, superior a 12 cm, planta compacta e sem guia) a 9 (planta bastante ramificada, maioria das vagens em contato com o solo e excesso de guias) (Costa et al., 1990). Na avaliação de acamamento, foi utilizada uma escala de nove graus, onde 1 corresponde a nenhuma planta acamada na parcela e 9 a todas as plantas da parcela acamadas (Costa et al., 1990).

Tabela 8 – Médias (X) e classes (C)^{1/} dos caracteres produtividade (PROD), massa de mil grãos (MMG), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR). Notas máximas de ferrugem (FE), antracnose (A), mancha angular (MA) e crestamento bacteriano comum (CB) para o cálculo do índice de soma de postos (I_{MMi}) em linhagens (L) de feijoeiro-comum (Grupo 1)

L	PROD		MMG		AC		AR		FE	A	MA	CB	I _{MMi}
	X	C ^{1/}	X	C ^{1/}	X	C ^{1/}	X	C ^{1/}					
122	2.086,37	1	222,50	8	5,42	9	3,58	5	2	4	5	1	35
132	1.852,69	9	215,92	10	4,67	3	4,33	13	3	1	7	1	47
120	2.014,67	3	230,50	5	6,67	17	4,25	12	2	1	7	1	48
133	1.897,64	6	203,92	17	4,75	4	3,83	7	4	4	7	1	50
114	1.809,71	11	208,50	14	4,25	2	4,17	11	3	4	5	1	51
124	1.805,74	12	210,17	13	4,83	5	4,08	10	3	1	6	1	51
112	1.667,87	25	248,00	1	4,92	6	3,50	4	5	3	7	1	52
116	2.015,98	2	225,83	7	6,08	14	5,08	20	2	1	5	1	52
129	1.754,56	19	246,50	2	5,83	12	3,92	8	2	4	6	1	54
108	1.694,87	23	206,42	15	3,75	1	3,17	1	7	2	4	2	55
128	1.776,15	14	210,92	12	5,67	11	3,17	1	6	4	6	1	55
118	1.920,40	5	237,17	3	6,83	18	4,92	18	2	1	7	3	57
105	1.882,01	8	221,67	9	6,50	15	4,75	16	3	3	5	1	60
107	1.763,52	16	204,08	17	5,08	7	3,67	6	4	4	6	1	61
126	1.791,99	13	203,00	18	5,67	11	3,83	7	6	1	6	1	63
134	1.762,68	17	193,08	21	5,58	10	3,58	5	4	1	6	1	65
115	1.895,36	7	205,00	16	6,00	13	4,67	15	3	4	4	4	66
106	1.839,46	10	198,17	20	5,83	12	3,92	8	3	4	7	3	67
110	1.768,75	15	231,67	4	6,92	19	5,00	19	1	1	7	1	67
123	1.685,75	24	231,33	5	5,42	9	4,17	11	3	4	7	4	67
130	1.750,18	20	170,25	24	5,42	9	3,42	3	5	3	6	1	71
111	1.992,37	4	197,67	20	6,58	16	4,50	14	3	4	7	4	72
117	1.604,90	29	179,67	23	5,25	8	3,25	2	4	1	4	1	72
125	1.736,13	21	199,25	19	5,83	12	4,00	9	3	4	5	1	74
127	1.705,25	22	211,58	11	5,83	12	4,17	11	6	4	7	1	74
113	1.649,12	27	204,17	17	6,58	16	4,00	9	5	1	5	1	81
119	1.665,14	26	230,42	6	7,08	20	4,83	17	2	3	6	1	81
121	1.760,86	18	215,83	10	7,08	20	5,00	19	4	4	6	1	82
131	1.621,07	28	230,58	5	6,92	19	5,17	21	2	1	7	1	84
109	1.523,33	30	191,50	22	5,83	12	4,00	9	6	1	7	3	90

^{1/}C = classificação por ordem de mérito em relação a cada característica considerada. Para ferrugem, antracnose, mancha angular e crestamento bacteriano comum foram utilizadas as notas máximas para a determinação das classes.

Em negrito, estão destacadas as linhagens selecionadas.

Quadro 1 – Escala geral para avaliar a reação de germoplasma de feijão a patógenos bacterianos e fúngicos.

Severidade	Reação	Descrição
1, 2 e 3	Resistente	Ausência de sintomas ou sintomas muito leves
4, 5 e 6	Intermediário	Sintomas visíveis e moderados
7, 8 e 9	Suscetível	Sintomas severos a muito severos que causam perdas consideráveis em rendimento ou a morte da planta

Fonte: Schoonhoven e Pastor-Corrales (1987).

Na avaliação de ferrugem, as notas máximas oscilaram de 1 a 7. Dezoito genótipos foram classificados como resistentes, incluindo a cultivar Xamego, pois não foram observados sintomas da doença. Quinze genótipos tiveram sintomas moderados, entre eles as cultivares Porto Real, Xodó e Ipanema, e apenas a linhagem 108 teve sintomas severos, sendo classificada como suscetível ao patógeno. Nas avaliações de antracnose e crestamento bacteriano comum, observou-se baixa severidade, com notas variando de 1 a 4, provavelmente em decorrência de condições climáticas desfavoráveis para os patógenos causadores dessas enfermidades e/ou baixo inóculo desses patógenos.

As notas máximas das avaliações de ocorrência de doenças do Grupo 2 estão apresentadas na Tabela 9. Quanto à severidade de doenças, de maneira análoga ao Grupo 1, no Grupo 2, também, houve maior ocorrência de ferrugem e mancha angular, e baixa ocorrência de antracnose e crestamento bacteriano comum. Nas avaliações de antracnose em 12 genótipos, observaram-se sintomas moderados e, em 22 genótipos, observaram-se ausência de sintomas ou sintomas muito leves. Quanto ao crestamento bacteriano comum, os sintomas foram muito leves ou ausentes em todos os genótipos, provavelmente em decorrência de condições climáticas desfavoráveis para os patógenos causadores dessas enfermidades e/ou baixo inóculo desses patógenos.

Na avaliação de ferrugem, as notas máximas oscilaram de 1 a 7. Em 19 genótipos, incluindo a cultivar Xamego, não foram observados sintomas, sendo classificados como resistentes, conforme Schoonhoven e Pastor-Corrales (1987) (Quadro1).

Tabela 9 – Médias (X) e classes (C)^{1/} dos caracteres produtividade (PROD), massa de mil grãos (MMG), acamamento (AC) e arquitetura de plantas (AR). Notas máximas de ferrugem (FE), antracnose (A), mancha angular (MA) e crestamento bacteriano comum (CB) para o cálculo do índice de soma de postos (I_{MMi}) em linhagens (L) de feijoeiro-comum (Grupo 2)

L	PROD		MMG		AC		AR		FE	A	MA	CB	I _{MMi}
	X	C ^{1/}	X	C ^{1/}	X	C ^{1/}	X	C ^{1/}					
30	1.992,97	2	210,17	13	3,33	1	2,25	1	3	1	7	1	29
33	1.948,80	3	224,67	7	4,42	7	2,92	3	3	3	7	2	35
27	1.698,42	16	254,67	1	4,75	8	3,25	4	3	1	7	2	42
22	1.912,55	6	225,83	6	5,25	12	3,50	6	4	4	5	1	44
32	1.936,12	4	202,33	18	4,17	5	2,67	2	6	1	7	2	45
12	1.766,23	12	219,42	9	4,42	7	3,25	4	4	4	6	3	49
36	1.780,09	11	209,67	13	3,92	3	3,42	5	5	4	7	1	49
26	1.604,36	22	244,33	2	4,42	7	4,50	12	3	1	6	1	54
37	1.908,85	7	185,00	24	4,75	8	3,25	4	4	1	7	1	56
21	1.747,02	14	221,42	8	5,67	15	4,75	14	1	3	4	1	60
29	1.593,96	23	204,17	16	3,42	2	2,67	2	6	4	7	1	61
11	1.762,36	13	197,50	20	5,08	10	4,17	10	2	3	5	1	64
31	1.922,80	5	189,67	23	5,25	12	4,00	9	2	4	7	2	64
7	1.622,17	21	199,75	19	4,00	4	3,67	7	3	4	5	2	65
14	2.050,52	1	196,25	22	6,33	20	4,42	11	3	1	5	2	65
17	1.666,76	18	212,83	11	5,08	10	4,83	15	4	3	4	1	66
25	1.735,80	15	202,33	18	5,42	13	4,17	10	6	1	4	1	68
18	1.800,63	10	210,83	12	5,75	16	5,25	19	1	3	5	3	69
5	1.567,74	25	227,25	5	5,58	14	4,92	16	2	5	3	1	71
8	1.893,15	8	197,08	21	5,25	12	5,00	17	2	5	4	2	71
28	1.646,90	19	189,67	23	4,25	6	3,67	7	6	3	7	1	72
6	1.829,20	9	205,83	15	6,75	23	5,33	20	2	1	5	1	76
35	1.588,45	24	202,75	17	5,00	9	3,83	8	7	4	7	2	78
20	1.496,06	28	227,67	4	5,83	17	5,42	21	1	4	5	1	81
9	1.545,62	27	199,75	19	5,17	11	4,83	15	1	4	5	1	83
19	1.671,19	17	207,00	14	6,67	22	4,92	16	2	5	5	3	84
13	1.369,88	30	236,67	3	6,08	18	5,50	22	2	4	5	1	85
23	1.624,60	20	216,33	10	6,58	21	5,08	18	6	4	6	2	87
34	1.472,12	29	206,75	14	6,25	19	4,42	11	7	1	7	3	91
24	1.553,80	26	189,67	23	6,25	19	4,67	13	3	1	7	1	93

^{1/}C = classificação por ordem de mérito em relação a cada característica considerada. Para ferrugem, antracnose, mancha angular e crestamento bacteriano comum foram utilizadas as notas máximas para a determinação das classes.

Em negrito, estão destacadas as linhagens selecionadas.

Treze genótipos, entre eles 'Porto Real', 'Xodó' e 'Ipanema', foram considerados moderadamente resistentes ao patógeno, pois os sintomas foram moderados. Apenas as linhagens 34 e 35 tiveram sintomas severos, sendo consideradas suscetíveis.

Na avaliação de mancha angular, as notas máximas oscilaram de 3 a 7. Apenas a linhagem 5 foi considerada resistente. Vinte e sete genótipos foram classificados como intermediários, incluindo as cultivares Xamego, Xodó e Ipanema. Seis genótipos, entre eles a cultivar Porto Real, foram considerados suscetíveis ao patógeno.

As notas máximas de severidade de doenças, assim como as médias das análises conjuntas dos quatro ensaios para os caracteres produtividade, massa de mil grãos, acamamento e arquitetura, foram utilizadas para a obtenção do índice de soma de postos (Mulamba e Mock, 1978), considerando-se os Grupos 1 e 2 separadamente.

O índice de soma de postos foi obtido por meio da soma do número relativo à classificação de cada linhagem para cada característica (Tabelas 8 e 9). Para os caracteres PROD e MMG, as linhagens de classe 1 foram aquelas de maiores médias, no caso do G1, a linhagem 122 com 2.086,37 kg ha⁻¹ e a linhagem 112 com 248 g (Tabela 8), respectivamente. Para os caracteres acamamento e arquitetura de plantas, as linhagens de classe 1 foram aquelas de menores médias, sendo que a linhagem 108 (G1) obteve menor média em ambos os casos, 3,75 e 3,17, respectivamente. A linhagem 128, também, recebeu classificação 1 no quesito arquitetura, pois teve média igual à linhagem 108.

Para ferrugem, antracnose, mancha angular e crestamento bacteriano comum, foram utilizadas as notas máximas ao invés das notas médias. Esse procedimento foi adotado para garantir uma maior discriminação das linhagens quanto à reação às doenças avaliadas, pois, para que ocorra infecção por um determinado patógeno, três fatores são necessários: a presença de inóculo do patógeno, condições climáticas favoráveis ao seu desenvolvimento e a suscetibilidade do hospedeiro. Assim, nos ambientes onde não ocorreu infecção por determinado patógeno, pode-se afirmar que um dos três fatores citados anteriormente estava ausente e não, necessariamente, que os genótipos avaliados são resistentes.

No caso de doenças, a classificação correspondeu à nota máxima observada; desse modo, as linhagens com nota máxima para determinada doença igual a 1 foram classificadas como 1. Assim, o valor do índice de cada linhagem foi obtido somando-se as classificações para todas as características, como podem ser observados nas Tabelas 8 e 9 para os Grupos 1 e 2, respectivamente. As melhores linhagens foram aquelas que tiveram os menores índices.

Os índices de soma de postos obtidos no G1 variaram de 35, para a linhagem 122 considerada a melhor deste grupo de acordo com esse índice, a 90, valor observado para a linhagem 109. Por meio do índice de soma de postos, foram selecionadas doze linhagens do G1 (Tabela 8, em negrito). Necessariamente, não foram consideradas as doze linhagens melhor classificadas, pois as linhagens 124, 108, 128, 105, 126 e 115 foram descartadas neste processo de seleção por possuírem atributos de grão indesejáveis, ou seja, tipo de grão não comercial ou variação da cor do tegumento do grão.

A linhagem 30 obteve o menor índice de soma de postos no G2, sendo, portanto, considerada a linhagem de melhor desempenho de acordo com essa metodologia. A linhagem 24 ficou em última colocação, com índice igual a 93. As linhagens 26 e 21 foram excluídas do processo de seleção por possuírem atributos de grão indesejáveis. Após a exclusão das linhagens 26 e 21, as treze linhagens de melhor desempenho no índice de soma de postos foram selecionadas (Tabela 9, em negrito), além das linhagens 18, 8 e 6 que foram incluídas nesse grupo por terem produtividade de grãos superior a 1.800 kg ha^{-1} .

As linhagens 122, 132, 120, 133, 114, 112, 116, 129, 118, 107, 134, 106, 30, 33, 27, 22, 32, 12, 36, 37, 29, 11, 31, 7, 14, 18, 8 e 6 foram selecionadas para compor os ensaios de valor de cultivo e uso.

CONCLUSÕES

1. Por meio das análises de variância conjunta, foi possível verificar a existência de diferenças significativas entre genótipos, ambientes e para a

interação genótipos por ambientes, para as características avaliadas nos Grupos 1 e 2.

2. O índice de Mulamba e Mock (1978) possibilitou a identificação de 12 linhagens superiores no Grupo 1 e 16 linhagens, no Grupo 2, quanto à produtividade, massa de mil grãos, acamamento e arquitetura de plantas, e reação aos patógenos da ferrugem e mancha angular.

3. As linhagens 122, 132, 120, 133, 114, 112, 116, 129, 118, 107, 134, 106, 30, 33, 27, 22, 32, 12, 36, 37, 29, 11, 31, 7, 14, 18, 8 e 6 possuem potencial para serem incluídas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bertini, C.H.C.M., Almeida, W.S., Silva, A.P.M., Silva, J.W.L., Teófilo, E.M. (2010) Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. *Acta Scientiarum. Agronomy*, Maringá, 32(4): 613-619.
- BRASIL (2001) Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Anexo IV. *Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão (Phaseolus vulgaris), para a inscrição no registro nacional de cultivares – RNC*. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/snpc>. Acesso em 20/03/2008.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento (2011) *Acompanhamento da safra brasileira: grãos, oitavo levantamento, maio/2011*. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em 19/06/2011.
- Costa, J.G.C., Rava, C.A., Sartorato, A.; Puríssimo, J.D. (1990) Catálogo de Linhagens de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do CNPAF: reação às principais doenças e avaliação de características agrônômicas. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, Documentos 32, 31p.
- Cruz, C.D. (2009) *Programa GENES – Aplicativo computacional em genética e estatística*. Versão Windows 2009.7.0. UFV, Viçosa

- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV, 579p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, v.1, 480p.
- Garcia, A.A.F., Souza Júnior, C.L. (1999) Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. *Bragantia*, Campinas, 58: 253-267.
- Granate, M.J., Cruz, C.D., Pacheco, C.A.P. (2002) Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho-pipoca CMS-43. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 37: 101-108.
- IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2011) Disponível em <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em 29 de agosto de 2011.
- IPGRI (2001) *Descritores para Phaseolus vulgaris*. International Plant Genetic Resources Institute, Rome. 45p.
- Lessa, L.S., Ledo, C.A.S., Santos, V.S., Silva, S.O., Peixoto, C.P. (2010) Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. *Bragantia*, Campinas, 69(3): 525-534.
- Marques Júnior, O.G. (1997) *Eficiência de experimentos com a cultura do feijão*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 80p.
- Mulamba, N. N.; Mock, J. J. (1978) Improvement of yield potential of the method Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 7(1): 40-51.
- Oliveira, G. V. (2008) *Potencial genético de famílias de feijoeiro da população Ouro Negro x BRS Valente*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 139p.
- Ribeiro, E.H., Pereira, M.G., Coelho, K.S., Freitas Júnior, S.P. (2009) Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista Ceres*, Viçosa, 56(5): 580-590.

- Ribeiro, N.D., Possebon, S.B., Storck, L. (2003) Progresso genético em caracteres agronômicos no melhoramento do feijoeiro. *Ciência Rural*, Santa Maria, 33 (4): 629-633.
- Santos, C. A. F., Araújo, F. P. (2001) Aplicação de índices para seleção de caracteres agronômicos de feijão-de-corda. *Ciência Agronômica*, v. 32(1-2): 78-84.
- Santos, F.S., Amaral Júnior, A.T., Freitas Júnior, S.P., Rangel, R.M., Pereira, M.G. (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. *Bragantia*, Campinas, 66(3): 389-396.
- Schoonhoven, A. van; Pastor-Corrales, M.A. (1987) *Sistema Estándar para la Evaluación de Germoplasma de Frijol*. CIAT. 57p.

3.2. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE FEIJÃO-COMUM NAS REGIÕES NORTE E NOROESTE DO RIO DE JANEIRO

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo avaliar o comportamento de 29 linhagens de feijoeiro-comum e quatro cultivares quanto à adaptabilidade e estabilidade de rendimento de grãos. Seis ensaios foram conduzidos nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara, nos anos de 2009 e 2010. Por meio da análise de variância conjunta, foram detectadas diferenças significativas entre genótipos, ambientes e para a interação genótipos por ambientes. O estudo da adaptabilidade e estabilidade foi realizado, utilizando-se os métodos propostos por Eberhart e Russel (1966) e Carneiro (1998) (trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual). O método de Eberhart e Russel (1966) indicou adaptabilidade ampla para todos os genótipos avaliados, com exceção das linhagens 32 e 33, que apresentaram adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e favoráveis, respectivamente. Quanto ao parâmetro de estabilidade, apenas cinco linhagens (6, 22, 37, 107 e 116) tiveram baixa previsibilidade de comportamento. De acordo com o método de Carneiro (1998), as linhagens 129, 132 e 118 tiveram os melhores desempenhos, destacando-se com adaptabilidade geral e elevada estabilidade.

ABSTRACT

This study aimed to evaluate the behavior of 29 lines and four common bean cultivars in relation to grain yield adaptability and stability. Six trials were conducted in the cities of Campos dos Goytacazes and Itaocara, in 2009 and 2010. Combined analyses of variance allowed to detect significant differences between genotypes, environments and in the genotype x environment interaction. The study of adaptability and stability was carried out using the methods proposed by Eberhart and Russell (1966) and Carneiro (1998) (trapezoidal quadrature method weighted by the residual variation coefficient). The method of Eberhart and Russell (1966) indicated wide adaptability for all genotypes evaluated, except for lines 32 and 33, which presented specific adaptability to unfavorable and favorable environments, respectively. As for the parameter stability, only five lines (6, 22, 37, 107 and 116) presented low behavior predictability. According to the method of Carneiro (1998), lines 129, 132 and 118 presented the best performance, mainly for general adaptability and high stability.

INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos principais alimentos da população brasileira, possuindo grande relevância econômica no país. A produção estimada na safra 2009/2010 foi da ordem de 3,32 milhões de toneladas, com área plantada de, aproximadamente, 3,6 milhões de hectares, alcançando produtividade de 921 kg ha⁻¹ (CONAB, 2011).

O feijoeiro-comum é cultivado em, praticamente, todos os estados brasileiros, em diferentes condições ambientais e níveis tecnológicos. O desempenho produtivo dessa cultura é muito influenciado pelas condições ambientais (Pereira et al., 2009a). Assim, a interação de genótipos com ambientes pode ser problema para os programas de melhoramento, dificultando o processo de seleção e a indicação de cultivares para uma série de ambientes.

A interação genótipos por ambientes pode ser definida como a alteração no desempenho relativo dos genótipos, em função das diferenças de ambientes (Borém, 2009). A interação genótipos por ambientes pode ser simples ou complexa. O primeiro caso ocorre pela diferença entre os genótipos, não provocando alterações na classificação dos genótipos entre os ambientes. O segundo caso é proporcionado pela falta de correlação entre os genótipos (Cruz e Carneiro, 2003). Essa ausência de correlação indica que o genótipo superior em um ambiente, normalmente, não terá o mesmo desempenho relativo em outro ambiente (Falconer, 1987).

O procedimento mais indicado para contornar a influência das interações genótipos por ambientes tem sido a utilização de cultivares com elevada estabilidade de desempenho em um número considerável de ambientes (Oliveira et al., 2006; Pereira et al., 2009a).

O estudo da interação genótipos por ambientes é de suma importância para o melhoramento de plantas. Porém, apenas o conhecimento dessa interação não proporciona informações detalhadas a respeito do comportamento dos genótipos em função das variações ambientais (Cruz e Carneiro, 2003). Desse modo, estimativas de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica são úteis na caracterização de genótipos quanto às respostas relativas às diferenças de ambientes.

Diferentes conceitos estão relacionados à adaptabilidade e à estabilidade. A adaptabilidade se refere à capacidade do genótipo em responder, de maneira vantajosa, à melhoria do ambiente. A estabilidade de comportamento é a capacidade dos genótipos terem comportamento previsível em função das flutuações ambientais (Cruz e Carneiro, 2003).

Vários métodos permitem o estudo da adaptabilidade e estabilidade. Essas metodologias diferem quanto aos conceitos relacionados, aos parâmetros estimados, aos procedimentos biométricos empregados e às pressuposições para utilização, cada uma delas possuindo vantagens e limitações (Vencovsky e Barriga, 1992).

Miranda et al. (1998) compararam diferentes métodos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade, utilizando dados de 20 ensaios de competição entre 12 genótipos de feijão. Para isso, trabalharam com três metodologias baseadas em regressões lineares simples: Finlay e Wilkinson (1963), Eberhart e Russell

(1966) e Tai (1971); e duas metodologias baseadas em regressões bi-segmentadas: Verma et al. (1978) e Cruz et al. (1989). Os autores relataram que todos os métodos, com exceção do método de Finlay e Wilkinson (1963), possibilitaram resultados idênticos quanto ao comportamento das cultivares.

Elias et al. (2007) estudaram a estabilidade e a adaptabilidade de rendimento de 14 genótipos de feijão do grupo comercial carioca, avaliados em dez ensaios. Os autores observaram concordância entre as metodologias de Eberhart e Russel (1966), Cruz et al. (1989) e Annicchiarico (1992) na indicação de genótipos, exceto a recomendação para ambientes desfavoráveis.

Pereira et al. (2009a) avaliaram a estabilidade e adaptabilidade de produção de 16 genótipos de feijoeiro-comum pelos métodos de Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998) (original com decomposição de P_i), Carneiro (1998) (trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação), Annicchiarico (1992), Eberhart e Russell (1966), Cruz et al. (1989) e AMMI (modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa) (Zobel et al., 1988). Para isso, utilizaram dados de 45 ensaios de valor de cultivo e uso. Os autores concluíram que o método do trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação e o método de Annicchiarico são úteis ao programa de melhoramento genético, pois permitem a identificação dos genótipos mais estáveis entre os mais produtivos, possibilitam a separação dos ambientes em favoráveis e desfavoráveis, além da simplicidade de utilização.

