

ESTIMATIVAS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAS DE  
FEIJÃO-DE-VAGEM (*Phaseolus vulgaris* L.) POR MEIO DE ANÁLISE  
MULTIVARIADA E ASSOCIAÇÃO COM A GENEALOGIA

**TATIANE DA COSTA BARBÉ**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY  
RIBEIRO

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO – 2008

ESTIMATIVAS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAS DE  
FEIJÃO-DE-VAGEM (*Phaseolus vulgaris* L.) POR MEIO DE ANÁLISE  
MULTIVARIADA E ASSOCIAÇÃO COM A GENEALOGIA

**TATIANE DA COSTA BARBÉ**

“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 Mestre em Produção Vegetal”.

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO - 2008

ESTIMATIVAS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAS DE  
FEIJÃO-DE-VAGEM (*Phaseolus vulgaris* L.) POR MEIO DE ANÁLISE  
MULTIVARIADA E ASSOCIAÇÃO COM A GENEALOGIA

**TATIANE DA COSTA BARBÉ**

“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 Mestre em Produção Vegetal”.

Aprovada em 18 de março de 2008

Comissão Examinadora:

---

Prof. Rogério Figueiredo Daher (Doutor, Produção Vegetal/Melhoramento de  
Plantas) - UENF

---

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) - UENF

---

Elaine Manelli Riva Souza (Doutora, Produção Vegetal/Fitomelhoramento) –  
INCAPER

---

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (Doutor, Genética e Melhoramento) -  
UENF  
Orientador

Dedico...

Aos meus pais Nelson e Maria Dulce;

Aos meus “irmãos” Luciane e Leonardo;

E aos amigos especiais.

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus de imensa luz e grandeza e a Nossa Senhora Imaculada Conceição de Aparecida;

Aos meus pais, Nelson e Maria Dulce, que tanto amo;

Aos meus “irmãos” Luciane e Leonardo pelo companheirismo, incentivo, paciência e apoio sempre;

À minha família (tias, tios, primas, primos e afilhada) que abriram mão de minha presença em momentos especiais;

A Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro pelo ensino gratuito e de qualidade;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos;

Ao professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior pela orientação, paciência, compreensão, seu otimismo contagiante e principalmente por acreditar que eu seria capaz de concluir e conquistar mais este objetivo;

Ao professor Fábio Cunha Coelho por sua confiança e oportunidade de conhecer a UENF;

Aos professores Rogério Figueiredo Daher e Messias Gonzaga Pereira, pela ajuda, ensinamentos, sugestões, atenção e dedicação a este trabalho;

Aos amigos astrais que vibraram em energias positivas;

Aos amigos especiais, Vanessa, Livia, Carolina, Clarissa, Viviane, Sílvia, Andréia, Teco, Lílian e André, Heloisa e Guilherme, Bruno e Marina, Fernanda e Fabiana, que presentes ou ausentes sempre me apoiaram, incentivaram e fazem parte da minha vida;

Aos tantos amigos que aqui não foram citados, mas guardo com carinho cada um de vocês;

Aos amigos Leandro e Fabiane, pela grande ajuda e dedicação especial na etapa final deste trabalho;

Ao Felipe, e aos técnicos da PESAGRO – Rio – Campos dos Goytacazes, pela ajuda e dedicação aos trabalhos de campo.

**OBRIGADA!**

## SUMÁRIO

RESUMO .....	vii
ABSTRACT.....	ix
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	4
2.1. <i>Phaseolus vulgaris</i> L.: considerações gerais .....	4
2.2. Diversidade genética .....	8
2.2.1. Análises de Agrupamento .....	9
2.2.1.1. Coeficiente de Correlação Cofenético - CCC .....	10
2.2.2. Análise por Variáveis Canônicas .....	11
2.2.3. Importância Relativa das Características .....	12
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	13
3.1. Obtenção das linhas F <sub>6:7</sub> recombinadas .....	13
3.2. Instalação do experimento .....	15
3.3. Características avaliadas .....	20
3.4. Análises estatísticas .....	23
3.4.1. Agrupamento entre médias .....	23
3.4.2. Distâncias genéticas .....	23
3.4.2.1 Distância generalizada de Mahalanobis .....	23