Pereira et al. (2009b), comparando alguns métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade em feijoeiro-comum, relataram alta correlação entre os métodos de Cruz et al. (1989) e de Eberhart e Russel (1966), assim como elevada correlação entre os métodos de Lin e Binns (1989) modificado por Carneiro (1998) (original com decomposição de P_i), Carneiro (1998) (trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação) e Annicchiarico (1992). Também foram observadas correlações intermediárias entre as metodologias de Eberhart e Russel (1966) e de AMMI (Zobel et al., 1988). Os autores enfatizaram que métodos que apresentam elevada correlação não devem ser utilizados em conjunto. Desse modo, somente um dos métodos: Cruz et al., Eberhart e Russel ou AMMI deve ser utilizado com Lin e Binns, Carneiro ou Annicchiarico.

O método do trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação (Cruz e Carneiro, 2003) tem a vantagem de permitir a recomendação imediata

dos genótipos mais estáveis e adaptados, que, em geral, são os mais produtivos (Oliveira et al., 2006; Pereira et al., 2009bc).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo avaliar o comportamento de 29 linhagens de feijão-comum quanto à adaptabilidade e à estabilidade de rendimento de grãos, visando à recomendação de cultivares para as regiões Norte e Noroeste Fluminense com elevado potencial produtivo, ampla adaptação e estabilidade de produção.

MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho, foram avaliadas 29 linhagens de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) pertencentes ao programa de melhoramento de feijoeiro-comum da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Essas linhagens estão relacionadas na Tabela 1. As cultivares Xamego, Xodó, Ipanema e Porto Real foram utilizadas como padrão. Seis ensaios foram conduzidos nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara, Estado do Rio de Janeiro, no período de abril a agosto dos anos de 2009 e 2010.

O município de Campos dos Goytacazes localiza-se na região Norte do Estado do Rio de Janeiro, situa-se a 21°45'15" Latitude Sul e 41°19'28" Longitude Oeste, com altitude média de 13 m (IBGE, 2011). Nesse município, foram realizados quatro ensaios. Dois ensaios foram implantados na área de convênio da UENF com a Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (Pesagro-Rio), nos anos de 2009 (A₁) e 2010 (A₄); e dois ensaios foram conduzidos no Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo, nos anos de 2009 (A₂) e 2010 (A₅).

Tabela 1 – Linhagens de feijoeiro-comum avaliadas no presente estudo, com respectivas genealogias

Linhagens	Genealogia
6	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
7	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
8	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
11	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
12	'Xamego' x 'Caraoata 260'
14	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
18	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
22	'Xodó' x 'Precoce 60 dias'
27	'Precoce 60 Dias' x 'Moruna'
29	'Moruna' x 'Rico 23'
30	'Moruna' x 'Rico 23'
31	'Moruna' x 'Rico 23'
32	'Moruna' x 'Rico 23'
33	'Moruna' x 'Rico 23'
36	'Moruna' x 'Rico 23'
37	'Moruna' x 'Rico 23'
106	'Venezuela' x 'Varre-Sai'
107	'Venezuela' x 'Varre-Sai'
112	'Porto Real' x 'Varre-Sai'
114	'Varre-Sai' x 'Xodó'
116	'Ouro Negro' x 'Varre-Sai'
118	'Porto Real' x 'Ouro Negro'
120	'Porto Real' x 'Ouro Negro'
121	'Porto Real' x 'Xodó'
122	'Porto Real' x 'Varre-Sai'
129	'Ouro Negro' x 'Xodó'
132	'Xodó' x 'Ipanema'
133	'Xodó' x 'Ipanema'
134	'Porto Real' x 'Ipanema'

O município de Itaocara está localizado na região Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, situa-se a 21°40'09" Latitude Sul e 42°04' Longitude Oeste, com altitude de 60 m (IBGE, 2011). Nesse município, foram conduzidos dois ensaios na estação experimental na Ilha Barra do Pomba, nos anos de 2009 (A₃) e 2010 (A₆).

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com três repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de quatro linhas de 5m de comprimento, espaçadas de 0,5m, sendo semeadas 14 sementes por metro linear. As duas linhas centrais constituíram a área útil da parcela, sendo desconsiderados 0,5m de cada extremidade, perfazendo, dessa forma, 4m².

Os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura na região. Porém, visando avaliar a ocorrência natural de doenças, não foi efetuado controle das mesmas.

A produção de grãos da área útil da parcela foi ajustada para 13% de umidade e convertida em kg ha⁻¹. Os dados de produtividade de grãos foram submetidos às análises de variância individual para cada ambiente e, posteriormente, realizou-se a análise de variância conjunta, considerando-se aleatórios os efeitos de blocos e ambientes, e fixo o efeito de genótipos (Cruz et al., 2004).

Todas as análises de variância foram efetuadas com o auxílio do Programa Genes (Cruz, 2009), seguindo os modelos estatísticos apresentados por Cruz et al. (2004). Na realização das análises de variância individual para cada ambiente, o modelo estatístico adotado foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij},$$

em que:

Y_{ij} = valor observado do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ = média geral;

G_i = efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, l + t$), sendo l o número de linhagens (29) e t o número de testemunhas (4);

B_j = efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, r$);

ε_{ij} = erro experimental.

O teste de homogeneidade das variâncias residuais foi realizado previamente à análise conjunta, obedecendo ao critério de razão máxima igual a

sete para o quociente entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (Cruz et al., 2004).

Visando detectar os efeitos de genótipos, ambientes e da interação entre genótipos e ambientes, foi realizada análise de variância conjunta, envolvendo os três locais e os dois anos, conforme o modelo abaixo:

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{(j)k} + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} = valor observado do i -ésimo genótipo no k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente;

μ = média geral;

$B/A_{(j)k}$ = efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente;

G_i = efeito do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, l + t$), sendo l o número de linhagens (29) e t o número de testemunhas (4);

A_j = efeito do j -ésimo ambiente ($j = 1, 2, \dots, a$);

GA_{ij} = efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j ; e

ε_{ijk} = erro experimental.

As análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas pelos métodos de Eberhart e Russell (1966) e de Carneiro (1998) (trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual). Todas as análises foram realizadas com auxílio do Programa Genes (Cruz, 2009).

A metodologia proposta por Eberhart e Russell (1966) baseia-se na análise de regressão linear simples. Nesse método, a adaptabilidade, resposta linear aos ambientes, é dada pela estimativa do parâmetro β_{1i} e pela produtividade média (β_{0i}); e a estabilidade, pela variância dos desvios da regressão ($\sigma_{\delta_i}^2$), de acordo com o seguinte modelo: $Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i} I_j + \delta_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$ em que:

Y_{ij} : é a média do genótipo i no ambiente j ;

β_{0i} : equivale à média geral do genótipo i ;

β_{1i} : corresponde ao coeficiente de regressão linear, cuja estimativa representa a resposta do i -ésimo genótipo à variação do ambiente j ;

δ_{ij} : equivale ao desvio da regressão;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: é o erro experimental médio; e

I_j : é o índice de ambiente codificado ($\sum_j I_j = 0$), dado por $I_j = \frac{1}{g} \sum_i Y_{ij} - \frac{1}{ag} Y$, para g genótipos e a ambientes.

A metodologia não-paramétrica de Carneiro (1998) (trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual) considera a similaridade dos locais e a precisão de cada ensaio. Genótipos com menor valor de P_i , estimativa do parâmetro medida de adaptabilidade e estabilidade de comportamento (MAEC), apresentam comportamento mais próximo ao do genótipo hipotético ideal. O desempenho de cada genótipo é dado pela equação abaixo:

$$P_i = \sum_{j=1}^n \left[\left(\frac{Y_{g(j+1)} + Y_{gj}}{2} \right) - \left(\frac{Y_{i(j+1)} + Y_{ij}}{2} \right) \right]^2 (\bar{Y}_{\cdot(j+1)} - \bar{Y}_{\cdot j})$$

em que:

P_i = estimativa do parâmetro MAEC do genótipo i ;

Y_{ij} = produtividade do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente;

Y_{gj} = estimativa da produtividade do genótipo hipotético ideal, no ambiente j , conforme o modelo apresentado por Cruz et al. (1989):

$$Y_{gj} = \beta_{0g} + \beta_{1g}I_j + \beta_{2g}T(I_j),$$

em que:

β_{0g} : máxima produtividade obtida no ensaio;

$\beta_{1g} = 0,5$ e $\beta_{2g} = 1$: valores determinados por Cruz e Carneiro (2003);

$\beta_{1g} = 0,5$: reflete baixa resposta aos ambientes desfavoráveis;

$\beta_{1g} + \beta_{2g} = 1,5$: responsivo às condições favoráveis;

I_j : índice de ambiente codificado;

$T(I_j)$: $I_j - \bar{I}_+$ se $I_j > 0$, sendo \bar{I}_+ a média dos índices (I_j) positivos.

A estatística P_i é multiplicada pelo fator f , definido por: $f = CV_j/CV_T$, onde: CV_j = coeficiente de variação no ambiente j , e CV_T = soma dos coeficientes de variação dos j ambientes.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo das análises de variância individual para produtividade de grãos nos diferentes ensaios está apresentado na Tabela 2.

Tabela 2 – Médias de produtividade de grãos, média geral de ambientes (Y_j) e de genótipos (Y_i), coeficiente de variação (CV), Quadrados médios dos genótipos (QMT) e dos resíduos (QMR) referentes à avaliação de genótipos de feijão-comum em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos de 2009^{1/} e 2010^{2/}

Genótipos	Ambientes ^{3/}						Y_i
	$A_1^{1/}$	$A_2^{1/}$	$A_3^{1/}$	$A_4^{2/}$	$A_5^{2/}$	$A_6^{2/}$	
6	2.161	1.286	1.881	1.875	2.482	2.195	1.980
7	1.959	1.452	1.811	2.242	2.007	1.390	1.810
8	1.972	1.139	1.703	2.288	1.808	1.623	1.755
11	2.193	1.371	2.243	2.654	2.465	2.055	2.163
12	1.893	1.530	2.193	2.867	2.207	1.545	2.039
14	2.229	1.337	2.219	2.454	2.357	2.280	2.146
18	2.048	1.562	2.093	2.463	2.397	1.610	2.029
22	2.005	1.575	2.247	2.546	2.430	827	1.938
27	2.131	1.583	2.260	2.617	2.017	1.613	2.037
29	2.026	1.599	2.221	2.417	2.348	1.848	2.077
30	2.273	1.470	2.256	2.675	2.355	1.318	2.058
31	2.246	1.369	1.998	2.800	2.712	1.530	2.109
32	1.650	1.950	2.264	1.871	2.340	2.052	2.021
33	2.280	1.016	2.281	3.296	2.375	1.978	2.204
36	1.848	1.142	2.144	2.258	2.175	1.762	1.888
37	2.135	1.959	2.354	2.608	1.683	1.838	2.096
106	1.831	1.745	1.877	1.938	1.562	1.433	1.731
107	1.639	1.347	1.984	2.563	1.267	1.915	1.786
112	2.276	1.426	1.942	2.821	2.540	1.640	2.108
114	1.871	1.363	2.048	2.354	2.272	1.908	1.969
116	1.866	2.033	2.207	2.792	2.413	1.598	2.152
118	2.473	1.025	2.405	2.688	2.632	2.015	2.206
120	2.399	1.450	2.117	2.746	2.478	1.750	2.157
121	2.125	1.342	1.829	2.788	2.432	1.482	2.000
122	1.918	1.561	2.260	2.313	1.810	1.938	1.966
129	2.372	1.988	2.564	2.175	2.697	2.312	2.351
132	2.287	1.820	2.004	2.371	2.808	2.087	2.229
133	2.043	1.644	1.718	2.525	2.315	1.878	2.021
134	2.203	1.785	2.018	2.442	2.655	1.612	2.119
'Xamego' ^{4/}	1.798	948	1.853	2.283	1.960	1.945	1.798
'Porto Real' ^{4/}	2.450	1.233	2.390	2.800	2.450	1.782	2.184
'Xodó' ^{4/}	1.912	1.426	1.856	2.504	2.395	1.415	1.918
'Ipanema' ^{4/}	2.154	1.835	2.417	1.992	2.363	2.197	2.160
Y_j	2.081	1.494	2.111	2.485	2.279	1.769	2.036
CV	9,8	26,4	13,6	14,1	13,9	20,9	
QMT	142.906**	246.255	143.229*	296.680**	360.591**	301.384**	
QMR	41.940	155.268	82.000	122.049	100.860	136.995	

^{3/} A_1 , A_4 : Área de convênio da UENF com a Pesagro-Rio, Campos dos Goytacazes; A_2 e A_5 : Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo, Campos dos Goytacazes; e, A_3 e A_6 : Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba, Itaocara. ^{4/} Testemunha.

* e ** Significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Diferenças significativas ($P < 0,05$) entre genótipos foram detectadas para todos os ambientes, pelo teste F, com exceção do ambiente A_2 .

As médias de produtividade de grãos dos genótipos nos diferentes ambientes estão expostas na Tabela 2. Observa-se a existência de variabilidade para essa característica com uma amplitude de 2.040 kg ha^{-1} , os valores extremos foram observados para a linhagem 22 (827 kg ha^{-1}), no ambiente A_6 , e para a linhagem 33 (3.296 kg ha^{-1}), no ambiente A_4 .

É possível, também, observar discrepância nas médias de ambientes. As médias de produtividade de grãos para os diferentes ambientes variaram de 1.494 a 2.485 kg ha^{-1} (Tabela 2), ou seja, houve uma amplitude de variação de, aproximadamente, 1.000 kg ha^{-1} do ambiente mais produtivo (A_4) para o menos produtivo (A_2). Notam-se, ainda, oscilações nas médias de genótipos, variando de 1.731 kg ha^{-1} para a linhagem 106 a 2.351 kg ha^{-1} para a linhagem 129.

A linhagem 118 destacou-se no ambiente A_1 , com produtividade superior à média do ambiente e da cultivar Porto Real. No ambiente A_2 , as linhagens 116, 129, 37 e 32 superaram a média de produtividade da cultivar padrão mais produtiva, Ipanema com 1.835 kg ha^{-1} . A linhagem 129 destacou-se, também, nos ambientes A_3 e A_6 . No ambiente A_3 , essa linhagem foi a única com rendimento superior à testemunha mais produtiva, e, no ambiente A_6 , a linhagem 14 também se destacou. No ambiente A_4 , as linhagens 12, 33 e 112 tiveram produtividades acima de 2.800 kg ha^{-1} , valor observado para a cultivar Porto Real. As linhagens 132 e 31 foram as mais produtivas no ambiente A_5 , com rendimento superior a 2.700 kg ha^{-1} .

Na Tabela 2, observa-se que os ambientes A_2 e A_6 tiveram médias inferiores à média geral, sendo, desse modo, considerados como desfavoráveis. Vale ressaltar que tais ambientes tiveram, também, menor precisão experimental em relação aos demais, com CV de 26,4% e 20,9%, respectivamente. Por outro lado, os ambientes A_1 , A_3 , A_4 e A_5 podem ser considerados como favoráveis, pois apresentaram produtividades superiores à média geral. Os CV para esses ambientes variaram de 9,8% a 14,1%, indicando, assim, maior precisão experimental (Marques Júnior, 1997).

A razão entre o maior e menor quadrado médio do resíduo das análises de variância individual foi inferior a sete (Tabela 3), denotando homogeneidade de variâncias, o que permitiu a realização da análise conjunta (Cruz et al. 2004). Por

meio da análise de variância conjunta, foi possível detectar diferenças significativas ($P < 0,01$) entre genótipos, ambientes e para a interação entre genótipos e ambientes (Tabela 3).

A média geral para produtividade foi de 2.036 kg ha^{-1} . A linhagem 129 destacou-se com rendimento superior a 2.350 kg ha^{-1} , considerando-se todos os ambientes. As linhagens 132, 118 e 33 também se destacaram com produtividades superiores, em valores absolutos, à cultivar Porto Real, que foi a mais produtiva entre os padrões com 2.184 kg ha^{-1} .

Tabela 3 – Resumo da análise de variância conjunta da produtividade (kg ha^{-1}) de grãos de 33 genótipos de feijoeiro-comum, avaliados em seis ensaios em Campos do Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos de 2009 e 2010

Fontes de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios
Blocos/Ambientes	12	390.380,84
Genótipos (G)	32	400.778,26**
Linhagens (L)	28	388.456,82*
Testemunhas (T)	3	636.635,20
L vs. T	1	38.207,51
Ambientes (A)	5	12.544.317,50**
G x A	160	218.053,94**
L x A	140	221.692,84**
T x A	15	231.169,28**
L vs. T x A	5	76.818,91
Resíduo	384	106.519,07
Total	593	
Média		2.036,51
CV (%)		16,02
Maior QMR/menor QMR		3,70

*, ** Significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

O efeito significativo da interação genótipos por ambientes aponta desempenho inconsistente dos genótipos conforme as variações ambientais. Para o melhoramento de plantas, a avaliação dessa interação é fundamental, pois pode ocorrer que o melhor genótipo, em determinado ambiente, não tenha o mesmo comportamento em outro ambiente, tornando-se necessária a avaliação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos.

O estudo do comportamento dos genótipos, baseado no método de Carneiro (1998), pode ser observado na Tabela 4. As estimativas do parâmetro P_i oscilaram de 10.637, para a linhagem 129, até 29.544, para a linhagem 106. Pelas estimativas da estatística P_i , verifica-se que a linhagem 129 foi a mais estável e adaptada, com menor valor de P_i geral. Essa linhagem teve, também, o melhor desempenho em relação aos outros genótipos, o que é uma característica desse método, que associa estabilidade com a capacidade dos genótipos em apresentar o menor desvio em relação ao genótipo ideal, em todos os ambientes estudados, ou seja, os genótipos mais estáveis são identificados entre os mais produtivos. Por outro lado, a linhagem 106 teve o maior valor de P_i geral, assim, pode-se inferir que essa linhagem terá o pior comportamento para os ambientes avaliados. Tal fato pode ser constatado, pois essa linhagem teve a menor média de produtividade.

O índice ambiental classifica os ambientes em favoráveis ou desfavoráveis (Cruz e Carneiro, 2003). Esse índice fundamenta-se no rendimento obtido em cada ambiente e permite conhecer a resposta dos genótipos em relação às condições do ambiente. Verifica-se que a linhagem 129 teve, também, o melhor desempenho nos ambientes desfavoráveis (Tabela 4), podendo-se inferir que essa linhagem deve ser tolerante a estresses bióticos e abióticos, sendo indicada em situações de utilização de baixo nível tecnológico. A linhagem 118, seguida pela linhagem 33, teve o menor valor de P_{if} , ou seja, comportamento estável nos ambientes favoráveis (Tabela 4).

Tabela 4 – Médias de produtividade de grãos (PROD) e estimativas de adaptabilidade e estabilidade (P_i) obtidas pelo método do trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (Carneiro, 1998), de 33 genótipos de feijoeiro-comum, avaliados em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos de 2009 e 2010, a partir da decomposição em ambientes favoráveis (P_{if}) e desfavoráveis (P_{id})

Genótipos	PROD (kg ha ⁻¹)	P_i (x 10 ⁶)	$C^{1/}$	P_{if} (x 10 ⁶)	$C^{1/}$	P_{id} (x 10 ⁶)	$C^{1/}$
6	1.980	17.854	11	9.161	25	8.693	5
7	1.810	26.557	29	11.014	29	15.542	31
8	1.755	27.219	32	12.477	31	14.742	30
11	2.163	15.275	6	6.000	9	9.274	7
12	2.039	20.979	22	6.904	15	14.075	26
14	2.146	14.811	4	7.113	16	7.698	4
18	2.029	19.917	19	7.272	17	12.645	21
22	1.938	26.979	30	6.511	13	20.468	33
27	2.037	20.494	21	8.331	21	12.163	20
29	2.077	17.961	14	7.333	18	10.627	13
30	2.058	21.036	23	6.399	12	14.637	29
31	2.109	18.437	15	5.129	3	13.308	23
32	2.021	18.685	16	9.195	26	9.489	8
33	2.204	15.789	7	4.789	2	11.000	14
36	1.888	23.050	26	9.027	24	14.023	25
37	2.096	18.990	18	9.997	27	8.993	6
106	1.731	29.544	33	15.041	33	14.502	28
107	1.786	27.071	31	14.320	32	12.752	22
112	2.108	17.943	13	5.954	8	11.988	19
114	1.969	20.150	20	8.439	22	11.710	17
116	2.152	17.881	12	6.096	10	11.785	18
118	2.206	14.790	3	4.756	1	10.034	9
120	2.157	16.459	9	5.935	7	10.524	12
121	2.000	21.302	25	6.903	14	14.398	27
122	1.966	21.139	24	10.629	28	10.510	11
129	2.351	10.637	1	5.549	5	5.087	1
132	2.229	12.872	2	5.697	6	7.175	3
133	2.021	18.722	17	8.566	23	10.157	10
134	2.119	17.277	10	6.207	11	11.071	16
‘Xamego’	1.798	24.580	28	11.100	30	13.480	24
‘Porto Real’	2.184	16.292	8	5.285	4	11.006	15
‘Xodó’	1.918	23.512	27	7.856	19	15.656	32
‘Ipanema’	2.160	14.966	5	8.095	20	6.870	2

^{1/}Classificação dos genótipos quanto à estabilidade de rendimento de grãos.

As estimativas de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelo método de Eberhart e Russel (1966), assim como os coeficientes de determinação (R^2), que são indicadores da eficiência do método em explicar a variação nos dados de observação para cada genótipo, estão expostos na Tabela 5. O estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica, utilizando a metodologia da regressão linear de Eberhart e Russel, revelou a linhagem 118 como promissora, pois teve elevado rendimento de grãos, superior a 2.200 kg ha^{-1} , além de comportamento altamente previsível ($\sigma^2_{di} = 0$) e adaptabilidade geral ($\beta_{1i} = 1$). Isso significa que essa linhagem apresenta melhoria de desempenho em função de condições ambientais favoráveis, mantendo, entretanto, seus índices de produtividade em condições ambientais adversas. As linhagens 129 e 132, também, tiveram rendimento elevado e ampla adaptabilidade ($\beta_{1i} = 1$). Porém, apesar de terem desvios de regressão estatisticamente nulos ($\sigma^2_{di} = 0$), indicando alta previsibilidade de comportamento, seus coeficientes de determinação (R^2) foram inferiores a 80%, o que implica ajustamento não adequado dos dados à reta de regressão.

Na Tabela 5, verifica-se, ainda, que, praticamente, todos os genótipos avaliados tiveram ampla adaptabilidade, com exceção das linhagens 32 e 33. A linhagem 33 teve rendimento elevado e coeficiente de regressão maior que um ($\beta_{1i} > 1$), com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, podendo-se inferir que terá incremento de rendimento com a melhoria das condições ambientais. Essa linhagem teve, também, alta previsibilidade de comportamento ($\sigma^2_{di} = 0$). A linhagem 32 teve adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis ($\beta_{1i} < 1$). Em relação ao parâmetro de estabilidade, apenas cinco linhagens (6, 22, 37, 107 e 116) dos 33 genótipos avaliados, tiveram baixa previsibilidade de comportamento ($\sigma^2_{di} \neq 0$) (Tabela 5).

Tabela 5 – Estimativa da produtividade média de grãos (β_{0i}), dos coeficientes de regressão (β_{1i}) e de determinação (R_i^2), e da variância dos desvios de regressão (σ_{di}^2), obtidos pelo método de Eberhart e Russel (1966), de 33 genótipos de feijoeiro-comum avaliados em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos de 2009 e 2010

Genótipos	$\hat{\beta}_{0i}$ (kg ha ⁻¹)	$\hat{\beta}_{1i}$ ⁽¹⁾	$\hat{\sigma}_{di}^2$ ⁽²⁾	R_i^2 (%)
6	1.980	0,62	111.564,21**	29,41
7	1.810	0,88	-18.990,79	88,03
8	1.755	0,99	-7.470,88	84,70
11	2.163	1,20	-18.367,07	93,00
12	2.039	1,30	10.848,81	85,30
14	2.146	0,95	27.770,52	69,28
18	2.029	1,03	-24.348,84	93,81
22	1.938	1,44	155.520,37**	63,24
27	2.037	1,00	208,95	81,69
29	2.077	0,86	-30.355,39	95,83
30	2.058	1,40	13.651,10	86,41
31	2.109	1,59	311,92	91,83
32	2.021	0,07*	45.510,42	0,85
33	2.204	1,97**	26.316,12	90,83
36	1.888	1,09	-9.435,75	87,86
37	2.096	0,46	76.913,75*	23,29
106	1.731	0,22	4.715,99	15,99
107	1.786	0,69	175.690,34**	26,10
112	2.108	1,44	-7.127,77	92,09
114	1.969	0,94	-17.442,06	88,47
116	2.152	0,88	63.881,78*	54,99
118	2.206	1,64	28.499,09	86,91
120	2.157	1,33	-21.625,30	95,28
121	2.000	1,49	-825,08	91,06
122	1.966	0,58	11.509,89	52,72
129	2.351	0,36	26.233,00	25,12
132	2.229	0,71	33.957,12	53,49
133	2.021	0,82	7.202,90	71,29
134	2.119	0,93	22.438,44	70,20
‘Xamego’	1.798	1,08	32.766,30	72,95
‘Porto Real’	2.184	1,57	-16.032,89	95,22
‘Xodó’	1.918	1,22	-5.251,05	88,69
‘Ipanema’	2.160	0,25	15.130,81	16,41

⁽¹⁾ ** e *: significativamente diferente de um, pelo teste t, a 1 e 5% de probabilidade respectivamente.

⁽²⁾ ** e *: significativamente diferente de zero, pelo teste F, a 1 e 5% de probabilidade respectivamente.

De modo geral, foi observada certa concordância entre as duas metodologias utilizadas. A linhagem 118 ficou em terceiro lugar na classificação do P_i geral no método de Carneiro (1998), destacando-se, também, com melhor desempenho para ambientes favoráveis. Essa linhagem teve, ainda, adaptabilidade geral e alta previsibilidade, corroborada pelo elevado R^2 , na metodologia de Eberhart e Russel (1966). As linhagens 129 e 132, consideradas como as mais promissoras pelo método de Carneiro (1998), com as maiores produtividades, menores valores de P_i geral e melhores desempenhos para ambientes desfavoráveis, não mostraram ajustamento adequado dos dados às análises por Eberhart e Russel (1966).

CONCLUSÕES

1. A maioria dos genótipos teve adaptabilidade ampla (94%) e elevada estabilidade (85%) conforme metodologia de regressão linear simples. Apenas cinco linhagens (6, 22, 37, 107 e 116) tiveram baixa previsibilidade de comportamento.
2. As linhagens 129 e 132 tiveram os melhores desempenhos, destacando-se com adaptabilidade geral e específica para ambientes desfavoráveis, pelo método do trapézio quadrático. A linhagem 118 destacou-se com adaptabilidade específica às condições favoráveis.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Annicchiarico, P. (1992) Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. *Journal of Genetics and Plant Breeding*, 46: 269-278.
- Borém, A., Miranda, G.V. (2009) *Melhoramento de Plantas*. 5ª edição, Viçosa, MG: Editora UFV, 529p.

- Carneiro, P.C.S. (1998) *Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento*. Tese (Doutorado) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 168p.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento (2011) *Acompanhamento da safra brasileira: grãos, oitavo levantamento, maio/2011*. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em 19 de maio de 2011.
- Cruz, C.D. (2009) *Programa GENES – Aplicativo computacional em genética e estatística*. Versão Windows 2009.7.0. UFV, Viçosa.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV, 579p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 480p.
- Cruz, C.D., Torres, R.A., Vencovsky, R. (1989) An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, 12: 567-580.
- Eberhart, S.A., Russel, W.A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6 (1): p.36-40.
- Elias, H.T., Backes, R.L., Vidigal, M.C.G., Balbinot Júnior, A.A., Hemp, S. (2007) Estabilidade e adaptabilidade de linhagens e cultivares de feijão do grupo carioca. *Scientia Agraria*, Curitiba, 8(4): 379-384.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV, Impr. Univ., 279p.
- Finlay, K.W., Wilkinson, G.N. (1963) The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, 14 (6): 742-754.
- IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2011) Disponível em <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em 29 de agosto de 2011.
- Lin, C.S., Binns, M.R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, Ottawa, 68 (1): 193-198.

- Marques Júnior, O.G. (1997) *Eficiência de experimentos com a cultura do feijão*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 80p.
- Miranda, G.V., Vieira, C., Cruz, C.D., Araújo, G.A.A. (1998) Comparação de métodos de avaliação da adaptabilidade e da estabilidade de cultivares de feijoeiro. *Acta Scientiarum* 20(3): 249-255.
- Oliveira, V.O., Carneiro, P.C.S., Carneiro, J.E.S., Cruz, C.D. (2006) Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 41(2): 257-265.
- Pereira, H.S., Melo, L.C., Faria, L.C., Díaz, J.L.C., Peloso, M.J.D., Costa, J.G.C., Rava, C.A., Wendland, A. (2009c) Stability and adaptability of carioca common bean genotypes in states of the central South Region of Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9: 181-188.
- Pereira, H.S., Melo, L.C., Faria, L.C., Peloso, M.J.D., Costa, J.G.C., Rava, C.A., Wendland, A. (2009a) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 44(1): 29-37.
- Pereira, H.S., Melo, L.C., Peloso, M.J.D., Faria, L.C., Costa, J.G.C., Díaz, J.L.C., Rava, C.A., Wendland, A. (2009b) Comparação de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em feijoeiro-comum. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 44(4): 374-383.
- Tai, G.C.C. (1971) Genotypic stability analyses and its application to potato regional trials. *Crop Science*, 2(2): 184-194.
- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica aplicada ao fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p.
- Verma, M.M., Chahal, G.S., Murty, B.R. (1978) Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. *Theor. Appl. Genet.*, 53: 89-91.
- Zobel, R.W., Wright, M.J., Gauch, H.G. (1988) Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80: 388-393.

3.3. QUALIDADE TECNOLÓGICA E NUTRICIONAL DE GRÃOS DE LINHAGENS PROMISSORAS DE FEIJOEIRO-COMUM (*Phaseolus vulgaris* L.)

RESUMO

Os programas de melhoramento genético do feijoeiro visam à obtenção de cultivares adaptadas aos diferentes locais de cultivo, que sejam altamente produtivas e apresentem qualidade tecnológica. Este trabalho teve como objetivo avaliar o comportamento de genótipos de feijão quanto a características tecnológicas e nutricionais. Vinte e nove linhagens e quatro cultivares de feijão foram avaliadas quanto ao tempo de cozimento, quanto à percentagem de absorção de água, percentagem de grãos com casca dura e teor de proteína bruta dos grãos. Os grãos de feijão utilizados para a composição dos tratamentos foram obtidos do experimento realizado em Campos do Goytacazes, no ano de 2010; após a colheita, trilha e limpeza, os grãos foram secos até umidade média de 13%, acondicionados em sacos de papel e armazenados por 90 dias em condições ambientais. Diferenças significativas ($P < 0,01$) foram detectadas para todos os caracteres avaliados, com exceção da característica percentagem de grãos com casca dura. As linhagens 14 e 120, além da cultivar Xamego, destacaram-se com teor de proteína bruta em torno de 26%. Para a maioria das linhagens avaliadas (86%), observou-se tempo de cozimento médio satisfatório, ou seja, inferior a 30 minutos. As linhagens 122 e 112 se destacaram com menor tempo para cozimento em relação aos padrões considerados.

ABSTRACT

The bean plant breeding programs aim at obtaining cultivars adapted to different cultivation sites, which can provide high yield and technological quality. This study aimed to evaluate the behavior of bean genotypes related to technological and nutritional traits. Twenty-nine lines and four cultivars of beans were evaluated for cooking time, percentage of water absorption, percentage of grains with hard shell and crude protein content of grains. The beans used in the treatments were obtained from the experiment conducted in Campos dos Goytacazes, in 2010. After harvesting, threshing and cleaning, the grains were dried to the average moisture of 13%, packed in paper bags and stored for 90 days under ambient conditions. Significant differences ($P < 0.01$) were detected for all lines evaluated, except for percentage of grains with hard shell. Lines 14 and 120, in addition to the cultivar Xamego, stood out due to their crude protein content, around 26%. For most lines tested (86%), it was observed satisfactory average cooking time, namely, less than 30 minutes. Lines 122 and 112 stood out for shorter cooking time, compared to the standards considered.

INTRODUÇÃO

A cultura do feijoeiro—comum tem sido explorada em diversas condições climáticas e níveis tecnológicos. Desse modo, uma alternativa para obtenção de maior retorno econômico é a busca por genótipos com elevado rendimento de grãos e adaptados às diferentes condições de cultivo e que atendam às demandas do mercado consumidor (Ramalho e Abreu, 2006).

Os programas de melhoramento genético do feijoeiro visam à obtenção de cultivares adaptadas aos diferentes locais de cultivo e que sejam altamente produtivas. Ensaios de competição de rendimento entre genótipos de feijoeiro são realizados, rotineiramente, no Brasil, tanto pelas universidades públicas quanto pelas empresas de pesquisa agropecuária que mantêm programas de melhoramento para a cultura (Carbonell et al., 2003).

O registro de uma nova cultivar, pelo Sistema Nacional de Proteção de Cultivares/ Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (Portaria nº. 294, de 14 de outubro de 1998 - Anexo IV), é necessário à comercialização de sementes dessa cultivar no Brasil. Porém, além de caracteres agrônômicos tais como a produtividade e a resistência a doenças, a determinação da qualidade tecnológica e nutricional dos grãos do feijoeiro é uma das exigências no processo de registro de uma nova cultivar. Atualmente são exigidas avaliações de tempo de cozimento e teor de proteína bruta dos grãos (BRASIL, 2001).

A determinação da qualidade tecnológica de grãos de feijão envolve testes de absorção de água antes e após a cocção, tempo de cocção, percentagem de casca e sólidos solúveis no caldo e cor do tegumento e do caldo. A qualidade nutricional engloba avaliações do teor de proteína bruta, teor de fibra dietética, minerais e vitaminas (Bassinello et al., 2005).

Segundo Dalla Corte et al. (2003), tanto a qualidade tecnológica do feijão quanto a nutricional são determinadas pelo genótipo e influenciadas pelas condições ambientais predominantes no decorrer do desenvolvimento da planta e dos grãos. Por exemplo, o teor de proteína bruta dos grãos de feijão-comum é variável em função do local de cultivo, das condições ambientais e, principalmente, do genótipo avaliado (Lajolo et al., 1996; Lemos et al., 2004; Ramos Júnior et al., 2005; Farinelli e Lemos, 2010), além da época de colheita (Rios et al., 2003). O teor de proteína bruta dos grãos de feijão-comum varia de 16 a 33% (EMBRAPA, 2011).

Farinelli e Lemos (2010) avaliaram 24 genótipos de feijão semeados em três safras distintas e observaram teores de proteína bruta entre 16,3% e 23,9%. As médias para as safras “seca” 2005, “águas” 2005 e “seca” 2006 foram 21,1%, 17,6% e 20,6%, respectivamente. Na literatura, é reportado que valores superiores a 23% caracterizam alto teor de proteína bruta em grãos de feijão (Ramos Júnior e Lemos, 2002; Dalla Corte et al., 2003).

Rodrigues et al. (2004) ressaltam que as características tecnológicas ainda são pouco investigadas apesar de importantes para a avaliação de novas cultivares. Esses autores destacam, também, que a qualidade de cozimento, representada pela rápida absorção de água e menor tempo de cozimento, é um fator determinante para a aceitação do produto tanto pelos consumidores quanto pela indústria de alimentos (Carbonell et al., 2003).

A cocção dos grãos de feijão resulta na textura, aroma e sabor adequados para o consumo, promovendo a inativação de fatores antinutricionais (Oliveira et al., 2001). Cultivares de feijão com tempo de cocção inferior a 30 minutos são desejáveis pela economia de energia e tempo no preparo das refeições (Costa et al., 2001).

Além das características do tegumento dos grãos, a qualidade do grão, por ocasião da colheita, é determinante para a cocção (Scholz e Fonseca Júnior, 1999). A qualidade dos grãos de feijão para o cozimento é determinada pelo genótipo, ambiente e pela interação do genótipo com o ambiente (Rodrigues et al., 2005). Diversos autores têm relatado a existência da interação genótipos e ambientes para essa característica, sendo observadas diferenças no comportamento de linhagens e cultivares em diferentes locais, anos agrícolas e épocas de semeadura (Lemos et al., 1996; Carbonell et al., 2003; Lemos et al., 2004). Além disso, o período e as condições de armazenamento dos grãos, tais como temperatura e umidade relativa contribuem, também, para a interação (Ramos Júnior et al., 2005; Ribeiro et al., 2007; Coelho et al., 2009). Bordin et al. (2010), avaliando 22 genótipos de feijão, observaram uma variação de 19,5 e 47,5 minutos (média de 33,3 minutos) na safra 2006/2007 e de 17,5 a 28 minutos (média de 23,4 minutos) na safra 2007/2008, considerando 8 horas de hidratação prévia.

O armazenamento realizado em ambientes com temperaturas elevadas e baixa umidade relativa podem favorecer a ocorrência de grãos *hardshell*, que são caracterizados pela impermeabilidade do tegumento à água (Ribeiro et al. 2007). Carbonell et al. (2003), avaliando dezenove genótipos de feijoeiro quanto à qualidade tecnológica dos grãos em diferentes ambientes, observaram a presença de grãos *hardshell* (sem absorção de água) durante o processo de embebição, principalmente no cultivo da seca. Os autores relatam a ocorrência desse fenômeno na produção de sementes, quando ocorrem seca e temperaturas elevadas próximo ao período de colheita.

Scholz e Fonseca Júnior (1999) informaram que as condições dos grãos, no momento da colheita, com a ocorrência de seca ou chuva, influenciam sua qualidade fisiológica, modificando a integridade do tegumento, com consequente interferência na absorção de água e no tempo de cozimento.

Na literatura, não há consenso sobre a associação entre a capacidade de absorção de água pelos grãos e o tempo de cozimento. Alguns autores têm relatado correlação significativa entre esses caracteres (Dalla Corte et al., 2003; Lima, 2010). Outros, porém, constataram não haver relação entre a capacidade de absorção e o tempo de cocção (Carbonell et al., 2003). No entanto, como enfatizado por Rodrigues et al. (2004), é possível que tais discordâncias possam ser justificadas pelas diferenças genéticas e ausência de padronização do período de embebição dos grãos em água destilada, na realização dessas avaliações. Os mesmos autores aconselham cautela quando da utilização do teste de capacidade de absorção de água pelos grãos como indicativo do tempo de cocção, ressaltando que genótipos com maior capacidade de absorção não necessariamente terão menor tempo de cocção.

Bordin et al. (2010) utilizaram 22 genótipos de feijão para avaliar o efeito da capacidade de hidratação sobre a cocção dos grãos de feijão, visando padronizar um percentual e/ou tempo mínimo de hidratação prévio à cocção. Eles indicaram 7 horas e 82,5% de hidratação como padrão de hidratação prévio aos testes de cocção. Tais autores relataram associação entre rápido tempo de cocção nos grãos e o processo de hidratação prévia inferior à máxima hidratação, o que proporcionou economia de tempo e resultados mais representativos. Assim, os grãos devem atingir percentual mínimo de hidratação para a determinação do tempo de cocção.

Rodrigues et al. (2004) avaliaram 19 cultivares de feijão-comum em quatro diferentes tempos de embebição para o teste de capacidade de absorção de água e de tempo cozimento. Eles observaram interação significativa entre as cultivares e os tempos de embebição para as variáveis avaliadas, assim como coeficientes de correlação diferentes em magnitude e sinal para as diferentes cultivares. Esses autores concluíram que oito horas de embebição para os testes de capacidade de absorção de água e de tempo de cozimento são efetivos na diferenciação de grãos normais e duros e na identificação de cultivares com rápido cozimento.

Segundo Lemos et al. (2004), corroborado por Rodrigues et al. (2004), o tempo de embebição de grãos de feijão-comum em água destilada para os testes de capacidade de absorção de água e tempo de cocção, considerando a hidratação máxima dos grãos, deve variar de acordo com o genótipo avaliado.

Desse modo, o objetivo geral deste trabalho foi avaliar a qualidade tecnológica e nutricional dos grãos de 29 linhagens de feijão pertencentes ao programa de melhoramento do feijoeiro-comum da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e quatro cultivares. Os objetivos específicos foram determinar o tempo de cozimento, a percentagem de absorção de água, a percentagem de grãos com casca dura (*hardshell*) e o teor de proteína bruta dos grãos dos genótipos avaliados em ensaios para determinação do Valor de Cultivo e Uso (VCU) na safra de 2010, no município de Campos dos Goytacazes, RJ.

MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho, 33 genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris*, L.) foram avaliados, compreendendo 29 linhagens do programa de melhoramento de feijoeiro-comum da UENF (Tabela 1) e quatro cultivares (Xamego, Xodó, Ipanema e Porto Real) utilizadas como padrão.

As avaliações da qualidade tecnológica (tempo de cozimento, percentagem de absorção de água, percentagem de grãos com casca dura) foram realizadas no laboratório do Programa de Melhoramento de Feijão da Universidade Federal de Viçosa. As análises de teor de proteína bruta foram realizadas no Laboratório de Tecnologia de Alimentos da UENF.

Nas análises de determinação de tempo de cozimento, considerou-se o delineamento em blocos casualizados (DBC) com testemunhas adicionais, com duas repetições. Para as avaliações de percentagem de absorção de água, percentagem de grãos com casca dura e teor de proteína bruta, utilizaram-se três repetições laboratoriais em delineamento inteiramente casualizado (DIC) com testemunhas adicionais.

Tabela 1 – Linhagens de feijoeiro-comum avaliadas no presente estudo, com respectivas genealogias

Linhagens	Genealogia
6	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
7	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
8	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
11	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
12	'Xamego' x 'Caraoata 260'
14	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
18	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
22	'Xodó' x 'Precoce 60 dias'
27	'Precoce 60 Dias' x 'Moruna'
29	'Moruna' x 'Rico 23'
30	'Moruna' x 'Rico 23'
31	'Moruna' x 'Rico 23'
32	'Moruna' x 'Rico 23'
33	'Moruna' x 'Rico 23'
36	'Moruna' x 'Rico 23'
37	'Moruna' x 'Rico 23'
106	'Venezuela' x 'Varre-Sai'
107	'Venezuela' x 'Varre-Sai'
112	'Porto Real' x 'Varre-Sai'
114	'Varre-Sai' x 'Xodó'
116	'Ouro Negro' x 'Varre-Sai'
118	'Porto Real' x 'Ouro Negro'
120	'Porto Real' x 'Ouro Negro'
121	'Porto Real' x 'Xodó'
122	'Porto Real' x 'Varre-Sai'
129	'Ouro Negro' x 'Xodó'
132	'Xodó' x 'Ipanema'
133	'Xodó' x 'Ipanema'
134	'Porto Real' x 'Ipanema'

Os grãos de feijão utilizados para a composição dos tratamentos foram obtidos do experimento realizado no período de maio a agosto de 2010, em área experimental de convênio da UENF com a Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO), no município de Campos dos Goytacazes, situado a 21°45'15" Latitude Sul e 41°19'28" Longitude Oeste, com altitude média de 13 m (IBGE, 2011).

O preparo do solo foi realizado de modo convencional e a adubação conforme a interpretação da análise química do solo. O controle de plantas invasoras foi realizado sempre que necessário. Com o intuito de avaliar a ocorrência natural de doenças, não foi efetuado controle das mesmas. A colheita manual das plantas foi efetuada em agosto de 2010, na maturação de colheita. Os grãos de feijão, após a trilha e limpeza, foram secos até umidade média de 13%. Após o beneficiamento, os grãos foram acondicionados em sacos de papel e armazenados por 90 dias em condições ambientais.

A percentagem de absorção de água pelos grãos foi determinada de acordo com os métodos de Garcia-Vela e Stanley (1989) e de Plhak et al. (1989). Aproximadamente oito gramas de grãos foram amostradas, obtendo-se, assim, a massa seca dos grãos (MS) no início do procedimento analítico. Cada amostra de grãos foi colocada em embebição em 100 mL de água destilada, em recipiente plástico com tampa, para a composição dos tratamentos. Os grãos permaneceram em imersão por 16 horas, à temperatura ambiente. Transcorrido o tempo estabelecido, os grãos foram retirados dos recipientes e, rapidamente, secos com papel toalha. Logo em seguida, os grãos foram pesados, obtendo-se a massa dos grãos hidratados (MU). A percentagem de absorção de água (%Absorção) foi determinada pela seguinte fórmula: $\% \text{Absorção} = (\text{MU} - \text{MS}) / \text{MS} \times 100$.

A percentagem de grãos com casca dura (*hardshell*) foi determinada por meio da imersão de 100 grãos em 200 mL de água destilada, por 16 horas. Ao final do tempo previsto para a hidratação, a água foi, totalmente, drenada e os grãos, parcialmente, secos em papel toalha. Em seguida, os grãos foram classificados, visualmente, em normais (com absorção normal de água) e em grãos com casca dura (sem absorção de água), contados separadamente.

A avaliação do tempo de cozimento foi realizada com 25 grãos de feijão, por repetição. O aparelho cozedor de Mattson, com 25 hastes, foi utilizado

conforme metodologia adaptada de Proctor e Watts (1987). Nessa avaliação (Figura 1), cada amostra de 25 grãos de feijão foi colocada em embebição em 50 mL de água destilada por 16 horas. Após esse período, a água foi descartada e os grãos colocados na placa suporte do aparelho, posicionando-se cada haste sobre um grão. O aparelho foi acondicionado em uma panela com 1L de água fervente, mantendo-se o aquecimento. À medida que ocorria o cozimento, as hastes caíam e suas pontas atravessavam os grãos. O tempo de cocção foi considerado quando 50% mais um dos grãos foram perfurados, ou seja, a queda de 13 das 25 hastes. Em função do tempo de cozimento, verificou-se o nível de resistência à cocção em cada linhagem de feijão, conforme a escala proposta por Proctor e Watts, 1987 (Tabela 2).

O método utilizado para determinar o teor de proteína bruta (PB%) foi o proposto por Kjedahl (AOAC, 1995), o qual se baseia no teor de nitrogênio total (N) contido na amostra, seguindo a fórmula: $PB\% = \text{conteúdo de N total} \times 6,25$.

Os dados foram submetidos à análise de variância, seguindo modelos estatísticos apresentados por Cruz et al. (2004). Para comparação entre as médias dos genótipos avaliados em relação à melhor cultivar-padrão segundo o tipo de grão (grupo preto – ‘Xamego’ e grupo carioca ou rosinha – ‘Porto Real’), utilizou-se o teste de Dunnett a 5% de probabilidade. Todas as análises foram efetuadas com o auxílio do Programa Genes (Cruz, 2009). Os modelos estatísticos adotados foram os seguintes:

$$\text{DIC: } Y_{ij} = \mu + G_i + \varepsilon_{ij}; \quad \text{DBC: } Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij},$$

em que:

Y_{ij} = valor observado do i-ésimo genótipo na j-ésima repetição;

μ = média geral;

G_i = efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, l + c$), sendo l o número de linhagens (29) e c o número de cultivares (4);

B_j = efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, r$);

ε_{ij} = erro experimental.

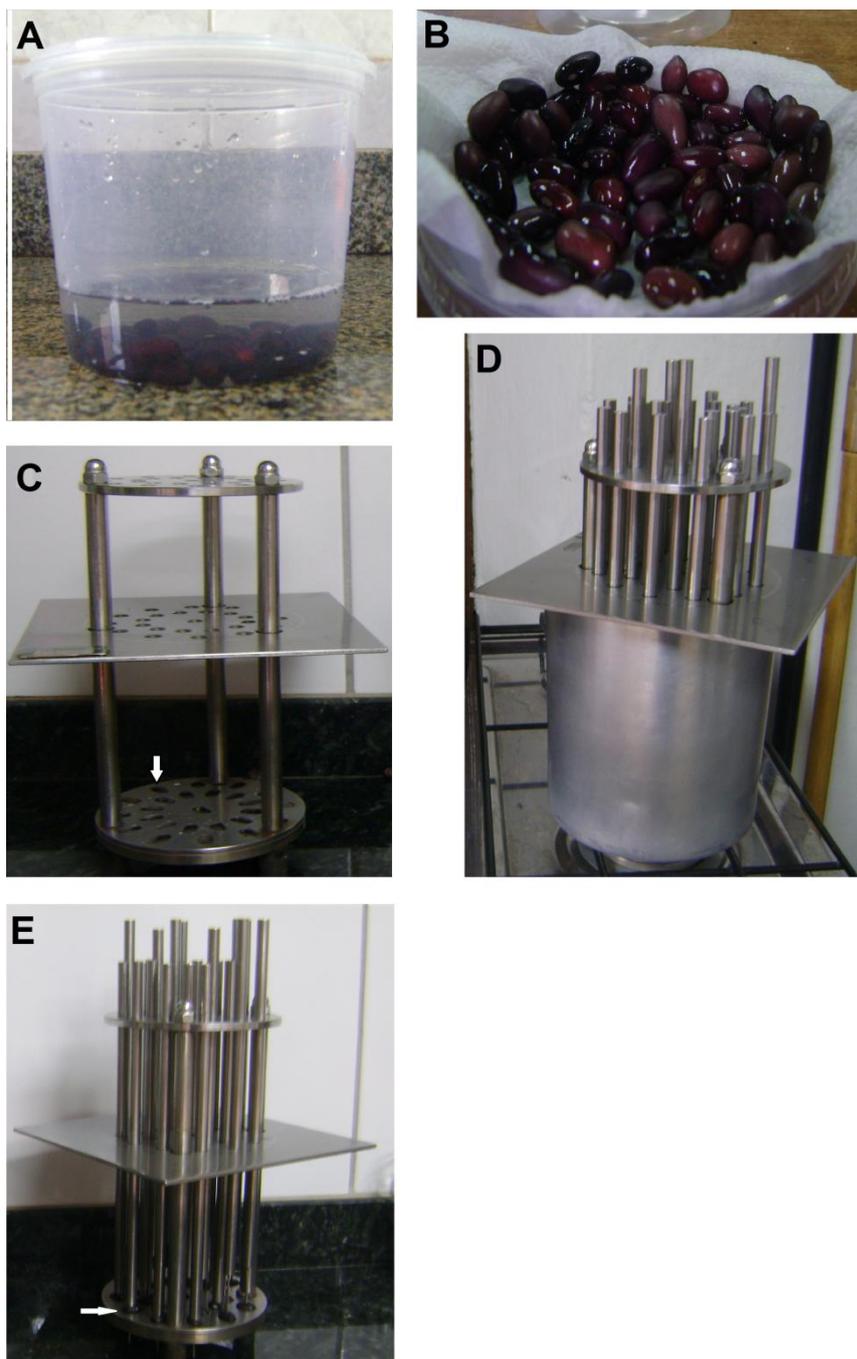


Figura 1 – Avaliação do tempo de cozimento de grãos de feijão. A) Embebição em água destilada; B) Grãos de feijão hidratados; C) Cozedor de Mattson sem as hastes, seta apontando a placa suporte do aparelho onde são colocados os grãos; D) Cozedor com os grãos em recipiente com água fervente, sob aquecimento; E) Cozedor com os grãos de feijão após o término da avaliação, seta apontando um grão cozido.

Tabela 2 – Valores médios de referência para tempo de cocção de feijão

Tempo de cocção (minutos)	Nível de resistência ao cozimento
16 <	Muito suscetível
16 – 20	Suscetibilidade média
21 – 28	Resistência normal
29 – 32	Resistência média
33 – 36	Resistente
36 >	Muito resistente

Fonte: Proctor e Watts, 1987

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Diferenças significativas ($P < 0,01$) foram detectadas para todos os caracteres avaliados, exceto para percentagem de grãos com casca dura. Todos os coeficientes de variação experimental (CV) obtidos foram considerados baixos ($CV \leq 10\%$), indicando boa precisão experimental (Pimentel-Gomes e Garcia, 2002), com exceção da característica percentagem de grãos com casca dura, cujo CV foi de 337,35%, provavelmente, em função da baixa ocorrência desse tipo de grão (Tabela 3).

O teor médio de proteína bruta nos grãos foi de 23,44%. As médias de linhagens e cultivares foram similares (Tabela 3). Na Tabela 4, verifica-se menor teor de proteína bruta para a linhagem 30 (19,6%), seguida da linhagem 129 (20,7%). Vale ressaltar que a linhagem 129 foi a mais produtiva do grupo (dados não apresentados), validando o que alguns autores têm relatado de que o teor de proteína bruta é influenciado, negativamente, pelo rendimento de grãos (Lemos et al., 2004; Ramos Júnior et al., 2005). Dentre todos os genótipos avaliados, observou-se maior teor de proteína bruta para a linhagem 14 (26,5%), seguida pela linhagem 120 (25,7%), ambas com valores próximos ao obtido pela cultivar Xamego (26,0%). Entretanto, nenhuma linhagem foi superior ao melhor padrão correspondente ao grupo preto ou carioca.

Valores superiores a 23% caracterizam alto teor de proteína bruta em grãos de feijão (Ramos Júnior e Lemos, 2002; Dalla Corte et al., 2003), desse

modo, verifica-se que 72% das linhagens avaliadas (Tabela 4) são promissoras para essa característica.

Lemos et al. (2004), avaliando 29 genótipos de feijão do grupo comercial carioca, obtiveram teores de proteína bruta que variaram de 18,6% ('Rudá') a 23,8% ('Porto Real' e EL 49) e de 17,0% (CNFC 8007 e CNFC 8011) a 21,8% (EL 49) para os anos de 2001 e 2002, respectivamente. Ramos Júnior et al. (2005) relataram teor médio de proteína bruta nos grãos de 20,5%, na avaliação de 15 cultivares de feijão. A variação observada foi de 19,1% ('Carioca Precoce') a 23,5% ('Princesa').

Tabela 3 – Quadrados médios, coeficientes de variação experimental (CV) e médias para teor de proteína bruta (Proteína), percentagem de absorção de água pelos grãos (% absorção), percentagem de grãos com casca dura (% GD) e tempo de cozimento (cocção) avaliados em 33 genótipos de feijoeiro-comum, no ano de 2010. Campos dos Goytacazes – RJ

Fonte de variação	Quadrado Médio			
	Proteína	% Absorção	% GD	Cocção
Genótipos	6,9390**	49,6990**	2,2734	17,8045**
Linhagens (L)	6,8745**	48,7810**	2,5263	18,4737**
Cultivares (C)	9,5202**	0,8808	0,00	14,2771**
L versus C	0,9997	221,8585**	2,0119	9.6493**
Resíduo	0,2747	4,5919	1,6768	0,6224
CV (%)	2,24	2,12	337,35	3,10
Média Geral	23,44	100,94	0,3838	25,43
Média Linhagens	23,40	101,49	0,4367	25,57
Média Cultivares	23,71	96,91	0,00	24,40

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 4 – Médias de teor de proteína bruta em porcentagem (Proteína), tempo para cozimento em minutos (Cocção), porcentagem de absorção de água (% Absorção) e porcentagem de grãos com casca dura (% GD) de genótipos de feijão-comum avaliados no ano de 2010. Campos dos Goytacazes – RJ

Genótipos	Proteína	Cocção	% Absorção	% GD
6	23,1	28,4	103,70*	0,00
7	23,1	23,8	97,12	4,67
8	24,5	25,2	100,41	0,00
11	24,1	26,4	96,70	0,00
12	22,5	25,5	102,47	0,00
14	26,5	25,2	101,25	0,00
18	24,8	30,0	105,35*	0,00
22	24,2	30,8	97,53	0,33
27	23,5	24,6	100,42	1,67
29	24,1	23,0	96,29	0,00
30	19,6	23,9	96,27	0,00
31	23,0	23,2	100,00	0,33
32	21,7	26,3	100,00	0,00
33	22,0	27,7	99,59	0,00
36	25,2	22,2	103,33*	0,33
37	24,6	22,0	100,82	0,67
106	24,3	28,8	101,23	0,00
107	22,2	24,3	102,89*	0,00
112	21,6	21,6**	104,56**	0,00
114	23,8	31,3	102,06	0,33
116	23,5	25,4	102,07	1,00
118	23,9	23,0	100,83	0,33
120	25,7	24,8	106,62*	0,67
121	23,0	28,1	104,13**	1,00
122	24,9	19,2*	102,07	0,33
129	20,7	26,2	113,17*	0,00
132	21,5	27,7	96,70	0,00
133	23,2	30,5	109,92*	0,00
134	24,0	22,5	95,87	1,00
'Xamego'	26,0	22,2	96,27	0,00
'Porto Real'	22,1	27,9	96,71	0,00
'Xodó'	24,3	22,5	97,53	0,00
'Ipanema'	22,5	25,1	97,12	0,00
D.M.S. ^{1/}	1,28	2,44	5,24	-

*, ** Teste de Dunett a 5% de probabilidade, aplicado com base na melhor cultivar-padrão para o caráter: Grupo preto - 'Xamego' e o Grupo carioca (linhagem 121) ou rosinha (linhagem 112) - 'Porto Real', respectivamente.

^{1/}D.M.S.: Diferença mínima significativa.

Para o caráter tempo de cozimento, observou-se uma variação de 19,2 minutos (linhagem 122) a 31,3 minutos (linhagem 114). O tempo médio de cozimento foi de 25,43 minutos. A linhagem 122 destacou-se com tempo de cozimento inferior ao melhor padrão do tipo preto ('Xamego' com 22,2 minutos), e a linhagem 112 destacou-se em relação ao melhor padrão do tipo carioca ('Porto Real' com 27,9 minutos). Lemos et al. (1996), avaliando 38 genótipos de feijoeiro-comum, obtiveram valores para tempo de cocção entre 24 e 40 minutos.

Na Tabela 4, verifica-se que 23 das 29 linhagens avaliadas, além das quatro cultivares, têm resistência normal à cocção (Tabela 2). Para as linhagens 18, 22, 106, 114 e 133, observou-se resistência média. E, apenas, a linhagem 122 pode ser classificada como de suscetibilidade média. Esses resultados são diferentes dos relatados por Ramos Júnior et al. (2005) que, avaliando 15 cultivares de feijão, observaram cultivares resistentes ou muito resistentes, ou seja, com valores médios para tempo de cocção superiores a 33 minutos.

Percebe-se, portanto, que todas as linhagens avaliadas, em maior ou menor nível, têm comportamento favorável para tempo de cocção. Quanto menor o tempo de cozimento maior a economia de tempo e de consumo de gás durante o processo de cocção. Segundo Costa et al. (2001), o desenvolvimento de cultivares de feijão-comum com tempo de cocção inferior a 30 minutos é desejável, pois proporciona benefícios aos consumidores.

O percentual de absorção de água variou de 95,87% a 113,17%, com média de 100,94%. A maior percentagem de absorção de água foi observada para a linhagem 129, em comparação com os outros genótipos, com um valor médio de 113,17% de água absorvida em relação à sua massa inicial. Já para a linhagem 134, observou-se a menor média (95,87%). De modo geral, verificam-se valores adequados para esta característica nos genótipos avaliados, semelhantes ao relatado na literatura. Corrêa et al. (2010) observaram uma variação no percentual de absorção de água de 100,33% a 120,33% na avaliação de sete cultivares de feijão. Ramos Júnior et al. (2005) observaram relação de hidratação média próxima a 2 nas cultivares Carioca Precoce e Pérola, após 12 horas de maceração, significando que, nos grãos destas cultivares de feijão, a quantidade de água absorvida foi praticamente igual à sua própria massa.

Quanto à característica grãos com casca dura, o CV obtido foi de 337,35%, provavelmente devido à baixa ocorrência de grãos com casca dura nos

genótipos avaliados (média de 0,38%), indicando um comportamento favorável dos genótipos para essa característica. Em apenas 13 linhagens, foram observados grãos com casca dura com percentuais variando de 0,33% a 4,67%. A maior média foi observada para a linhagem 7, o que sugere problemas de impermeabilidade do tegumento, interferindo na capacidade de absorção de água pelos grãos.

Ramos Júnior et al. (2005), avaliando 15 cultivares de feijão, observaram a ocorrência de grãos com casca dura em, apenas, cinco cultivares, com uma variação de 0,1 a 1,2%, e CV de 188,29%. Lemos et al. (2004), avaliando 29 genótipos de feijoeiro, observaram a ocorrência dessa característica em sete genótipos, com uma variação de 0,1 a 0,5%, no ano de 2001, e, em 15 genótipos, com variação de 1,0% a 1,6%, no ano de 2002.

De modo geral, para a maioria das linhagens, observaram-se valores favoráveis para as características avaliadas. Em relação ao teor de proteína bruta nos grãos as linhagens 14 e 120, além da cultivar 'Xamego', destacaram-se com os maiores teores. Quanto à cocção, as linhagens 122 e 112 se destacaram com menor tempo para cozimento em relação aos padrões considerados.

CONCLUSÕES

1. Valores adequados de percentagem de absorção de água pelos grãos e percentagem de grãos duros foram observados para os genótipos avaliados.
2. Elevado teor de proteína bruta (superior a 23%) foi observado em 72% das linhagens avaliadas, sendo que as linhagens 14 e 120 e a cultivar Xamego sobressaíram-se com teores próximos a 26%.
3. Para a maioria das linhagens avaliadas (86%), verificou-se tempo de cozimento médio satisfatório, inferior a 30 minutos. A linhagem 122 destacou-se com tempo de cozimento médio de 19,2 minutos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AOAC - Association of Official Analytical Chemists (1995). *Official methods of analysis of the Association of Official Analytical Chemists* (method 991.20). Arlington: A.O.A.C., chapter 33, p. 10-12.
- Bassinello, P.Z., Oliveira, M.G. de C., Rodrigues, L.L., Soares, D.M., Del Peloso, M.J., Silva, C.C. da, Thung, M. (2005) Decoada e outros químicos para reduzir o tempo de cocção e seus efeitos na qualidade culinária de feijão. In: *Anais do Congresso Nacional de Pesquisa de Feijão*, 9. Goiânia, GO. Embrapa, p.691-694.
- Bordin, L. C., Coelho, C.M.M., Souza, C.A., Zilio, M. (2010) Diversidade genética para a padronização do tempo e percentual de hidratação preliminar ao teste de cocção de grãos de feijão. *Ciência e Tecnologia de Alimentos*, 30(4): 890-896.
- BRASIL (2001) Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Anexo IV. *Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão (Phaseolus vulgaris L.) para a inscrição no registro nacional de cultivares - RCN*. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/snpc>. Acesso em 12/03/2009.
- Carbonell, S.A.M., Carvalho, C.R.L., Pereira, V.R. (2003) Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. *Bragantia*, 36(3): 369-379.
- Coelho, A.R.M., Prudencio, S.H., Nóbrega, L.H.P., Leite, C.F.R. (2009) Alterações no tempo de cozimento e textura dos grãos de feijão comum durante o armazenamento. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 33(2): 539-544.
- Corrêa, M.M., Carvalho, L.M.J., Nutti, M.R., Carvalho, J.L.V., Neto, A.R.H., Ribeiro, E.M.G. (2010) Water absorption, hardshell and cooking time of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *African Journal of Food Science and Technology*. 1(1): 013-020.

- Costa, G.R., Ramalho, M.A.O., Abreu, A.F.B. (2001) Variabilidade para absorção de água nos grãos de feijão do germoplasma da UFLA. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 25(4): 1017-1021.
- Cruz, C.D. (2009) *Programa GENES – Aplicativo computacional em genética e estatística*. Versão Windows 2009.7.0. UFV, Viçosa
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 480 p.
- Dalla Corte, A., Moda-Cirinol, V., Scholz, M.B.S. *et al.* (2003) Environment effect on grain quality in early common bean cultivars and lines. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 3(3): 193-202.
- EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (2011) Disponível em: <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/feijao>. Acesso em 10 de dezembro de 2011.
- Farinelli, R., Lemos, L.B. (2010) Produtividade, eficiência agrônômica, características nutricionais e tecnológicas do feijão adubado com nitrogênio em plantio direto e convencional. *Bragantia*, 69: 165-172.
- Garcia-Vela, L.A., Stanley, D.W. (1989) Water-holding capacity in hard-to-cook bean (*P. Vulgaris* L.): effect of pH and ionic strength. *Journal of Food Science*, Chicago, 54(4): 1080-1081.
- IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2011) Disponível em <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em 29 de agosto de 2011.
- Lajolo, F.M., Genovese, M.I., Menezes, E.W. (1996) Qualidade nutricional. In: Araújo, R.S., Rava, C.A., Stone, L.F., Zimmermann, M.J.O. (Coord.). *Cultura do feijoeiro no Brasil*. Piracicaba: POTAFOS. p.23-56.
- Lemos, L.B., Durigan, J.F., Fornasieri Filho, D., Pedroso, P.A.C., Banzatto, D.A. (1996) Características de cozimento e hidratação de genótipos de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Alim. Nutr.*, São Paulo, 7: 47-57.
- Lemos, L.B., Oliveira, R.S., Palomino, E.C. (2004) Características agrônômicas e tecnológicas de genótipos de feijão do grupo comercial Carioca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 39(4): 319-326.

- Lima, M.S. (2010) Caracterização morfoagronômica, culinária e de raízes de genótipos do banco de germoplasma de feijão da UFV. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 62p.
- Oliveira, A. C., Queiroz, K., Helbig, E., Reis, S., Carraro, F. (2001) O processamento doméstico do feijão-comum ocasionou uma redução nos fatores antinutricionais fitatos e taninos, no teor de amido e em fatores de flatulência rafinose, estaquiase e verbascose. *Arch. Latinoam. Nutr.*, 51(3): 276-283.
- Pimentel-Gomes, F., Garcia, C.H. (2002). *Estatística aplicada a experimentos agrônomicos e florestais: exposição com exemplos e orientações pra uso de aplicativos*. Piracicaba, FEALQ. 309 p.
- Plhak, L.C., Caldwell, K.B., Stanley, D.W. (1989) Comparison of methods used to characterize water inhibition in hard-to-cook beans. *Journal of Food Science*, 54(3): 326-336.
- Proctor, J.R., Watts, B.M. (1987) Development of a modified Mattson bean cooker procedure based on sensory panel cookability evaluation. *Canadian Institute of Food Science and Technology*, 20(1): 9-14.
- Ramalho, M. A. P.; Abreu, A. F. B. (2006) Cultivares. In: Vieira, C., Paula Júnior, T. J., Borém, A. *Feijão*. 2ª edição, Editora UFV, p.415-436.
- Ramos Júnior, E.U., Lemos, L.B. (2002) Comportamento de cultivares de feijão quanto à produtividade e qualidade dos grãos. In: *Anais do Congresso Nacional de Pesquisa de Feijão*, 7, Viçosa: UFV, p.263-266.
- Ramos Júnior, E.U., Lemos, L.B., Silva, T.R.B. (2005). Componentes da produção, produtividade de grãos e características tecnológicas de cultivares de feijão. *Bragantia*, 64(1): 75-82.
- Ribeiro, N.D., Rodrigues, J.A., Cargnelutti Filho, A., Poersch, N.L., Trentin, M., Rosa, S.S. (2007) Efeito de períodos de semeadura e das condições de armazenamento sobre de grãos de feijão para cozimento. *Bragantia*, 66: 157-163.
- Rios, A.O., Abreu, C.M.P., Corrêa, A.D. (2003) Efeito da estocagem e das condições de colheita sobre algumas propriedades físicas, químicas e

nutricionais de três cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). *Ciência e Tecnologia de Alimentos*, 23: 39-45.

Rodrigues, J.A., Ribeiro, N.D., Filho, A.C., Trentin, M., Londero, P.M.G. (2005) Qualidade para o cozimento de grãos de feijão obtidos em diferentes épocas de semeadura. *Bragantia*, Campinas, 64(3): 369-376.

Rodrigues, J.A., Ribeiro, N.D., Poersch, N.L., Londero, P.M.G., Cargnelutti Filho, A. (2004) Standardization of imbibition time of common bean grains to evaluate cooking quality. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, 4(4): 465-471.

Scholz, M.B.S., Fonseca Júnior, N. S. (1999) Efeitos de ambiente, dos genótipos e da interação genótipos x ambiente na qualidade tecnológica do feijão do grupo cores no Estado do Paraná. In: Anais da RENAFE – Reunião Nacional de Pesquisa de Feijão, 6., Salvador, BA. *Resumos expandidos...* Goiânia: EMBRAPA-Arroz e Feijão, 1: 339-342. (Documentos, 99)

3.4. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.) COM BASE EM MARCADORES MOLECULARES, CARACTERES CONTÍNUOS E MULTICATEGÓRICOS

RESUMO

O conhecimento da dissimilaridade genética pode ser utilizado como critério de seleção de parentais em programas que envolvam cruzamentos. Os métodos preditivos da divergência baseiam-se nas diferenças entre genitores, sejam estas morfológicas, agronômicas, fisiológicas ou moleculares. Os objetivos deste trabalho foram: estimar a dissimilaridade genética entre 29 linhagens e quatro cultivares de feijoeiro-comum, por meio da análise individual e combinada de caracteres contínuos, multicategóricos e moleculares; promover o agrupamento dos genótipos em função dessas análises; e apontar as combinações híbridas mais promissoras para a geração de populações segregantes. Os genótipos foram avaliados quanto a nove caracteres contínuos e quatorze caracteres multicategóricos, além da análise molecular com 19 iniciadores ISSR. As análises de dissimilaridade foram realizadas, separadamente, para cada grupo de caracteres, além da análise simultânea dos dados (contínuos, multicategóricos e moleculares), utilizando-se o algoritmo de Gower. Os agrupamentos foram obtidos pelo método UPGMA. Por meio da análise de variância, foi possível detectar diferenças significativas entre os genótipos para todos os caracteres contínuos

avaliados. A análise molecular com os marcadores ISSR resultou em 34 fragmentos polimórficos, num total de 89 fragmentos. O agrupamento com base nas variáveis multicatóricas obteve o maior coeficiente de correlação copenética (0,88) em comparação aos demais. Esse agrupamento foi muito similar ao agrupamento gerado pela análise combinada dos dados ($r = 0,84$). Com base no agrupamento gerado com a utilização das variáveis multicatóricas, na análise das médias e genealogia das linhagens, foi possível a indicação dos cruzamentos: linhagem 14 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 112; linhagem 33 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 116; e linhagem 27 x linhagem 129 como os mais promissores para a obtenção de recombinantes superiores.

ABSTRACT

Knowledge on genetic dissimilarity may be used as a criterion for the selection of parents in breeding programs involving crosses. Predictive methods of divergence are based on differences between parents, whether morphological, agronomic, physiological or molecular. This study aimed to estimate the genetic dissimilarity between 29 lines and four cultivars of common bean, by individual and combined analysis of continuous, multi-category and molecular traits; promote the grouping of genotypes according to this analysis; and determine the most promising hybrid combinations to generate segregating populations. The genotypes were evaluated for nine continuous traits and fourteen multi-category traits, besides the molecular analysis with 19 ISSR primers. The dissimilarity analyses were performed separately for each group of characters, besides the simultaneous analysis of data (continuous, multi-category and molecular data) using the algorithm of Gower. The clusters were obtained by the UPGMA method. The analysis of variance allowed to detect significant differences among genotypes for all continuous traits evaluated. Molecular analysis with ISSR markers resulted in 34 polymorphic fragments, totaling 89 fragments. The grouping based on the multi-category variables presented the highest copenetic correlation coefficient (0.88),

compared to the others. This grouping was very similar to the grouping generated by the combined data analysis ($r = 0.84$). Based on the grouping generated with the use of multi-category variables, in the analysis of the averages and genealogy of the lines, it was possible to indicate the following crosses as the most promising for obtaining superior recombinants: lines 14 x 112; 27 x 112; 33 x 112; 27 x 116; and 27 x 129.

INTRODUÇÃO

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos principais alimentos da população brasileira. É, também, um dos principais produtos agrícolas destinados ao mercado interno, possuindo elevada relevância econômica, social e nutricional (Ferreira et al., 2002).

Geralmente, nos programas de melhoramento do feijoeiro, busca-se a obtenção de linhagens superiores às existentes em cultivo. Considerando que se deseja reunir alelos favoráveis presentes em diferentes genitores, o melhoramento do feijoeiro baseia-se, principalmente, em cruzamentos entre linhagens e/ou cultivares, visando à obtenção de populações segregantes (Zimmermann et al., 1996). Desse modo, uma das principais etapas em um programa de melhoramento de feijão é a seleção de genitores para a obtenção dessas populações.

O conhecimento da dissimilaridade genética pode ser utilizado como critério de seleção de parentais em programas que envolvam cruzamentos (Ribeiro e Storck, 2003; Elias et al., 2008). Cruzamentos entre genótipos geneticamente divergentes são importantes estratégias para a obtenção de ganhos de seleção (Teixeira et al., 2004), entretanto, tais genótipos devem ter desempenho superior para caracteres de importância agrônômica (Coimbra e Carvalho, 1998).

A dissimilaridade genética entre genitores pode ser avaliada com base na quantificação da heterose ou por métodos preditivos. A heterose pode ser quantificada, utilizando-se as análises dialélicas, quando são avaliados p

genitores e todas as suas combinações híbridas possíveis $(p(p-1)/2)$ (Cruz et al., 2004). Os métodos preditivos da divergência baseiam-se nas diferenças entre genitores, sejam estas morfológicas, agronômicas, fisiológicas ou moleculares (Cargnelutti Filho et al., 2008).

As análises de dissimilaridade entre genótipos, por meio da utilização de recursos da análise multivariada, têm contribuído para o estudo do feijoeiro-comum (Coimbra et al., 1999; Benin et al., 2002; Ribeiro e Storck, 2003; Elias et al., 2007) permitindo a identificação de genótipos que possibilitem maior efeito heterótico na progênie, aumentando as chances de geração de recombinantes superiores nas populações segregantes (Cruz e Carneiro, 2003).

Análises de diversidade genética, baseadas em marcadores moleculares, têm sido realizadas com sucesso para a cultura do feijão (Métais et al. 2000; Franco et al., 2001; Alzate-Marin et al., 2003; Galván et al., 2003; Carvalho et., 2008), fornecendo medidas da variabilidade existente entre genótipos. O estudo da dissimilaridade genética por meio de marcadores moleculares de DNA possibilita acessar um maior número de locos polimórficos (Borém e Caixeta, 2006), permitindo a distinção entre genótipos com características morfológicas muito semelhantes (Kumar et al., 2001; Lefebvre et al., 2001).

A técnica ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) é uma das metodologias empregadas para a detecção de variabilidade genética a nível molecular (Zietkiewicz et al., 1994). Esse método permite a amplificação de segmentos de DNA localizados entre duas sequências microssatélites idênticas, orientadas em direções opostas. Os marcadores ISSR são uma forma simples, rápida e de custo reduzido em relação a outras técnicas, para detecção de diversidade genética, para identificação de cultivares relacionadas e para estudos de processos evolucionários, tais como sistemas reprodutivos e fluxo gênico (González et al., 2005).

Singh et al. (1991) recomendam a integração das análises moleculares com a avaliação de caracteres morfológicos, agronômicos e bioquímicos, pois fornecem informações complementares, aumentando a eficácia das análises de diversidade genética. Assim, o estudo da dissimilaridade genética, onde diversos caracteres podem ser acessados, simultaneamente, nos genótipos, é uma ferramenta valiosa na identificação da variabilidade genética. Nesse sentido, o algoritmo de Gower (Gower, 1971) tem sido utilizado para quantificação da

dissimilaridade genética por meio da análise simultânea de caracteres contínuos, multicategóricos e binários em algumas culturas (Vieira et al., 2007; Gonçalves et al., 2008; Bertan et al., 2009; Ramos et al., 2011).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivos: i) estimar a dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro-comum por meio da análise individual e conjunta de caracteres contínuos, multicategóricos e moleculares; ii) promover o agrupamento dos genótipos em função dessas análises; e, iii) indicar combinações híbridas promissoras para a obtenção de recombinantes superiores.

MATERIAL E MÉTODOS

Material Genético

O material genético utilizado para a realização do presente trabalho foi constituído por 29 linhagens desenvolvidas pelo programa de melhoramento do feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) da UENF (Tabela 1) e as cultivares Xamego, Xodó, Porto Real e Ipanema. Os genótipos foram avaliados quanto a caracteres morfoagronômicos, caracteres relacionados às qualidades tecnológicas e nutricionais e marcadores de DNA.

Caracteres morfoagronômicos

As avaliações dos caracteres morfoagronômicos foram efetuadas em ensaios conduzidos nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara. O município de Campos dos Goytacazes localiza-se na região Norte do Estado do Rio de Janeiro, situa-se a 21°45'15" Latitude Sul e 41°19'28" Longitude Oeste, com altitude média de 13 m.

O município de Itaocara está localizado na região Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, situa-se a 21°40'09" Latitude Sul e 42°04' Longitude Oeste, com altitude de 60 m (IBGE, 2011).

Tabela 1 – Linhagens de feijoeiro-comum avaliadas no presente estudo, com respectivas genealogias. Campos dos Goytacazes, 2010

Linhagens	Genealogia
6	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
7	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
8	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
11	'Xamego' x 'Rico Pardo 896'
12	'Xamego' x 'Caraoata 260'
14	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
18	'Xodó' x 'Rico Pardo 896'
22	'Xodó' x 'Precoce 60 dias'
27	'Precoce 60 Dias' x 'Moruna'
29	'Moruna' x 'Rico 23'
30	'Moruna' x 'Rico 23'
31	'Moruna' x 'Rico 23'
32	'Moruna' x 'Rico 23'
33	'Moruna' x 'Rico 23'
36	'Moruna' x 'Rico 23'
37	'Moruna' x 'Rico 23'
106	'Venezuela' x 'Varre-Sai'
107	'Venezuela' x 'Varre-Sai'
112	'Porto Real' x 'Varre-Sai'
114	'Varre-Sai' x 'Xodó'
116	'Ouro Negro' x 'Varre-Sai'
118	'Porto Real' x 'Ouro Negro'
120	'Porto Real' x 'Ouro Negro'
121	'Porto Real' x 'Xodó'
122	'Porto Real' x 'Varre-Sai'
129	'Ouro Negro' x 'Xodó'
132	'Xodó' x 'Ipanema'
133	'Xodó' x 'Ipanema'
134	'Porto Real' x 'Ipanema'

No ano de 2009, foram realizados três ensaios. Dois ensaios foram conduzidos no município de Campos dos Goytacazes, um deles na área de convênio da UENF com a Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (Pesagro-Rio) e o outro no Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo. O terceiro ensaio foi conduzido no município de Itaocara, na Estação Experimental, na Ilha Barra do Pomba. Em 2010, também foram efetuados três ensaios de maneira análoga ao ano de 2009.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com três repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de quatro linhas de 5m de comprimento, espaçadas de 0,5m, sendo semeadas 14 sementes por metro. As duas linhas centrais constituíram a área útil da parcela, sendo desconsiderados 0,5m de cada extremidade, perfazendo, dessa forma, 4m². Os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura na região. Porém, visando avaliar a ocorrência natural de doenças, não foi efetuado controle das mesmas.

Os caracteres avaliados compõem os descritores mínimos necessários para o registro de cultivares de feijão no Brasil (BRASIL, 2001). A maioria das características foi avaliada conforme procedimentos descritos por Silva (2005). Os caracteres considerados são mencionados a seguir:

a) Antocianina no hipocótilo (AH) – a ausência (1) ou presença (2) de antocianina no hipocótilo foi observada quando as folhas primárias estavam completamente expandidas.

b) Número de dias para florescimento (NDEF) – determinado pelo número de dias compreendidos entre a emergência das plantas até a presença de, pelo menos, uma flor aberta em 50% das plantas da parcela.

c) Cor da flor (CF) – observada em flores recém-abertas, segundo a classificação: branca (1), rosa (2) ou violeta (3).

d) Severidade de doenças (antracnose, mancha angular, ferrugem e crestamento bacteriano comum) – na avaliação da severidade de doenças, foi utilizada uma escala de notas de 1 a 9, sendo a nota 1 para o fenótipo mais desejável, ou seja, ausência de sintomas, e 9 para o menos desejável (sintomas severos, a morte das plantas) para as principais doenças que ocorreram na cultura (Schoonhoven e Pastor-Corrales, 1987). As avaliações foram realizadas na fase de enchimento dos grãos, observando-se a área útil da parcela.

e) Número de dias para a maturação (NDEM) – determinado pelo número de dias compreendidos entre a emergência das plantas até, aproximadamente, 90% das vagens secas.

f) Cor da vagem na maturação (CVM) – avaliada durante a maturação fisiológica, em vagens imaturas. Conforme a classificação: roxo (1), vermelho carmim (2), verde raiado de roxo (3), verde raiado de carmim (4), verde raiado de vermelho claro (5), rosa escuro (6), verde normal (7), verde brilhante (8), verde baço a cinzento prateado (9), amarelo dourado ou forte (10) e amarelo claro a branco (11) (IPGRI, 2001).

g) Cor da vagem seca (CVS) – avaliada na maturação de colheita, em vagens maduras e completamente secas. Conforme a classificação: roxo escuro (1), vermelho (2), rosa (3), amarelo (4) e amarelo com manchas ou raiado (5) (IPGRI, 2001).

h) Hábito de crescimento (HC) – avaliado no florescimento e na maturação, conforme classificação: tipo I, plantas de crescimento determinado e arbustivo (1); tipo II, plantas com crescimento indeterminado, ausência de guias nos ramos laterais e guia curta na haste principal (2); tipo III, plantas de crescimento indeterminado, a haste principal e os ramos laterais terminam com uma guia, apresentam ramos prostrados ou semi-prostrados (3); e tipo IV, plantas de crescimento indeterminado, com pequeno desenvolvimento dos ramos laterais devido à forte dominância apical da haste principal (4).

i) Porte da planta (PP) – avaliado na floração e na maturação atribuindo-se a seguinte classificação: ereto (1), o caule possui posição vertical e o ângulo formado com os ramos não ultrapassa 90°; semi-ereto (2), o caule mantém a posição vertical, mas o ângulo ultrapassa 90°; prostrado (3), o caule apresenta-se inclinado, com tendência a prostrar-se sobre o solo e o ângulo formado pelo caule e os ramos alcança, aproximadamente, 120°; e semi-prostrado (4), com caule parcialmente ereto e ramos com forte inclinação.

j) Arquitetura de planta (AR) – avaliada, com notas de 1 (porte ereto, altura da primeira vagem distante do solo, superior a 12 cm, planta compacta e sem guia) a 9 (planta bastante ramificada, maioria das vagens em contato com o solo e excesso de guias). As avaliações foram feitas no estágio de maturação (Costa et al., 1990) .

l) Acamamento (AC) – avaliado na maturação por meio de uma escala de notas, onde 1 = nenhuma planta acamada na parcela e 9 = todas as plantas da parcela acamadas (Costa et al., 1990).

m) Comprimento da haste principal (CHP) – corresponde à distância do colo da planta até o ápice da haste principal, expresso em cm, avaliado na maturação, em uma amostra de cinco plantas tomadas ao acaso na área útil da parcela.

n) Produtividade de grãos (PROD) – estimada em função da produção da área útil de cada parcela experimental e convertida em kg ha^{-1} , corrigida para 13% de umidade.

o) Massa de mil grãos (MMG) – determinada por meio da contagem de mil grãos, em amostras com 12 a 14% de umidade, seguida da pesagem em balança de precisão, expressa em gramas.

p) Cor do tegumento dos grãos (CS) – observação realizada em sementes provenientes da colheita de vagens secas, considerando-se a seguinte classificação: preta (1), creme com estrias marrons (2), rosa (3) e marrom (4).

q) Brilho da semente (BS) – determinado em sementes secas, considerando-se a seguinte variação: opaco (1), intermediário (2) ou brilhoso (3).

r) Forma da semente (FS) – avaliada em 20 sementes tomadas ao acaso, baseada na relação comprimento/largura, expressa em mm. Classificada em: esférica (1), 1,16 a 1,42; elíptica (2), 1,43 a 1,65; oblonga/reniforme curta (3), 1,66 a 1,85; oblonga/reniforme média (4), 1,86 a 2,00; e oblonga/reniforme longa (5) > 2,00.

s) Perfil da semente (PS) – avaliado em 20 sementes tomadas ao acaso, por meio da relação espessura/largura, expresso em mm, podendo ser: achatada (1) < 0,69; semi-cheia (2), de 0,70 a 0,79; e cheia (3) > 0,80.

Caracteres relacionados às qualidades tecnológicas e nutricionais

As avaliações do tempo de cozimento foram realizadas no laboratório do Programa de Melhoramento de Feijão da Universidade Federal de Viçosa. As análises de teor de proteína bruta nos grãos foram realizadas no Laboratório de Tecnologia de Alimentos da UENF. Nas análises de determinação de tempo de cozimento, considerou-se o delineamento em blocos casualizados com duas repetições. Para as avaliações do teor de proteína bruta e percentagem de

absorção de água pelos grãos, considerou-se o delineamento inteiramente casualizado com três repetições laboratoriais.

Os grãos de feijão utilizados para a composição dos tratamentos foram obtidos do experimento realizado no período de maio a agosto de 2010, em área experimental de convênio da UENF com a Pesagro-Rio, no município de Campos dos Goytacazes. A colheita manual das plantas foi efetuada em agosto de 2010, na maturação. Os grãos de feijão, após a trilha e limpeza, foram secos até umidade média de 13%. Após o beneficiamento, os grãos foram acondicionados em sacos de papel e armazenados, por 90 dias, em condições ambientais.

A avaliação do tempo de cozimento foi realizada com 25 grãos de feijão, por repetição. O aparelho cozedor de Mattson, com 25 hastes, foi utilizado conforme metodologia adaptada de Proctor e Watts (1987). Nessa avaliação, os grãos de feijão foram colocados em embebição em água destilada por 16 horas. Após este período, a água foi descartada e os grãos colocados na placa suporte do aparelho, ficando cada haste sobre um grão. O aparelho foi acondicionado em uma panela com 1 L de água fervente, mantendo-se o aquecimento. À medida que ocorria o cozimento, as hastes caíam e suas pontas atravessavam os grãos. O tempo de cocção foi considerado quando 50% mais um dos grãos foram perfurados, ou seja, a queda de 13 das 25 hastes.

O método utilizado para determinar o teor de proteína bruta (PB%) foi o proposto por Kjeldahl (AOAC, 1995), o qual se baseia no teor de nitrogênio total (N) contido na amostra, seguindo a fórmula: $PB\% = \text{conteúdo de N total} \times 6,25$.

Marcadores de DNA

As análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal do Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (LMGV/CCTA/UENF), em Campos dos Goytacazes - RJ.

Para a análise molecular utilizando os marcadores ISSR, sementes de cada um dos 33 genótipos foram semeadas em vasos em casa de vegetação, na área de convênio da UENF com a Pesagro-Rio. Após 40 dias da semeadura, folíolos de 12 plantas por genótipo foram coletados, aleatoriamente, para a extração de DNA. Os folíolos correspondentes a cada genótipo foram reunidos em um envelope de papel alumínio, identificados e acondicionados em uma caixa

de isopor com gelo durante o tempo de coleta e transporte até o laboratório. No laboratório, o material foi mergulhado em nitrogênio líquido e, imediatamente, acondicionado, em ultrafreezer, a uma temperatura de -86°C até o momento da extração de DNA.

O tecido vegetal de cada genótipo foi macerado, separadamente, em nitrogênio líquido até tornar-se pó. Em seguida, aproximadamente 100 mg desse material foi transferido para um tubo *ependorf* de 1,5 ml. Os tubos foram imersos em nitrogênio líquido até o momento da extração de DNA. O DNA genômico total foi extraído conforme a metodologia do *Plant Genomics DNA Extraction Kit YGP 100* – RBC (BioAmerica).

A quantificação do DNA de cada amostra foi realizada em gel de agarose a 0,8%. Uma alíquota de 2 μl de DNA de cada genótipo foi colocada em um microtubo, adicionando-se, a seguir, 6 μl de uma solução, contendo os corantes *Gel Red* e *Blue Juice* na proporção de 1:1. Logo após, o DNA foi aplicado em gel de agarose, aplicando-se, também, o marcador *High DNA Mass Ladder* (*Invitrogen, USA*). Após a eletroforese, o DNA foi visualizado por meio de luz ultravioleta e a imagem do gel foi capturada para análise por meio do sistema de fotodocumentação *MiniBis Pro* (*Bio-Imaging Systems*). A concentração do DNA de cada amostra foi obtida, analisando-se a imagem do gel com o auxílio do Programa *Imagej*. Posteriormente, cada amostra de DNA foi diluída a uma concentração de $5 \text{ ng} \cdot \mu\text{l}^{-1}$ para utilização nas reações de polimerase em cadeia (PCR).

Inicialmente, foi realizada uma triagem com 65 iniciadores, alguns já utilizados para *Phaseolus* (Galván et al., 2003; Gonzalez et al., 2005; Svetleva et al., 2006; Sicard et al., 2008) e outros disponíveis no LMGV. Como critério de seleção, foi adotada a presença de marcas nítidas e polimórficas. Assim, dezenove iniciadores foram selecionados por apresentar um bom padrão de amplificação, sendo determinadas as temperaturas de anelamento e o número de ciclos para cada um deles (Tabela 2). Desses iniciadores, oito são dinucleotídeos, oito trinucleotídeos, dois tetranucleotídeos e um pentanucleotídeo, todos sintetizados pela *Invitrogen*.

Tabela 2 – Iniciadores ISSR selecionados para utilização no presente estudo, temperatura de anelamento (Ta) e número de ciclos para cada iniciador

Nº	Iniciador sequência (5'→3')	Ta (°C)	Nº de ciclos
1	(AC) ₈ CTT	50,0	42
2	(ACC) ₆	60,6	40
3	(AG) ₇ C	40,2	40
4	(AG) ₈ YT*	50,6	40
5	(ATC) ₆ T	54,7	42
6	(ATG) ₆ G	52,5	40
7	(CAC) ₃ GC	42,3	38
8	(CT) ₈ G	45,0	38
9	(GA) ₈ YT*	46,1	40
10	(GA) ₉ AC	50,0	42
11	(GAA) ₆ AA	48,0	38
12	(GACA) ₄	51,3	40
13	(GGAT) ₄	53,5	42
14	G (CTA) ₆	39,4	40
15	(GTG) ₄ RC*	46,1	38
16	GAG (CAA) ₅	55,8	40
17	VHV(GT) ₇	47,0	40
18	HVH(TG) ₇	37,8	42
19	(GGGTG) ₃	52,5	42

*Y = C ou T; R = A ou G

A análise molecular via marcadores ISSR foi efetuada conforme a metodologia sugerida por Zietkiewicz et al. (1994) com algumas modificações. As reações de amplificação via PCR foram realizadas em um volume de 13 µl, sendo 2 µl de DNA e 11 µl de uma mistura dos seguintes reagentes: 6,98 µl de água ultrapura; 1,30 µl de tampão 10x((NH₄)₂SO₄); 1,04 µl de dNTP; 0,78 µl de MgCl₂; 0,78 µl de iniciador e 0,12 µl de Taq DNA polimerase. As reações de PCR, realizadas em termociclador gradiente Mastercycler Eppendorf 5331, foram conduzidas do seguinte modo: 4 minutos a 94°C para desnaturação inicial, seguindo-se de 38 a 42 ciclos, e 7 minutos a 72°C para extensão final. Cada ciclo consistiu de 1 minuto a 94°C para desnaturação, 1 minuto à temperatura de anelamento de acordo com o iniciador (Tabela 2) e 3 minutos a 72°C para extensão.

Os fragmentos de DNA amplificados foram separados por eletroforese a 100 volts, por, aproximadamente, duas horas. Tampão TAE 1X e gel de agarose a 1,5%, contendo os produtos da amplificação adicionados de 6 µl da mistura de corantes *Gel Red* e *Blue Juice* (1:1), além de um marcador *Ladder* (*Invitrogen, USA*) de 100 pares de bases foram utilizados nesse procedimento. Após a eletroforese, o gel foi submetido à luz ultravioleta para visualização dos resultados no sistema de fotodocumentação *MiniBis Pro* (*Bio-Imaging Systems*) e sua imagem capturada para análise posterior.

Análise dos dados

As médias dos caracteres NDEF, NDEM, CHP, PROD, MMG, AR, AC, tempo de cozimento e teor de proteína bruta nos grãos foram obtidas por meio de procedimentos de análise de variância. Nessas variáveis, aplicou-se o teste de normalidade de acordo com Shapiro-Wilks, buscando-se identificar possíveis desvios de normalidade. O teste de agrupamento de médias de Scott-Knott foi realizado a 5% de probabilidade. Os dados quantitativos foram submetidos à análise de divergência genética, obtendo-se a matriz de distância, utilizando-se a metodologia distância de Manhattan.

As variáveis multicatórias (AH, CF, A, CBC, MA, FE, CVM, CVS, HC, PP, CS, BS, FS e PS), também, foram utilizadas para análise de divergência genética, por meio do índice de dissimilaridade obtido a partir da concordância ou discordância de categorias para os caracteres considerados (Cruz et al., 2008).

Para composição das classes relativas às avaliações de ocorrência natural de doenças (AN, CBC, MA e FE), foram utilizadas as notas máximas observadas para cada genótipo.

Os dados moleculares foram obtidos pela avaliação visual dos fragmentos amplificados mais consistentes e evidentes nos 33 genótipos, gerados pela utilização dos marcadores ISSR. Uma matriz de dados binários foi elaborada, onde o número um correspondeu à presença de banda e o zero, à ausência de banda. Essa matriz foi utilizada para a obtenção da matriz de dissimilaridade genética por meio do Complemento Aritmético do Índice de Jaccard.

A análise da divergência genética, também, foi efetuada, utilizando-se, simultaneamente, os dados quantitativos, multicategóricos e binários. Para isso, a matriz de distância genética foi obtida por meio do algoritmo de Gower (1971), conforme apresentado por Crossa e Franco (2004) como medida de dissimilaridade, expressa por:

$$d_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p w_{ijk} d_{ijk}}{\sum_{k=1}^p w_{ijk}},$$

em que k é o número de variáveis ($k=1,2,\dots,p$); i e j dois genótipos quaisquer; w_{ijk} é um peso usado para definir as contribuições individuais dos d_{ijk} 's, atribuindo-se o valor 1 para comparações válidas e o valor 0 para comparações inválidas, ou seja, quando há dados perdidos em um ou ambos os genótipos, ou, no caso de dados binários, quando há concordância para ausência de informação; d_{ijk} é a contribuição da variável k para a dissimilaridade entre os genótipos i e j . Se a variável é binária ou multicategórica, d_{ijk} é igual a 0 quando há concordância entre os genótipos i e j para a variável k , caso contrário d_{ijk} é igual a 1. Para variáveis contínuas, d_{ijk} é igual ao módulo da diferença entre os valores observados para a variável k nos genótipos i e j , dividido pela amplitude de variação da variável k . Desse modo, essa análise permite a eliminação das diferenças entre escalas das variáveis, produzindo valores entre 0 e 1 (Crossa e Franco, 2004).

As análises de agrupamento foram efetuadas por meio dos métodos hierárquicos UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*) e Vizinheiro Mais Próximo. Os coeficientes de correlação cofenética (CCC) foram estimados e analisados pelo teste "t", para verificação do ajuste entre as matrizes de distância e as matrizes de agrupamento (Sokal e Rohlf, 1962). O

teste de Mantel (Mantel, 1967), com 1.000 permutações, foi realizado para a obtenção das estimativas de correlações entre as matrizes.

As análises de variância, o teste de agrupamento de média de Scott-Knott, a análise de divergência utilizando os dados multicategóricos e moleculares, assim como as correlações entre matrizes de dissimilaridade foram realizados com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2009). A análise de divergência utilizando os dados quantitativos e a análise combinada dos dados foram efetuadas por meio do programa R (*R Development Core Team, 2006*). Os dendrogramas obtidos pelo método UPGMA foram gerados com o auxílio do programa MEGA versão 5 (Kumar et al., 2009).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Diferenças significativas ($P < 0,01$) entre os genótipos foram detectadas para todos os caracteres quantitativos avaliados, evidenciando variabilidade entre os genótipos estudados (Tabela 3). Os coeficientes de variação oscilaram de 2,24 a 22,40, indicando boa consistência dos dados experimentais. O ambiente e a interação genótipos por ambientes foram desconsiderados, uma vez que o foco deste estudo é a dissimilaridade entre os genótipos. Desse modo, apenas as médias dos genótipos, considerando-se todos os ensaios, foram utilizadas para as análises de divergência. Também foi observada variabilidade entre os genótipos para todos os caracteres morfológicos avaliados (Tabela 4).

Para o estudo da divergência genética, ambos os métodos UPGMA e Vizinho Mais Próximo apresentaram discordâncias em relação à genealogia das linhagens avaliadas em todos os agrupamentos gerados. Porém, o método UPGMA permitiu um melhor ajuste entre as matrizes cofenéticas e as matrizes de dissimilaridade, denotando maior confiabilidade dos agrupamentos. Desse modo, apenas, o método UPGMA foi considerado neste trabalho. Ramos et al. (2011) relataram uma maior precisão do método Vizinho Mais Próximo em comparação ao método UPGMA no estudo da divergência genética entre genótipos de *Carica papaya* L.

Tabela 3 – Valores médios dos caracteres tempo de cozimento (Tcocção), teor de proteína bruta (Proteína), produtividade de grãos (PROD), massa de mil grãos (MMG), número de dias da emergência ao florescimento (NDEF), número de dias da emergência a maturação (NDEM), comprimento da haste principal (CHP), arquitetura de plantas (AR) e acamamento (AC) avaliados em 33 genótipos de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2011

Genótipos	Caracteres								
	Tcocção (minutos)	Proteína (%)	PROD (kg ha ⁻¹)	MMG (g)	NDEF (dias)	NDEM (dias)	CHP (cm)	AR ^{1/} (nota)	AC ^{2/} (nota)
6	28,4 b	23,11 d	1.979,88 a	211,11 c	37,00 a	81,17 a	84,07 a	5,92 a	6,42 a
7	23,8 c	23,10 d	1.810,01 a	211,67 c	36,13 a	82,67 a	68,71 b	3,75 b	3,58 b
8	25,2 c	24,46 b	1.755,49 a	208,67 c	37,47 a	81,92 a	79,60 a	4,75 a	4,92 b
11	26,4 c	24,07 c	2.163,42 a	210,89 c	34,27 b	78,50 b	74,22 a	6,00 a	6,33 a
12	25,5 c	22,46 e	2.038,94 a	241,28 b	36,47 a	81,50 a	63,20 b	4,58 a	5,58 a
14	25,2 c	26,51 a	2.146,10 a	205,11 c	35,60 a	79,67 a	72,67 a	4,92 a	5,58 a
18	30,0 a	24,83 b	2.028,71 a	224,94 c	35,87 a	81,08 a	81,49 a	5,33 a	4,75 b
22	30,8 a	24,21 c	1.938,23 a	240,22 b	34,73 b	81,00 a	70,84 a	4,50 a	4,50 b
27	24,6 c	23,53 d	2.036,82 a	274,22 a	34,00 b	80,17 a	62,04 b	4,17 b	4,50 b
29	23,0 d	24,13 c	2.076,61 a	220,11 c	34,93 b	77,75 b	62,24 b	4,08 b	3,83 b
30	23,9 c	19,60 f	2.057,90 a	211,94 c	34,33 b	75,92 b	52,82 b	4,00 b	3,92 b
31	23,2 d	23,01 d	2.109,17 a	202,28 d	35,87 a	79,33 b	63,04 b	4,75 a	5,50 a
32	26,3 c	21,73 e	2.021,06 a	205,89 c	35,20 b	77,67 b	61,47 b	3,25 b	4,42 b
33	27,7 b	22,03 e	2.204,38 a	232,06 b	35,20 b	77,50 b	68,31 b	4,67 a	5,17 a
36	22,2 d	25,20 b	1.888,11 a	226,28 c	37,20 a	79,67 a	63,07 b	3,25 b	3,08 b
37	22,0 d	24,58 b	2.096,42 a	193,67 d	35,20 b	77,75 b	59,29 b	4,25 b	4,67 b
106	28,8 b	24,28 c	1.730,89 a	195,72 d	36,93 a	80,08 a	64,56 b	4,92 a	5,50 a
107	24,3 c	22,20 e	1.785,67 a	208,39 c	36,33 a	81,08 a	71,42 a	4,83 a	5,25 a
112	21,6 d	21,57 e	2.107,51 a	255,56 a	34,00 b	77,33 b	70,96 a	5,58 a	5,75 a
114	31,3 a	23,77 c	1.969,35 a	208,39 c	36,47 a	80,58 a	78,51 a	4,58 a	4,17 b
116	25,4 c	23,52 d	2.151,52 a	231,17 b	36,20 a	81,58 a	74,89 a	5,33 a	5,25 a
118	23,0 d	23,91 c	2.206,04 a	236,94 b	34,13 b	80,83 a	79,67 a	5,17 a	5,83 a

Tabela 3, Cont.

Genótipos	Caracteres								
	Tcocção (minutos)	Proteína (%)	PROD (kg ha ⁻¹)	MMG (g)	NDEF (dias)	NDEM (dias)	CHP (cm)	AR ^{1/} (nota)	AC ^{2/} (nota)
120	24,8 c	25,67 a	2.156,66 a	223,78 c	34,27 b	76,75 b	80,13 a	5,50 a	6,33 a
121	28,1 b	23,00 d	1.999,62 a	217,89 c	34,87 b	79,08 b	73,96 a	5,42 a	6,75 a
122	19,2 e	24,87 b	1.966,50 a	208,61 c	34,80 b	76,58 b	68,02 b	4,75 a	5,42 a
129	26,2 c	20,69 f	2.351,12 a	256,78 a	35,20 b	81,75 a	71,84 a	5,75 a	6,17 a
132	27,7 b	21,52 e	2.229,47 a	215,00 c	35,33 b	79,33 b	84,51 a	5,50 a	5,33 a
133	30,5 a	23,17 d	2.020,51 a	199,67 d	36,13 a	80,25 a	76,76 a	4,33 b	4,42 b
134	22,5 d	24,00 c	2.119,04 a	180,44 d	35,47 b	79,08 b	78,00 a	5,42 a	6,33 a
'Xamego'	22,2 d	25,98 a	1.797,79 a	199,17 d	36,20 a	82,25 a	72,76 a	2,83 b	3,58 b
'Porto Real'	27,9 b	22,14 e	2.184,13 a	248,44 b	34,07 b	77,42 b	78,73 a	5,58 a	7,08 a
'Xodó'	22,5 d	24,28 c	1.918,07 a	205,89 c	35,80 a	81,58 a	75,98 a	3,58 b	4,00 b
'Ipanema'	25,1 c	22,46 e	2.159,67 a	228,78 c	35,80 a	80,83 a	71,73 a	3,08 b	4,08 b
Média	25,43	23,44	2.036,51	219,42	35,59	79,69	71,50	4,68	5,09
QMG	17,80**	6,94**	400.778,25**	7.543,99**	14,47**	40,89**	539,29**	8,73**	12,31**
QMA	-	-	12.544.317,50**	2.643,53**	752,27**	1.728,35**	12.642,08**	49,05**	34,59**
QMGA	-	-	218.053,94**	272,11**	1,84**	10,21**	131,25	1,40**	3,00**
CV (%)	3,25	2,24	16,02	5,60	3,23	2,43	14,59	19,47	22,40

Médias seguidas de uma mesma letra, na coluna, pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

^{1/} Na avaliação da arquitetura de planta (AR), foi utilizada uma escala de notas de 1, porte ereto, altura da primeira vagem distante do solo, superior a 12cm, planta compacta e sem guia a 9 planta bastante ramificada, maioria das vagens em contato com o solo e excesso de guias.

^{2/} Na avaliação de acamamento (AC), foi utilizada uma escala de nove graus, onde 1 corresponde a nenhuma planta acamada na parcela e 9 todas as plantas da parcela acamadas.

Tabela 4 – Notas máximas de antracnose (A), crestamento bacteriano comum (CBC), mancha angular (MA) e ferrugem (FE); classificação quanto à presença de antocianina no hipocótilo (AH), cor de flor (CF), cor da vagem na maturação (CVM), cor da vagem seca (CVS), hábito de crescimento (HC), porte (PP), cor do tegumento dos grãos (CS), brilho (BS), forma (FS) e perfil da semente (PS) de 33 genótipos de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2011

Genótipos	Caracteres ^{1/}													
	A	CBC	MA	FE	AH	CF	CVM	CVS	HC	PP	CS	BS	FS	PS
6	1	3	5	6	2	3	3	5	3	4	1	1	2	2
7	4	5	5	4	2	3	3	5	2	1	1	2	2	2
8	5	4	5	3	2	3	1	1	4	3	1	1	2	2
11	4	3	5	3	2	3	7	5	3	4	1	1	2	2
12	5	3	6	4	2	3	7	5	2	4	1	1	2	2
14	4	3	5	3	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2
18	5	3	5	2	2	3	1	5	3	4	4	1	2	2
22	5	4	5	4	2	3	3	5	4	4	1	3	2	2
27	4	4	7	3	2	3	3	5	2	1	1	2	2	2
29	4	4	7	7	2	3	3	5	2	1	1	1	1	2
30	7	4	6	3	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2
31	4	3	7	4	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2
32	7	4	6	8	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2
33	6	3	8	3	2	3	3	5	3	4	1	1	2	2
36	7	4	6	5	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2
37	9	3	5	4	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2
106	9	4	9	3	2	3	9	5	2	1	1	1	2	1
107	9	5	6	6	2	3	3	5	2	1	1	1	2	1
112	4	4	7	5	1	1	7	4	3	4	3	1	2	2
114	4	3	5	7	2	3	3	5	2	1	1	1	2	1
116	8	4	5	2	2	3	5	5	4	4	1	1	2	2
118	3	4	7	3	2	3	3	5	4	4	1	1	2	1
120	4	3	7	3	2	3	3	5	4	4	1	1	2	2

Tabela 4, Cont.

Genótipos	Caracteres ¹													
	A	CBC	MA	FE	AH	CF	CVM	CVS	HC	PP	CS	BS	FS	PS
121	4	4	6	6	1	1	4	5	4	4	2	1	2	1
122	7	4	7	4	2	3	7	5	3	4	1	1	2	1
129	5	3	6	2	2	3	3	5	3	4	1	1	2	2
132	4	4	7	4	2	3	3	5	4	3	1	1	2	2
133	4	4	7	7	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2
134	2	3	8	4	2	3	3	5	3	3	1	1	2	2
'Xamego'	3	4	5	4	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2
'Porto Real'	4	4	7	4	1	1	4	4	3	4	2	1	2	2
'Xodó'	4	3	5	7	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2
'Ipanema'	4	4	5	4	2	3	3	5	2	1	1	1	2	2

^{1/} Na avaliação de severidade de doenças (A, CBC, MA e FE), foi utilizada uma escala de notas de 1 (ausência de sintomas) a 9 (totalmente infectado); AH: ausência (1) e presença (2); CF: branca (1), rosa (2) e violeta (3); CVM: roxo (1), verde raiado de roxo (3), verde raiado de carmim (4), verde raiado de vermelho claro (5), verde (7) e verde baço a cinzento prateado (9); CVS: roxo escuro (1), vermelho (2), rosa (3), amarelo (4) e amarelo com manchas ou raiado (5); HC: determinado arbustivo (1), indeterminado arbustivo sem guia nos ramos laterais (2), indeterminado prostrado com guia (3) e indeterminado trepador (4); PP: ereto (1), semi-ereto (2), prostrado (3) e semi-prostrado (4); CS: preto (1), bege com estrias marrons (2), rosa (3) e marrom (4); BS: opaco (1), intermediário (2) e brilhoso (3); FS: esférica (1) e elíptica (2); PS: achatada (1) e semi-achatada (2).

A condição de normalidade das variáveis contínuas foi verificada pelo teste Shapiro-Wilks previamente à análise de divergência. A dissimilaridade genética entre os 33 genótipos de feijoeiro-comum, estimada por meio da matriz de distância de Manhattan, obtida a partir de nove caracteres quantitativos, revelou as linhagens 114 e 133 como as mais similares, a distância máxima foi observada entre as cultivares Xamego e Porto Real, sendo, portanto, as mais divergentes. Vale ressaltar que as linhagens 114 e 133 compartilham, apenas, um parental; assim, esperava-se que linhagens provenientes de um mesmo cruzamento (Tabela 1) apresentassem a menor distância genética. A análise de agrupamento obtida pelo método aglomerativo hierárquico UPGMA, considerando-se como ponto de corte no dendrograma a distância média (0,28), permitiu a formação de três grupos (Figura 1).

Os grupos I e III foram constituídos por 13 e 15 genótipos, respectivamente. O grupo II agregou quatro linhagens provenientes do cruzamento 'Moruna' x 'Rico 23' e a linhagem 27 proveniente do cruzamento 'Precoce 60 Dias' x 'Moruna' (Figura 1).

De modo geral, foram observadas discrepâncias nos grupos formados em relação ao que seria esperado em termos de genealogia, isso pode ser constatado pela presença das linhagens 31 e 33 no grupo I, da linhagem 36 no grupo III, e das outras quatro linhagens provenientes do cruzamento realizado entre as cultivares Moruna e Rico 23 (Tabela 1) no grupo II (linhagens 29, 30, 32 e 37). As possíveis explicações para esse fato podem estar relacionadas ao número de caracteres avaliados, à herança poligênica dos caracteres quantitativos, bem como à influência do ambiente sobre esses caracteres, além das interações genótipos por ambientes (Krystkowiak et al., 2009).

A análise da divergência genética, baseada nos caracteres multicategóricos, teve alto coeficiente de correlação cofenética ($r = 0,88$) denotando boa precisão do agrupamento (Sokal e Rohlf, 1962). Essa análise revelou maior similaridade entre a linhagem 32 e as linhagens 30 e 36, fato condizente já que as mesmas têm genealogia em comum. Também foi observada menor distância entre a cultivar Xodó e a linhagem 114; ressalta-se que a cultivar Xodó é um dos parentais da linhagem 114. Além disso, foi observada maior similaridade entre as cultivares Xamego e Ipanema e entre as linhagens 29 e 133.

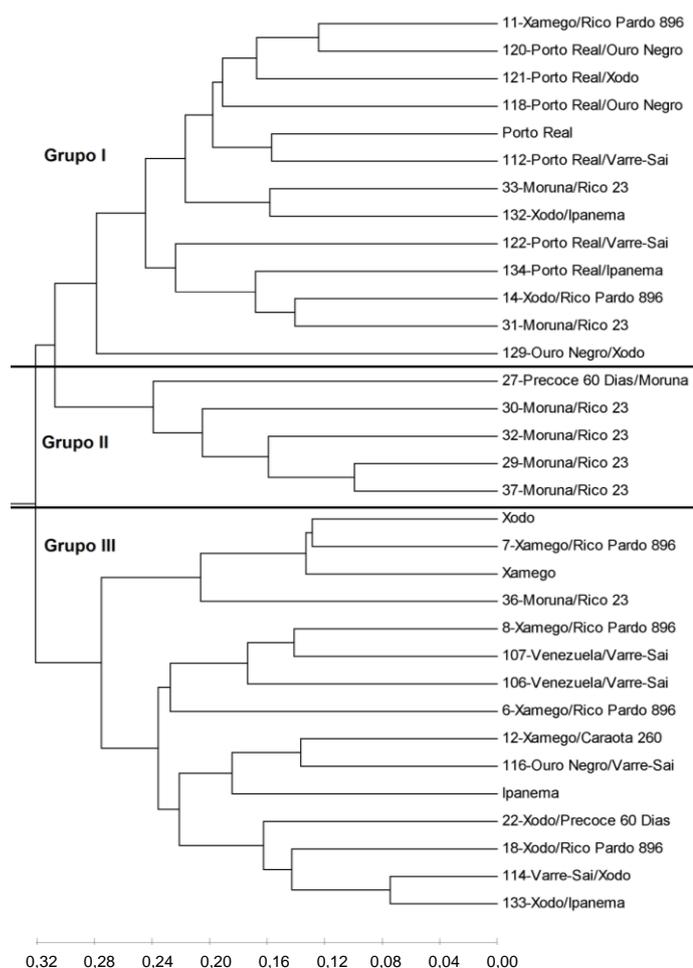


Figura 1 - Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*) baseado no estudo de 33 genótipos de feijoeiro-comum, usando a distância de Manhattan para análise de nove caracteres quantitativos (Coeficiente de correlação cofenética = 0,58). O eixo X representa a distância relativa entre os genótipos e, no eixo Y, estão representados os genótipos. As linhagens estão identificadas por números seguidos pela genealogia.

As maiores distâncias foram observadas entre a cultivar Porto Real e a linhagem 107 e entre as linhagens 107 e 112, contrariando, por um lado, a expectativa, pois essas duas linhagens possuem um parental em comum (Tabela 1). Por outro lado, essas linhagens têm características morfológicas bem distintas, como a cor da flor, cor da vagem, pigmentação no hipocótilo e cor da semente (Tabela 4).

O agrupamento obtido pelo método UPGMA, com base nos caracteres multicategóricos, considerando-se a distância média (0,42) como ponto de corte, permitiu a formação de quatro grupos (Figura 2). Os grupos I e II agregaram 16 e 14 genótipos, respectivamente. Todos os genótipos do grupo I têm hábito de crescimento indeterminado tipo 2, com ausência de guia nos ramos laterais e porte ereto de plantas. Esses genótipos, em geral, possuem uma melhor arquitetura de plantas e um menor grau de acamamento. Diferentemente do grupo I, os genótipos do grupo II têm porte prostrado ou semi-prostrado, e, conseqüentemente, maior grau de acamamento de plantas (Tabelas 3 e 4). Tais características são indesejáveis por dificultar o manejo mecanizado da cultura, pela ocorrência de vagens em contato com o solo o que poderá depreciar o produto colhido se houver chuva por ocasião da colheita, além de maior propensão a podridões.

O grupo IV foi constituído por, apenas, dois genótipos, a linhagem 112 e a cultivar Porto Real que é um dos parentais da linhagem 112. A linhagem 121 ficou separada no grupo III. Esses genótipos diferem dos demais pela coloração de flor branca e ausência de antocianina no hipocótilo; além disso, possuem tipo de grão carioca (linhagem 121 e 'Porto Real') ou rosinha (linhagem 112). Os demais genótipos avaliados são todos do grupo preto, com exceção da linhagem 18 que tem coloração do tegumento do grão marrom (Tabela 4).

A análise molecular, utilizando-se 19 iniciadores ISSR, selecionados previamente, possibilitou a obtenção de 89 fragmentos de DNA (Tabela 5). Desse total, 34 fragmentos foram polimórficos (38,2%) e 55 monomórficos (61,8%). Para essa análise, foram considerados, somente, os fragmentos de maior intensidade e com repetibilidade entre os genótipos analisados. A variação observada foi de 2 a 8 bandas, com uma média de 4,68 bandas por iniciador.

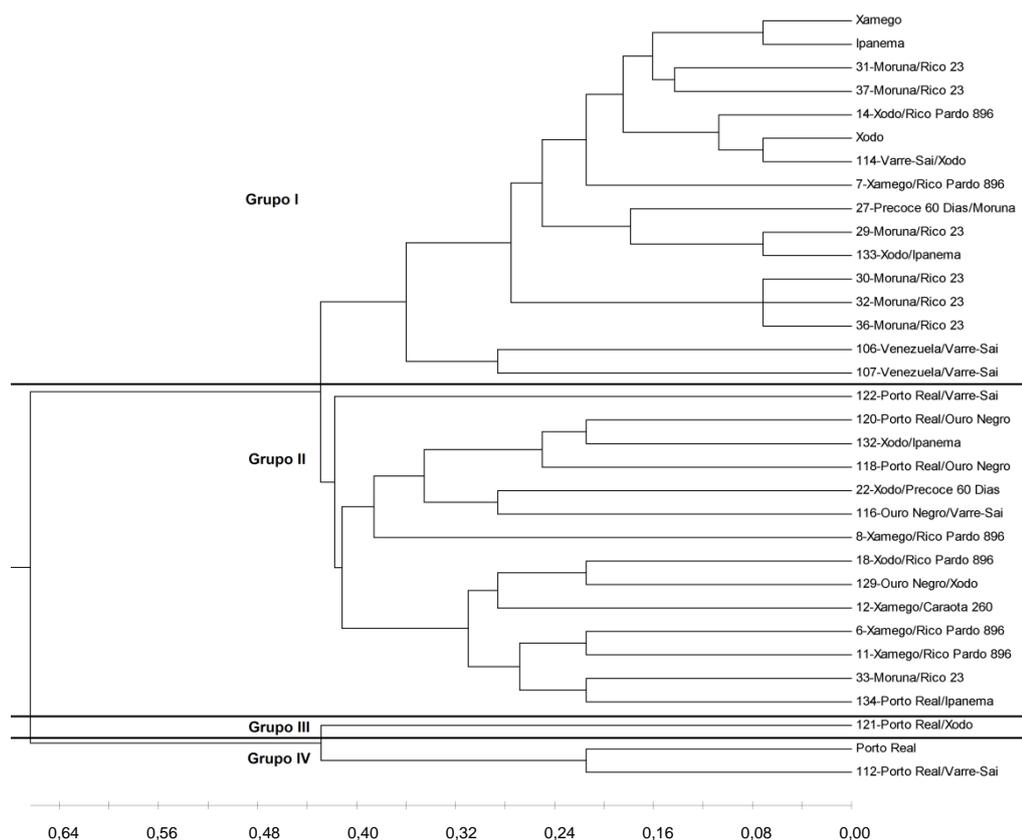


Figura 2 – Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA baseado no estudo de 33 genótipos de feijão por meio de 14 caracteres multicategóricos (coeficiente de correlação cofenética = 0,88). O eixo X representa a distância relativa entre os genótipos e, no eixo Y, estão representados os genótipos. As linhagens estão identificadas por números seguidos pela genealogia.

Tabela 5 – Sequência de iniciadores ISSR utilizados, temperatura de anelamento (TA), número de fragmentos amplificados e polimórficos gerados no estudo da divergência genética entre 33 genótipos de feijoeiro-comum. Campos dos Goytacazes, RJ, 2010

Nº	Iniciador sequência (5'→3')	TA (°C)	Fragmentos	
			amplificados	polimórficos
1	(AC) ₈ CTT	50,0	8	3
2	(ACC) ₆	60,6	3	1
3	(AG) ₇ C	40,2	4	2
4	(AG) ₈ YT*	50,6	6	4
5	(ATC) ₆ T	54,7	5	5
6	(ATG) ₆ G	52,5	2	0
7	(CAC) ₃ GC	42,3	5	1
8	(CT) ₈ G	45,0	4	2
9	(GA) ₈ YT*	46,1	3	1
10	(GA) ₉ AC	50,0	4	1
11	(GAA) ₆ AA	48,0	7	2
12	(GACA) ₄	51,3	5	3
13	(GGAT) ₄	53,5	7	6
14	G (CTA) ₆	39,4	4	1
15	(GTG) ₄ RC*	46,1	4	0
16	GAG (CAA) ₅	55,8	6	1
17	VHV(GT) ₇	47,0	4	1
18	HVH(TG) ₇	37,8	4	0
19	(GGGTG) ₃	52,5	4	0
Total			89	34
Média			4,68	1,79

*Y = C ou T; R = A ou G

Os iniciadores (GGAT)₄ e (ATC)₆T foram os mais informativos, gerando 6 e 5 fragmentos polimórficos, respectivamente. Cada iniciador gerou, em média, 1,76 fragmentos polimórficos. Svetleva et al. (2006), utilizando 13 iniciadores ISSR para estudar a divergência genética de 78 genótipos de feijoeiro-comum, observaram 55 (36,7%) fragmentos polimórficos em um total de 150 fragmentos obtidos.

A análise da divergência genética baseada nos dados moleculares, utilizando-se o complemento aritmético do índice de Jaccard para a estimativa das distâncias entre os genótipos, permitiu a identificação das linhagens 30 e 31 como as mais similares, fato condizente com a genealogia, pois tais linhagens são provenientes de um mesmo cruzamento (Tabela 1). A maior dissimilaridade foi observada entre as linhagens 12 e 121 que não compartilham parentais. A distância média (0,145) foi utilizada como ponto de corte na análise do agrupamento, verificando-se a formação de cinco grupos. O grupo I agregou 51% (17) dos genótipos estudados, incluindo as cultivares Xamego, Xodó, Ipanema e Porto Real; todas as sete linhagens provenientes do cruzamento Moruna/Rico 23 (Tabela 1), também, ficaram alocadas nesse grupo (Figura 3). Os grupos II e III foram constituídos por nove e quatro linhagens respectivamente. O grupo IV agregou as linhagens 112 e 121, e o grupo V foi formado, apenas, pela linhagem 27. A observação dos caracteres morfoagronômicos dos genótipos, em cada grupo gerado com os dados moleculares, não permitiu a distinção desses genótipos nos diferentes grupos.

A dissimilaridade genética, estimada a partir da análise conjunta dos dados quantitativos, multicategóricos e binários, possibilitou a identificação das cultivares Xamego e Xodó como as mais similares e as linhagens 7 e 112 como as mais divergentes. O agrupamento obtido pelo método UPGMA agregou os 33 genótipos de feijoeiro-comum em seis grupos, assumindo a distância média (0,4623) como o ponto de corte para definição dos grupos no dendrograma (Figura 4). Os grupos I e II agregaram 16 e 12 genótipos respectivamente. A linhagem 112 e a cultivar Porto Real formaram o grupo VI de maneira análoga ao agrupamento obtido com as variáveis multicategóricas. As linhagens 8, 27 e 121 ficaram separadas dos demais genótipos, constituindo os grupos III, IV e V respectivamente.

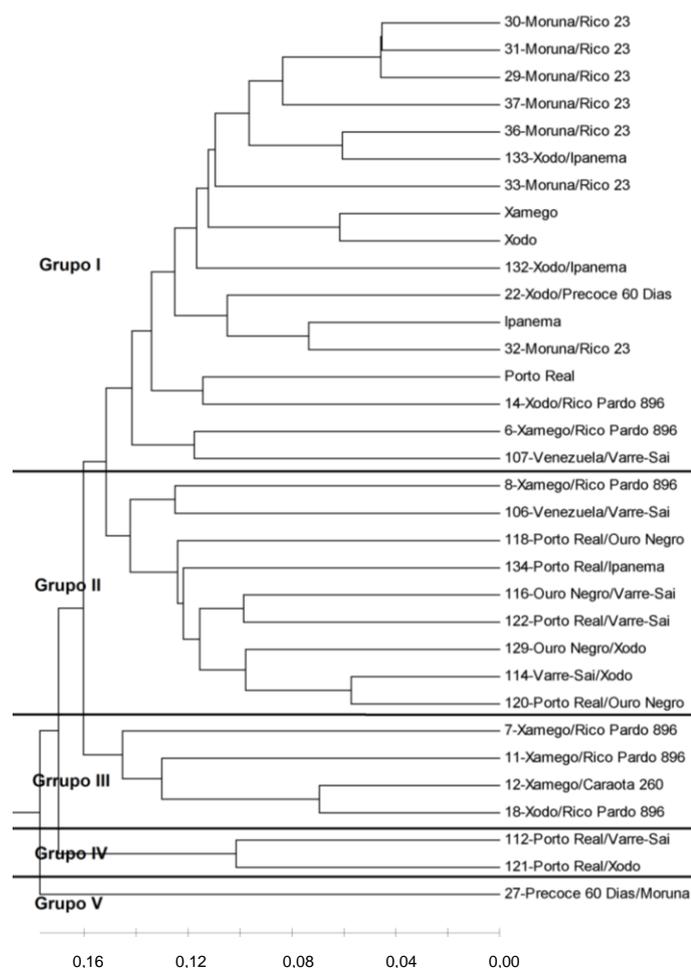


Figura 3 – Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA, com base no complemento aritmético do índice de Jaccard, resultante de marcas ISSR de 33 genótipos de feijão (coeficiente de correlação cofenética = 0,64). O eixo X representa a distância relativa entre os genótipos e, no eixo Y, estão representados os genótipos. As linhagens estão identificadas por números seguidos pela genealogia.

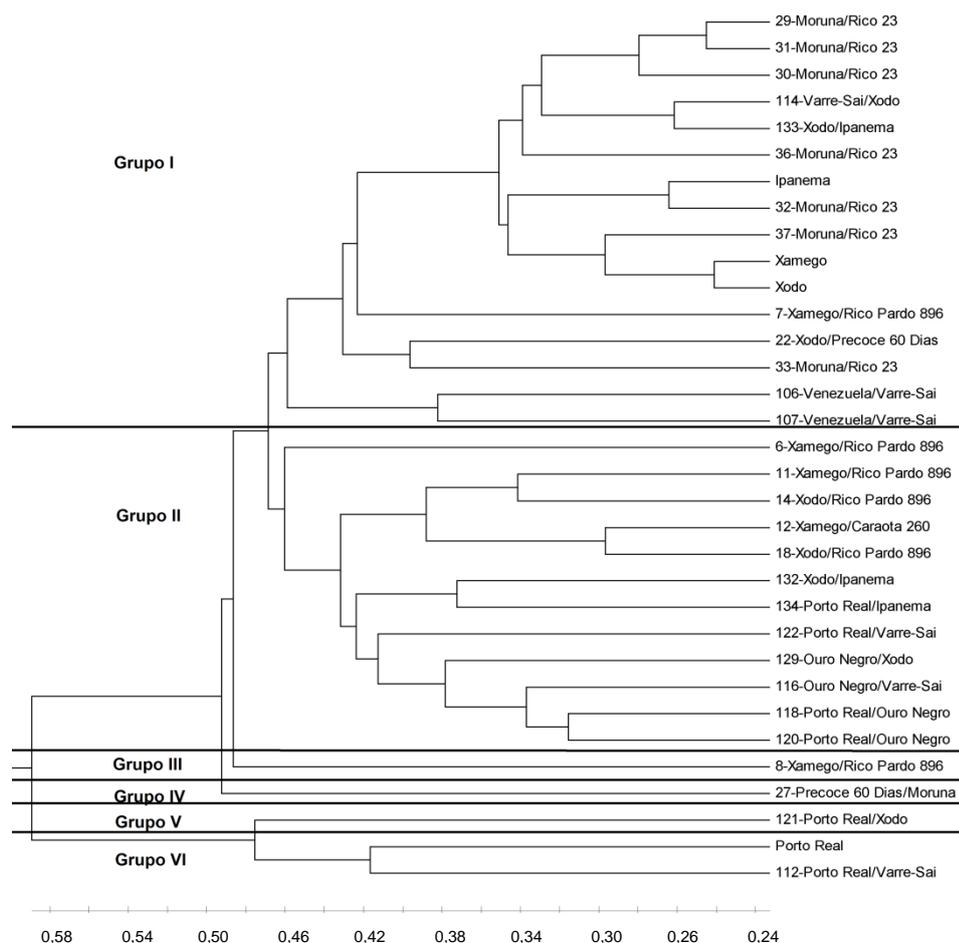


Figura 4 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA, baseado no estudo de 33 genótipos de feijão, usando o algoritmo de Gower para análise conjunta dos dados contínuos, multicategóricos e binários (coeficiente de correlação cofenética = 0,79). O eixo X representa a distância relativa entre os genótipos e, no eixo Y, estão representados os genótipos. As linhagens estão identificadas por números seguidos pela genealogia.

Observando-se os caracteres morfoagronômicos, verifica-se que os genótipos constituintes do grupo I têm hábito de crescimento indeterminado tipo 2, porte ereto, menor grau de acamamento e boa arquitetura de plantas, com exceção das linhagens 22 e 33 que têm porte semi-prostrado e hábito de crescimento tipo 4 e 3 respectivamente. Por outro lado, os genótipos agregados no grupo II têm hábito de crescimento indeterminado tipo 3 ou 4; porte prostrado ou semi-prostrado e, conseqüentemente, maior acamamento de plantas, com exceção das linhagens 12 e 14 que têm hábito de crescimento tipo 2, sendo a linhagem 14 de porte ereto. A linhagem 27, única representante do grupo IV, caracteriza-se pelo maior tamanho de grãos entre todos os genótipos avaliados (MMG = 274 g) e brilho da semente intermediário. Essa linhagem, também, ficou isolada na análise com os dados binários.

As cultivares Xamego, Xodó e Ipanema permaneceram em um mesmo grupo em todas as análises efetuadas, constatando-se baixa variabilidade genética entre esses genótipos. Cabral et al. (2011), estudando a divergência genética, por meio de caracteres agronômicos, entre 57 acessos de feijão-comum, incluindo seis cultivares, verificaram baixa dissimilaridade genética entre as cultivares. Carvalho et al. (2008), analisando a divergência genética entre acessos de feijoeiro, por meio de marcadores RAPD, também constataram menor dissimilaridade entre as três cultivares em relação aos demais acessos utilizados no estudo.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) indica a concordância entre as distâncias originais e as distâncias do agrupamento; assim, quanto menor o CCC, menor a precisão do dendrograma (Cruz e Carneiro, 2003). Os agrupamentos podem ser classificados em função do CCC, conforme a escala proposta por Rohlf (Sokal e Rohlf, 1962) em: muito bom ($0,9 \leq r$), bom ($0,8 \leq r < 0,9$), ruim ($0,7 \leq r < 0,8$) e péssimo ($r < 0,7$). Analisando-se os quatro agrupamentos obtidos, verifica-se que o agrupamento com as variáveis multicategóricas teve o melhor ajuste entre a matriz de distância e a matriz de agrupamento ($r = 0,88$), ou seja, esse agrupamento é o mais confiável em relação aos demais agrupamentos gerados. Em seguida, está o agrupamento obtido pela análise conjunta dos dados contínuos, multicategóricos e binários, com $r = 0,79$. Os agrupamentos obtidos com as variáveis contínuas ($r = 0,58$) e binárias ($r = 0,64$) tiveram maiores distorções entre a disposição gráfica da distância genética

e a matriz original. Ramos et al. (2011), estudando a divergência genética entre genótipos de *Carica papaya* L., relataram um melhor ajuste entre a matriz de dissimilaridade e a matriz cofenética da análise conjunta (variáveis binárias e contínuas) em relação às análises individuais.

Variações no número de grupos, assim como na constituição desses grupos, podem ser observadas nos diferentes agrupamentos obtidos. As análises com as variáveis contínuas, multicategóricas e binárias geraram três, quatro e cinco grupos respectivamente. A análise conjunta dessas variáveis gerou seis grupos. Essas discrepâncias podem ser justificadas pelos distintos modos e propriedades com que cada análise acessa a variabilidade do genoma (Bertan et L., 2009)

As matrizes de dissimilaridade obtidas pelas análises com as variáveis contínuas e marcadores moleculares revelaram correlação, praticamente, nula ($r = 0,003$), indicando que essas metodologias amostram regiões distintas do genoma (Vieira et al., 2007). Resultados semelhantes foram reportados por Roy et al. (2004), que avaliaram marcadores AFLP e caracteres morfoagronômicos em trigo. E, também, por Ramos et al. (2011), que avaliaram caracteres morfoagronômicos e marcadores RAPD e ISSR em *Carica papaya* L.

As matrizes obtidas pelas análises com as variáveis multicategóricas e contínuas, assim como pelas variáveis multicategóricas e marcadores moleculares, revelaram correlação significativa, porém baixa (Tabela 6). As correlações observadas entre as diferentes matrizes de dissimilaridade mostram uma alta concordância ($r = 0,84$) entre a matriz da análise conjunta e a matriz de variáveis multicategóricas, fato corroborado pela semelhança verificada nos dois agrupamentos. As diferenças observadas entre os grupos formados pela análise com as variáveis multicategóricas e pela análise conjunta dos dados são a presença das linhagens 14, 22 e 33 em grupos distintos, além da constituição de mais dois grupos na análise conjunta, formados pelas linhagens 8 e 27 individualmente. A relação entre a matriz de dados binários e a matriz da análise conjunta dos dados, também, foi alta e significativa ($r = 0,70$). Por outro lado, a correlação entre a matriz da análise conjunta e a matriz de variáveis contínuas ($r = 0,39$), apesar de significativa, é considerada de ordem média (Carvalho et al., 2004).

Vieira et al. (2007), analisando a associação entre distâncias genéticas em trigo, estimadas por meio de marcadores moleculares AFLP e caracteres morfológicos, assim como a análise conjunta dos dados moleculares e morfológicos, relataram elevada correlação ($r = 0,97$) entre as matrizes obtidas com os marcadores moleculares e a análise conjunta; e correlação moderada ($r = 0,59$) entre as matrizes obtidas com análise de caracteres morfológicos e a análise conjunta. Os autores concluíram que a análise conjunta dos dados não foi eficiente devido ao número muito elevado de marcadores AFLP (229) em relação à quantidade de marcadores morfológicos utilizados (17), gerando uma análise conjunta tendenciosa em direção aos resultados obtidos, individualmente, com os dados moleculares. Assim, eles enfatizaram a necessidade de considerar os dados moleculares e morfológicos separadamente, para melhor entendimento do grau de divergência entre os genótipos avaliados.

Tabela 6 – Correlações entre matrizes de distâncias genéticas estimadas a partir do estudo de caracteres morfoagronômicos (quantitativos e multicategóricos), de marcadores moleculares (ISSR) e do estudo conjunto dos dados (quantitativos, multicategóricos e moleculares), em 33 genótipos de feijoeiro-comum

	Quantitativo	Multicategórico	Molecular	Conjunta
Quantitativo		0,23*	0,003	0,39**
Multicategórico			0,34**	0,84**
Molecular				0,69**

*, **: Correlação significativa a 5 e 1% de probabilidade pelo teste de Mantel, com 1.000 permutações, respectivamente.

Em função da maior confiabilidade do agrupamento gerado com os caracteres multicategóricos, dada pela menor distorção entre as matrizes de dissimilaridade e de agrupamento, os resultados da análise efetuada com essas variáveis foram utilizados para a indicação dos cruzamentos entre os genótipos mais divergentes e, agronomicamente, superiores. Cruzamentos entre genótipos de um mesmo grupo poderão restringir a variabilidade nas gerações segregantes e comprometer o sucesso do programa de melhoramento (Benin et al., 2002).

A análise das médias dos genótipos conjugada com o agrupamento baseado nas variáveis multicategóricas, além da observação dos cruzamentos iniciais (Tabela 1) que originaram as linhagens em estudo, possibilitaram a indicação das combinações híbridas mais promissoras, visando à obtenção de recombinantes superiores. Desse modo, os seguintes cruzamentos foram identificados como promissores: linhagem 14 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 112; linhagem 33 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 116 e linhagem 27 x linhagem 129. Essas linhagens são dissimilares (Figura 2) e possuem médias adequadas para os caracteres avaliados (Tabelas 3 e 4); assim, espera-se que sua utilização, em cruzamentos controlados, possa maximizar o número de recombinações favoráveis, levando à obtenção de constituições genéticas superiores.

CONCLUSÕES

1. O agrupamento obtido com base nas variáveis multicategóricas teve um bom ajuste entre a matriz de distância e a matriz cofenética, caracterizando-se como o mais confiável em relação aos agrupamentos obtidos com base na análise das variáveis contínuas e binárias, e da análise conjunta dos dados multicategóricos, contínuos e binários.
2. Por meio da análise do agrupamento obtido com a utilização das variáveis multicategóricas, da observação das médias e da genealogia das linhagens, foram identificadas como promissoras as seguintes combinações híbridas: linhagem 14 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 112; linhagem 33 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 116; e linhagem 27 x linhagem 129.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alzate-Marin, A. L.; Costa, M. R.; Sartorato, A.; Peloso, M. J.; Barros, E. G.; Moreira, M. A. (2003) Genetic Variability and Pedigree Analysis of Brazilian Common Bean Elite Genotypes. *Scientia Agricola*, 60(2): 283-290.
- AOAC - Association of Official Analytical Chemists (1995). *Official methods of analysis of the Association of Official Analytical Chemists* (method 991.20). Arlington: A.O.A.C., chapter 33, p. 10-12.
- Benin, G.; Carvalho, F. I. F.; Assmann, I. C.; Cigolini, J.; Cruz, P. J.; Marchioro, V. S.; Lorencetti, C.; Silva, J. A. G. (2002) Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. *Revista Brasileira Agrociência*, 8(3): 179-184.
- Bertan, I.; Carvalho, F. I. F.; Oliveira, A. C.; Benin, G.; Vieira, E. A.; Valério, I. P. (2009) Morphological, pedigree and molecular distance and their association with hybrid wheat performance. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44: 155-163.
- Borém, A., Caixeta, E. T. (2006) Marcadores moleculares. Viçosa, Editora UVF. 374p.
- BRASIL (2001) Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Anexo IV. *Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão (Phaseolus vulgaris L.), para a inscrição no registro nacional de cultivares – RNC*. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/snpc>. Acesso em 12/03/2009.
- Cabral, P. D. S.; Soares, T. C. B.; Lima, A. B. P.; Alves, D. S.; Nunes, J. A. (2011) Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. *Revista Ciência Agronômica*, 42(4): 898-905.
- Cargnelutti Filho, A., Ribeiro, N.D., Storck, L., Jost, E., Poersch, N. L. (2008) Tamanho de amostra de caracteres de cultivares de feijão. *Ciência Rural*, 38(3): 635-642.
- Carvalho, F. I. F.; Lorencetti, C.; Benin, G. (2004) *Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal*. Pelotas: UFPel, 142p.

- Carvalho, M. F.; Crestani, M.; Farias, F. L.; Coimbra, J. L. M.; Bogo, A.; Guidolin, A. F. (2008) Caracterização da diversidade genética entre acessos crioulos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) coletados em Santa Catarina por marcadores RAPD. *Ciência Rural*, 38(6): 1522-1528.
- Coimbra, J.L.M., Carvalho, F.I.F. (1998) Divergência genética em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) com grão tipo carioca. *Rev. Bras. de Agrociência*, 4(3): 211-217.
- Coimbra, J. L. M.; Carvalho, F. I. F. Hemp, S.; Oliveira, A. C.; Silva, S. A. (1999) Divergência genética em feijão preto. *Ciência Rural*, 29(3): 427-431.
- Costa, J.G.C.; Rava, C.A.; Sartorato, A.; Puríssimo, J.D. (1990) *Catálogo de Linhagens de feijoeiro comum (Phaseolus vulgaris L.) do CNPAF: reação às principais doenças e avaliação de características agronômicas*. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, 31p. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 32).
- Crossa, J.; Franco, J. (2004) Statistical methods for classifying genotypes. *Euphytica*, 137: 19–37.
- Cruz, C. D. (2008) *Programa Genes: Diversidade genética*. Viçosa: Ed. UFV, 278p.
- Cruz, C. D. (2009) *Programa GENES – Aplicativo computacional em genética e estatística*. Versão Windows 2009.7.0. UFV, Viçosa.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV, 579p.
- Elias, H.T., Backes, R.L., Vogt, G.A., Pacassa, L.F., Valentini, G. (2008) Potencial e divergência genética em populações avançadas de feijão. *Revista de Ciências Agroveterinárias*. Lages, 7(1): 9-15.
- Elias, H. T.; Vidigal, M. C. G.; Gonela, A.; Vogt, G. A. (2007) Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(10): 1443-1449.
- Ferreira, C.M., Peloso, M.J., Faria, L.C. (2002) *Feijão na economia nacional*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa-CNPAF, 47p. (Documentos, 135).

- Franco, M. C. *et al.* (2001) Caracterização da diversidade genética em feijão por meio de marcador RAPD. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 36: 381-385.
- Galván, M. Z., Bornet, B.; Balatti, P.A.; Branchard, M. (2003) Inter simple sequence repeat (ISSR) markers as a tool for the assessment of both genetic diversity and gene pool origin in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica*, 132, 297-301.
- Gonçalves, L. S. A.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A. T.; Karasawa, M.; Sudré, C.P. (2008) Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. *Genetics and Molecular Research*, 7 (4): 1289-1297.
- Gonzalez, A.; Wong, A.; Delgado-Salinas, A.; Papa, R.; Gepts, P. (2005) Assessment of Inter Simple Sequence Repeat Markers to Differentiate Sympatric Wild and Domesticated Populations of Common Bean. *Crop Science*, 45: 606-615.
- Gower, J. C. (1971). General coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, 27: 857-874.
- IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2011) Disponível em <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em 29 de agosto de 2011.
- IPGRI. 2001. Descritores para *Phaseolus vulgaris*. International Plant Genetic Resources Institute, Rome.
- Krystkowiak, K., Adamski, T., Surma, M., Kaczmarek, Z. (2009) Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 165:419–434.
- Kumar, L. D.; Kathirvel, M.; Rao, G.V.; Nagaraju, J. (2001) DNA profiling of disputed chilli samples (*Capsicum annum*) using ISSR-PCR and FISSR-PCR marker assays. *Forensic Science International*, 116: 63-68.
- Kumar, S.; Nei, M.; Dudley, J.; Tamura, K. (2009) MEGA: A biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. *Brief Bioinform*, 9: 299-306.
- Lefebvre, V.; Goffinet, B.; Chauvet, J. C.; Caromel, B.; Signoret, P.; Brand, R.; Palloix, A. (2001) Evaluation of genetic distance between pepper inbred lines

- for cultivar protection purposes: comparison of AFLP, RAPD and phenotypic data. *Theoretical and Applied Genetic*, 103: 741-750.
- Mantel, N. (1967) The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, 27: 857-874.
- Métais, L; Aubry, C.; Hamon, B.; Jalouzot, R.; Peltier, D. (2000) Description and analysis of genetic diversity between commercial bean lines (*Phaseolus vulgaris* L.) *Theoretical and Applied Genetic*, 101:1207–1214.
- Proctor, J. R.; Watts, B. M. (1987) Development of a modified Mattson bean cooker procedure based on sensory panel cookability evaluation. *Canadian Institute of Food Science and Technology Journal*, 20(1): 9-14.
- R Development Core Team (2006) A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing.
- Ramos, H. C. C.; Pereira, M. G.; Gonçalves, L. S. A.; Berilli, A. P. C. G.; Pinto, F. O.; Ribeiro, E. H. (2011) Multivariate analysis to determine the genetic distance among papaya progenies (*Carica papaya* L.) derived from backcross (no prelo).
- Ribeiro, N.D., Storck, L. (2003) Genitores potenciais para hibridações identificados por divergência genética em feijão carioca. *Ciência Rural*, Santa Maria, 33(3):413-421.
- Roy, J. K.; Lakshmikumaran, M. S.; Balyan, H. S.; Gupta, P. K. (2004) AFLP based genetic diversity and its comparison with diversity based on SSR, SAMPL, and phenotypic traits in bread wheat. *Biochemical Genetics*, 42: 43-59.
- Schoonhoven, A. V.; Pastor-Corrales, M. A. (1987) *Sistema Estándar para la Evaluación de Germoplasma de Frijol*. CIAT. 57p.
- Scott, A. J.; Knott, M. A. (1974) Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30: 507-512.
- Sicard, D.; Nanni, L.; Porfiri, O.; Bulfon, D.; Papa, R. (2008) Genetic diversity of *Phaseolus vulgaris* L. and *P. coccineus* L. landraces in central Italy. *Plant Breeding*, 124, 464-472.

- Silva, H. T. (2005) *Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (Phaseolus vulgaris L.)*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa-CNPAP, 32p. (Documentos, 184).
- Singh, S. P.; Gutierrez, J.A.; Molina, A.; Urrea, C.; Gepts, P. (1991) Genetic diversity in cultivated common bean II. Marker-based analyses of morphological and Agronomic traits. *Crop Science*, 31: 23-29.
- Sokal, R. R.; Rohlf, F.J. (1962). The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxonomy*, 11: 33-40.
- Svetleva, D.; Pereira, G.; Carlier, J.; Cabrita, L.; Leitão, J.; Genchev, D. (2006) Molecular characterization of *Phaseolus vulgaris* L. genotypes included in Bulgarian collection by ISSR and AFLP analyses. *Scientia Horticulturae*, 109: 198-206.
- Teixeira, A.B., Amaral Júnior, A.T., Rodrigues, R., Pereira, T.N.S., Bressan-Smith, R.E. (2004) Genetic divergence in snap-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4: 57-62.
- Vieira, E. A; Carvalho, F. I. F.; Bertan, I.; Kopp, M. M.; Zimmer, P. D.; Benin, G. Silva, J. A. G.; Hartwig, I.; Malone, G.; Oliveira, A. C. (2007) Association between genetic distances in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. *Genetic and Molecular Biology*, 30: 392-399.
- Warburton, M.L.; Skovmand, B.; Mujeeb-Kazi (2002) The molecular genetic characterization of the 'Bobwhite' bread wheat family using AFLPs and the effect of the T1BL.1RS translocation. *Theor Appl Genet*, 104: 868-873.
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., Labuda, D. (1994). Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) - anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 20: 176–183.
- Zimmermann, M.J.O., Carneiro, J.E.S., Del Peloso, M.J., Costa, J.G.C., Rava, C.A., Sartorato, O.A., Pereira, P.A.A. (1996) Melhoramento genético e cultivares. In: Araújo, R.S., Rava, C.A., Stone, L.F., Zimmermann, M.J.O. (eds.) *Cultura do feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: POTAFOS, p. 224-273.

4. RESUMO E CONCLUSÕES

Este trabalho teve como objetivo geral desenvolver novas cultivares de feijoeiro-comum adaptadas para as regiões Norte e Noroeste Fluminenses. Para isso, inicialmente, dois grupos de 30 linhagens (G1 e G2), juntamente com quatro cultivares, foram avaliados em quatro ensaios, realizados nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara, no ano de 2008. Diferenças significativas foram observadas entre genótipos, ambientes e para a interação genótipos por ambientes, para as características produtividade, massa de mil grãos, acamamento, arquitetura de plantas e severidade de ferrugem e de mancha angular, nos grupos G1 e G2, com exceção das características acamamento, no G1, e arquitetura de plantas nos dois grupos. Quanto à ocorrência natural de doenças, observou-se maior severidade de ferrugem com notas oscilando de 1 a 7 e de mancha angular com notas variando de 4 a 7. O índice de Mulamba e Mock (1978) possibilitou a identificação de linhagens superiores, nos Grupos 1 e 2, quanto à produtividade, massa de mil grãos, acamamento, arquitetura de plantas e reação aos patógenos da ferrugem e da mancha angular. As linhagens 122, 132, 120, 133, 114, 112, 116, 129, 118, 107, 134, 106, 30, 33, 27, 22, 32, 12, 36, 37, 29, 11, 31, 7, 14, 18, 8 e 6 foram selecionadas por possuírem potencial para serem incluídas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU).

Vinte e nove linhagens, juntamente com quatro testemunhas, foram avaliadas em ensaios VCU, nos anos de 2009 e 2010, totalizando seis ambientes. Por meio da análise de variância conjunta para produtividade de grãos, foram

detectadas diferenças significativas entre genótipos, ambientes e para a interação genótipos por ambientes, justificando o estudo da adaptabilidade e estabilidade de rendimento. Pelo método de Eberhart e Russel (1966), a maioria dos genótipos apresentou adaptabilidade ampla (94%) e elevada estabilidade (85%). De acordo com o método do trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (Carneiro, 1998), as linhagens 129, 132 e 118 tiveram os melhores desempenhos, destacando-se com adaptabilidade geral e elevada estabilidade. As linhagens 129 e 132 também se destacaram quanto à adaptabilidade específica para ambientes desfavoráveis, e a linhagem 118 quanto às condições favoráveis.

As 29 linhagens, juntamente com as quatro testemunhas, também foram avaliadas quanto ao teor de proteína bruta nos grãos, tempo de cozimento, percentagem de absorção de água e de grãos com casca dura. Foram observadas diferenças significativas para todas as características, com exceção de grãos com casca dura. Os genótipos apresentaram valores adequados quanto à percentagem de absorção de água pelos grãos e a percentagem de grãos com casca dura. Elevado teor de proteína bruta (superior a 23%) foi observado em 72% das linhagens avaliadas, sendo que as linhagens 14 e 120 e a cultivar Xamego sobressaíram-se com teores próximos a 26%. A maioria das linhagens avaliadas (86%) apresentou tempo de cozimento satisfatório, inferior a 30 minutos. As linhagens 122 e 112 se destacaram com menor tempo para cozimento em relação aos padrões considerados.

Com base nos resultados, é possível indicar as linhagens 129, 132 e 118 para cultivo nas regiões Norte e Noroeste do Rio de Janeiro, pois associam elevado rendimento de grão com adaptabilidade ampla e estabilidade elevada. Além disso, essas linhagens do grupo comercial preto têm boa qualidade tecnológica e nutricional, conferida pelo tempo de cozimento inferior a 30 minutos e considerável teor de proteína bruta.

Para finalizar o trabalho, foi realizado um estudo de divergência genética, visando à identificação de combinações híbridas promissoras que poderão ser utilizadas no programa de melhoramento do feijoeiro-comum da UENF. A dissimilaridade genética entre os 33 genótipos foi estimada por meio da análise individual e conjunta de caracteres contínuos, multicategóricos e moleculares. Foi observado um bom ajuste entre matriz de dissimilaridade baseada nas variáveis

multicategóricas e a matriz cofenética ($r = 0,88$), o que não ocorreu com os demais agrupamentos. Esse agrupamento foi muito similar ao agrupamento gerado pela análise conjunta dos dados contínuos, multicategóricos e moleculares ($r = 0,84$). Por meio da análise do agrupamento obtido com a utilização das variáveis multicategóricas, da observação das médias e da genealogia das linhagens, foram identificadas como promissoras as seguintes combinações híbridas: linhagem 14 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 112; linhagem 33 x linhagem 112; linhagem 27 x linhagem 116; e linhagem 27 x linhagem 129. Essas combinações híbridas apresentam-se como as mais promissoras para a obtenção de recombinantes superiores.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, A. F. B. Ramalho, M. A. P. (2005) *Cultivo do Feijão Irrigado na Região Noroeste de Minas Gerais*. Embrapa Arroz e Feijão, Sistemas de Produção, Nº 5, versão eletrônica, disponível em <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Feijao/FeijaoIrrigadoNoroesteMG/cultivares>. Acesso em 29 de setembro de 2011.
- Alzate-Marin, A. L., Costa, M. R., Sartorato, A., Peloso, M. J., Barros, E. G., Moreira, M. A. (2003) Genetic Variability and Pedigree Analysis of Brazilian Common Bean Elite Genotypes. *Scientia Agricola*, 60(2): 283-290.
- Backes, R. L., Elias, H. T., Hemp, S., Nicknich, W. (2005) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro no Estado de Santa Catarina. *Acta Sci. Agron.*, 27(2): 309-314.
- Baldoni, A.B., Santos, J.B., Abreu, A.F.B. (2006) Melhoramento do feijoeiro comum visando à obtenção de cultivares precoces com grãos tipo 'Carioca' e 'Rosinha'. *Ciênc. agrotec.*, Lavras, 30 (1): 67-71.
- Barelli, M. A. A., Vidigal, M. C. G., Vidigal Filho, P. S., Neves, L. G., Silva, H. T. (2009) Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato Grosso do Sul State. *Semina: Ciências Agrárias*, 30: 1061-1072.
- Beebe, S., Skroch, P.W., Tohme, J. Duque, M.C. Pedraza, F., Nienhuis, J. (2000) Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle

- American origin based on correspondence analysis of RAPD. *Crop Science*, 40: 264–273.
- Bordin, L. C., Coelho, C.M.M., Souza, C.A., Zilio, M. (2010) Diversidade genética para a padronização do tempo e percentual de hidratação preliminar ao teste de cocção de grãos de feijão. *Ciência e Tecnologia de Alimentos*, 30(4): 890-896.
- Borém, A., Caixeta, E. T. (2006) Marcadores moleculares. Viçosa, Editora UVF. 374p.
- Borém, A., Miranda, G.V. (2009) *Melhoramento de Plantas*. 5ª edição, Viçosa, Editora UFV, 529p.
- BRASIL (2001) Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Anexo IV. *Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão (Phaseolus vulgaris L.), para a inscrição no registro nacional de cultivares – RNC*. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/snpc>. Acesso em 12/03/2009.
- Buratto, J. S., Moda-Cirino, V., Fonseca Júnior, N. S., Prete, C. E. C., Faria, R. T. (2007) Adaptabilidade e estabilidade produtiva em genótipos precoces de feijão no estado do Paraná. *Semina: Ciências Agrárias*, 28(3): 373-380.
- Burle, M. B., Fonseca, J. R., Kami, J. A., Gepts, P. (2010) Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. *Theor Appl Genet.*, 121: 801–813.
- Carbonell, S.A.M., Carvalho, C.R.L., Pereira, V.R. (2003) Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. *Bragantia*, 36(3): 369-379.
- Cargnelutti Filho, A., Ribeiro, N.D., Storck, L., Jost, E., Poersch, N. L. (2008) Tamanho de amostra de caracteres de cultivares de feijão. *Ciência Rural*, 38(3): 635-642.
- Carneiro, P.C.S. (1998) *Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento*. Tese (Doutorado) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 168p.

- Carvalho, M. F., Crestani, M., Farias, F. L., Coimbra, J. L. M., Bogo, A., Guidolin, A. F. (2008) Caracterização da diversidade genética entre acessos crioulos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) coletados em Santa Catarina por marcadores RAPD. *Ciência Rural*, 38(6): 1522-1528.
- Chiorato, A. F., Carbonell, S. A. M., Carvalho, C. R. L., Perina, E. F., Gonçalves, J. G. R., Ramos Júnior, E. U. R., Ito, M. A., Freitas, R. S., Ticelli, M., Azevedo Filho, J. A. (2009) IAC Jabola and IAC Esperança: common bean cultivars for market niches. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9: 199-201.
- Coelho, A.R.M., Prudencio, S.H., Nóbrega, L.H.P., Leite, C.F.R. (2009) Alterações no tempo de cozimento e textura dos grãos de feijão comum durante o armazenamento. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 33(2): 539-544.
- Coimbra, J. L. M., Carvalho, F. I. F., Hemp, S., Oliveira, A. C., Silva, S. A. (1999) Divergência genética em feijão preto. *Ciência Rural*, 29(3): 427-431.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento (2011) *Acompanhamento da safra brasileira: grãos, oitavo levantamento, maio/2011*. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em 19 de maio de 2011.
- Costa, G.R., Ramalho, M.A.O., Abreu, A.F.B. (2001) Variabilidade para absorção de água nos grãos de feijão do germoplasma da UFLA. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 25(4): 1017-1021.
- Cruz, C. D. (2008) *Programa Genes: Diversidade genética*. Viçosa: Ed. UFV, 278p.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV, 579p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 480 p.
- Dalla Corte, A., Moda-Cirino, V., Scholz, M.B.S. *et al.* (2003) Environment effect on grain quality in early common bean cultivars and lines. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 3(3): 193-202.
- Eberhart, S.A., Russel, W.A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6 (1): p.36-40.

- Elias, H.T., Backes, R.L., Vidigal, M.C.G., Balbinot Júnior, A.A., Hemp, S. (2007a) Estabilidade e adaptabilidade de linhagens e cultivares de feijão do grupo carioca. *Scientia Agraria*, Curitiba, 8(4): 379-384.
- Elias, H.T., Hemp, S., Scapim, C.A., Rodovalho, M.A., Royer, M.R., Mora, F., Barreto, R.R. (2005) Análise de estabilidade de genótipos de feijoeiro no Estado de Santa Catarina. *Acta Sci. Agron.*, Maringá, 27(4): 623-628.
- Elias, H. T., Vidigal, M. C. G., Gonela, A., Vogt, G. A. (2007b) Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(10): 1443-1449.
- Elston, R. C. (1963) A weight free index for the purpose of ranking of selection with respect to several traits at a time. *Biometrics*, 19: 85-97.
- EMBRAPA (2011) *A cultura do feijoeiro* – Embrapa Arroz e Feijão. Disponível em: <http://www.cnpaf.embrapa.gov.br/pesquisa/feijão.html>. Acesso em 15/08/2011.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV, Impr. Univ., 279p.
- FAO (2011) *Production Yearbook*. <http://www.faostat.fao.org/faostat.html>. Acesso em 02/09/2011.
- Farias, F. J. C. (2005) *Índice de seleção em cultivares de algodoeiro herbáceo*. Tese (Doutorado em Agronomia) – Piracicaba – SP, Universidade de São Paulo – ESALQ, 122p.
- Farinelli, R., Lemos, L.B. (2010) Produtividade, eficiência agrônômica, características nutricionais e tecnológicas do feijão adubado com nitrogênio em plantio direto e convencional. *Bragantia*, 69: 165-172.
- Ferrão, M. A. G., Vieira, C., Cruz, C. D., Cardoso, A. A. (2002) Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37(8): 1089-1098.
- Galván, M. Z., Bornet, B., Balatti, P.A., Branchard, M. (2003) Inter simple sequence repeat (ISSR) markers as a tool for the assessment of both genetic diversity and gene pool origin in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica*, 132: 297-301.

- Garcia, A.A.F., Souza Júnior, C.L. (1999) Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. *Bragantia*, Campinas, 58: 253-267.
- Gonçalves, L. S. A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A. T., Karasawa, M., Sudré, C.P. (2008) Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. *Genetics and Molecular Research*, 7 (4): 1289-1297.
- Gonzalez, A., Wong, A., Delgado-Salinas, A., Papa, R., Gepts, P. (2005) Assessment of Inter Simple Sequence Repeat Markers to Differentiate Sympatric Wild and Domesticated Populations of Common Bean. *Crop Science*, 45: 606-615.
- Gower, J. C. (1971). General coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, 27: 857-874.
- IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2011) Disponível em <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em 29 de agosto de 2011.
- Kwak, M., Gepts, P. (2009) Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). *Theoretical and Applied Genetic*, 118: 979–992.
- Lajolo, F.M., Genovese, M.I., Menezes, E.W. (1996) Qualidade nutricional. In: Araújo, R.S., Rava, C.A., Stone, L.F., Zimmermann, M.J.O. (Coord.). *Cultura do feijoeiro no Brasil*. Piracicaba: POTAFOS. p.23-56.
- Lefebvre, V., Goffinet, B.; Chauvet, J. C., Caromel, B., Signoret, P., Brand, R., Palloix, A. (2001) Evaluation of genetic distance between pepper inbred lines for cultivar protection purposes: comparison of AFLP, RAPD and phenotypic data. *Theoretical and Applied Genetic*, 103: 741-750.
- Lemos, L.B., Durigan, J.F., Fornasieri Filho, D., Pedroso, P.A.C., Banzatto, D.A. (1996) Características de cozimento e hidratação de genótipos de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Alim. Nutr.*, São Paulo, 7: 47-57.
- Lemos, L.B., Oliveira, R.S., Palomino, E.C. *et al.* (2004) Características agronômicas e tecnológicas de genótipos de feijão do grupo comercial Carioca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 39(4): 319-326.

- Lessa, L.S., Ledo, C.A.S., Santos, V.S., Silva, S.O., Peixoto, C.P. (2010) Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. *Bragantia*, Campinas, 69(3): 525-534.
- Lin, C.S., Binns, M.R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, Ottawa, 68(1): 193-198.
- Machado, C. F., Santos, J. B., Nunes, G. H. S. (2000) Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência avaliada a partir de caracteres morfoagronômicos. *Bragantia*, Campinas, 59 (1): 11-20.
- Marques Júnior, O. G., Ramalho, M. A. P. (1995) Determinação da taxa de fecundação cruzada de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) nas diferentes épocas de semeadura em Lavras-MG. *Ciência e Prática*, Lavras, 19 (3): 339-341.
- Martínez-Castillo, J., Zizumbo-Villarreal, D., Gepts, P., Marín, P. C. G. (2007) Gene Flow and Genetic Structure in the Wild–Weedy–Domesticated Complex of *Phaseolus lunatus* L. in its Mesoamerican Center of Domestication and Diversity. *Crop Science*, 47: 58-66.
- Mattos, L. A., Amorim, E. P., Amorim V. B. O., Cohen, K. O., Ledo, C. A. S., Silva, S. O. (2010) Agronomical and molecular characterization of banana germoplasm. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45: 146-154.
- Melo, L. C., Melo, P. G. S., Faria, L. C., Diaz, J. L. C., Peloso, M. J., Rava, C. A., Costa, J. G. C. (2007) Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 42(5): 715-723.
- Miranda, G.V., Vieira, C., Cruz, C.D., Araújo, G.A.A. (1998) Comparação de métodos de avaliação da adaptabilidade e da estabilidade de cultivares de feijoeiro. *Acta Scientiarum* 20(3): 249-255.
- Mulamba, N. N., Mock, J. J. (1978) Improvement of yield potential of the method Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 7(1): 40-51.

- Oliveira, G. V. (2008) *Potencial genético de famílias de feijoeiro da população Ouro Negro x BRS Valente*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 139p.
- Oliveira, V.O., Carneiro, P.C.S., Carneiro, J.E.S., Cruz, C.D. (2006) Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 41(2): 257-265.
- Pereira, H.S., Melo, L.C., Peloso, M.J.D., Faria, L.C., Costa, J.G.C., Díaz, J.L.C., Rava, C.A., Wendland, A. (2009) Comparação de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em feijoeiro-comum. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 44(4): 374-383.
- Pesek, J., Baker, R. J. (1969) Desired improvement in relation to selection indices. *Can. J. Plant. Science*, Ottawa, 1: 215-274.
- Piana, C. F. B., Antunes, I. F., Silva, J. G. C., Silveira, E. P. (1999) Adaptabilidade e estabilidade do rendimento de grãos de genótipos de feijão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 34: 553-564.
- Ramalho, M. A. P. (2011) Breeding self-pollinated plants. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, S1: 1-7.
- Ramalho, M. A. P., Abreu, A. F. B. (2006) Cultivares. In: Vieira, C., Paula Júnior, T. J., Borém, A. Feijão. 2ª Edição atualizada e Ampliada, Ed. UFV, 2006, capítulo 14, p.415-436.
- Ramos Júnior, E.U., Lemos, L.B. (2002) Comportamento de cultivares de feijão quanto à produtividade e qualidade dos grãos. In: *Anais do Congresso Nacional de Pesquisa de Feijão*, 7, Viçosa: UFV, p.263-266.
- Ramos Júnior, E.U., Lemos, L.B., Silva, T.R.B. (2005). Componentes da produção, produtividade de grãos e características tecnológicas de cultivares de feijão. *Bragantia*, 64(1): 75-82.
- Ribeiro, E.R., Pereira, M.G., Coelho, K.S., Freitas Júnior, S.P. (2009) Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista Ceres*, Viçosa, 56(5): 580-590.

- Ribeiro, N.D., Jost, E., Cargnelutti Filho, A. (2004) Efeitos da interação genótipo x ambiente no ciclo e na coloração do tegumento dos grãos do feijoeiro comum. *Bragantia*, Campinas, 63 (3): 373-380.
- Ribeiro, N.D., Rodrigues, J.A., Cargnelutti Filho, A., Poersch, N.L., Trentin, M., Rosa, S.S. (2007) Efeito de períodos de semeadura e das condições de armazenamento sobre de grãos de feijão para cozimento. *Bragantia*, 66: 157-163.
- Ribeiro, N. D., Souza, J. F., Antunes, I. F., Poersch, N. L. (2009) Estabilidade de produção de cultivares de feijão de diferentes grupos comerciais no Estado do Rio Grande do Sul. *Bragantia*, 68(2): 339-346.
- Ribeiro, N.D., Storck, L. (2003) Genitores potenciais para hibridações identificados por divergência genética em feijão carioca. *Ciência Rural*, Santa Maria, 33(3): 413-421.
- Rios, A.O., Abreu, C.M.P., Corrêa, A.D. (2003) Efeito da estocagem e das condições de colheita sobre algumas propriedades físicas, químicas e nutricionais de três cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). *Ciência e Tecnologia de Alimentos*, 23: 39-45.
- Rocha, F., Toaldo, D., Barili, L. D., Vale, N. M., Garcia, S., Coimbra, J. L. M., Vogt, G. A., Guidolin, A. F. (2009). *Bragantia*, 68(3): 621-627.
- Rodrigues, J.A., Ribeiro, N.D., Filho, A.C., Trentin, M., Londero, P.M.G. (2005) Qualidade para o cozimento de grãos de feijão obtidos em diferentes épocas de semeadura. *Bragantia*, Campinas, 64(3): 369-376.
- Scholz, M.B.S., Fonseca Júnior, N. S. (1999) Efeitos de ambiente, dos genótipos e da interação genótipos x ambiente na qualidade tecnológica do feijão do grupo cores no Estado do Paraná. In: Anais da RENAFE – Reunião Nacional de Pesquisa de Feijão, 6, Salvador, BA. *Resumos expandidos...* Goiânia: EMBRAPA-Arroz e Feijão, 1: 339-342. (Documentos, 99)
- Silva, D. V. F., Santos, J. B.; Abreu, A. F. B., Parrella, R. A. C. (2009) Seleção de Linhagens de feijão Rosinha de boa cocção, resistentes à antracnose e mancha angular. *Bragantia*, 68(3): 583-591.

- Silva, M. G. M., Santos, J. B., Abreu, A. F. B. (2006) Seleção de famílias de feijoeiro resistente à antracnose e à mancha-angular. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(10): 1499-1506.
- Singh, S. P., Gutierrez, J.A., Molina, A., Urrea, C., Gepts, P. (1991) Genetic diversity in cultivated common bean II. Marker-based analyses of morphological and Agronomic traits. *Crop Science*, 31: 23-29.
- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica aplicada ao fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p.
- Vieira, C., Borém, A., Ramalho, M. A. P. (2006) Melhoramento do feijão. In: Borém, A. *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: UFV, p.273 a 349.
- Vieira, E. A., Carvalho, F. I. F., Bertan, I., Kopp, M. M., Zimmer, P. D., Benin, G. Silva, J. A. G., Hartwig, I., Malone, G., Oliveira, A. C. (2007) Association between genetic distances in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. *Genetic and Molecular Biology*, 30: 392-399.
- Willians, J. S. (1962) The evaluation of a selection index. *Biometrics*, North Carolina, 18: 375-393.
- Yokoyama, L.P. (2002) *Tendências de mercado e alternativas de comercialização do feijão*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 4p. (Comunicado Técnico, 43).
- Yokoyama, L.P., Banno, K., Dluthcoski, J. (1996) Aspectos socioeconômicos da cultura do feijão. In: Araújo, R.S., Rava, C.A., Stone, L.F., Zimmermann, M.J.O. (eds.) *Cultura do feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: POTAFOS, p. 1-20.
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., Labuda, D. (1994). Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) - anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 20: 176–183.
- Zimmermann, M.J.O., Carneiro, J.E.S., Del Peloso, M.J., Costa, J.G.C., Rava, C.A., Sartorato, O.A., Pereira, P.A.A. (1996) Melhoramento genético e cultivares. In: Araújo, R.S., Rava, C.A., Stone, L.F., Zimmermann, M.J.O. (eds.) *Cultura do feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: POTAFOS, p. 224-273.