3.4.2.2. Índice de dissimilaridade de Cole-Rodgers et al. (1997) .....	24
3.4.2.3. Índice de dissimilaridade de Gower (1971) .....	24
3.4.3. Análises de Agrupamento .....	25
3.4.3.1. Ligação média entre grupos (UPGMA) .....	25
3.4.3.2. Coeficiente de Correlação Cofenético – CCC .....	26
3.4.3.3. Método de otimização de Tocher .....	27
3.4.4. Análises por Variáveis Canônicas .....	28
3.4.5. Importância Relativa das Características .....	29
3.4.6. Comparação com a genealogia .....	30
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	31
4.1. Características qualitativas .....	32
4.1.1. Ligação média entre grupos (UPGMA) .....	40
4.1.2. Método de otimização de Tocher .....	49
4.2. Características quantitativas.....	56
4.2.1. Agrupamento entre médias e genealogia .....	56
4.2.2. Ligação média entre grupos (UPGMA).....	65
4.2.3. Método de otimização de Tocher .....	70
4.3. Características qualitativas e quantitativas avaliadas simultaneamente ..	75
4.3.1. Ligação média entre grupos (UPGMA) .....	75
4.4. Análise por Variáveis Canônicas .....	82
4.5. Importância Relativa das Características .....	86
5. RESUMO E CONCLUSÕES .....	88
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	91

## RESUMO

BARBÉ, TATIANE DA COSTA. M.S. - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Março de 2008. ESTIMATIVAS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAS DE FEIJÃO-DE-VAGEM (*Phaseolus vulgaris* L.) POR MEIO DE ANÁLISE MULTIVARIADA E ASSOCIAÇÃO COM A GENEALOGIA. Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Este trabalho teve como objetivos principais estimar a divergência genética entre 120 linhas recombinadas ( $F_{6:7}$ ) de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.), com base em características morfoagronômicas, por meio de técnicas de análise multivariada e avaliar a associação dos agrupamentos com a genealogia. O estudo da divergência genética foi realizado por meio do método de agrupamento não ponderado UPGMA e do método de otimização de Tocher, ambos baseados no complemento do índice de dissimilaridade de Cole-Rodgers et al. (1997) para as características qualitativas, na distância generalizada de Mahalanobis para as características quantitativas e no índice de dissimilaridade de Gower (1971) para as características qualitativas e quantitativas analisadas simultaneamente; e por meio do método de Variáveis Canônicas. A análise da

adequação dos agrupamentos foi realizada por meio da estimativa do coeficiente de correlação cofenético (CCC). Para as características qualitativas, pelo método UPGMA houve a formação de 12 grupos, com uma correlação cofenética de  $r = 0,59$ , ao passo que o método de Tocher constituiu 33 grupos. Em relação às características quantitativas o método UPGMA constituiu 12 grupos, com estimativa de CCC = 0,61 e o método de Tocher, 22 grupos. Já a estimativa de distância genética das características qualitativas e quantitativas, avaliadas simultaneamente, possibilitou a formação de apenas sete grupos pelo método UPGMA, com uma correlação cofenética de  $r = 0,68$ . Dentre os agrupamentos UPGMA o constituído pelo algoritmo de Gower proporcionou a menor reunião de linhas não aparentadas. A reunião dessas linhas em parte dos grupos pode ter decorrido de segregações alélicas favorecendo semelhanças genéticas, a despeito da genealogia incomum. Tanto para as características qualitativas quanto para as quantitativas, o método de Tocher revelou-se mais correlato no agrupamento de linhas  $F_{6:7}$  recombinadas aparentadas com a genealogia em comparação aos respectivos agrupamentos por UPGMA. Todavia esses agrupamentos de Tocher não superaram a habilidade do método UPGMA em agrupar linhas  $F_{6:7}$  recombinadas relacionadas com a genealogia quando se utilizou o algoritmo de Gower. As Variáveis Canônicas revelaram 80% da variação total somente na quinta combinação linear, apresentando-se menos hábil na formação de grupos com linhas relacionadas pela ascendência. Pela metodologia de Singh, peso total e médio de vagens foram as características mais importantes na expressão da divergência genética, ao contrário da altura de inserção da primeira vagem. A recombinação gênica entre linhas oriundas de bigenitores distintos tende a proporcionar populações de base genética ampla com perspectiva de sucesso na seleção.

## ABSTRACT

BARBÉ, TATIANE DA COSTA. MS. – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. March 2008. ESTIMATES OF GENETIC DIVERGENCE AMONG RECOMBINED IMBRED LINES OF SNAP BEAN (*Phaseolus vulgaris* L.) BY MULTIVARIATE ANALYSIS AND ASSOCIATION WITH GENEALOGY. Advisor: Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

The main goals of this work were to estimate the genetic divergence among 120 inbred lines of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.), using multivariate analyses and associate these results with the genealogy. UPGMA, Tocher and Canonic variables were used to analyze data. The genetic distances were estimated using the Cole-Rodgers et al. (1997). Dissimilarity index and the Mahalanobis distance to qualitative and quantitative traits, respectively. The Gower dissimilarity index was used in the combined analysis. The clusters analyses were adjusted by cofenetic correlation coefficient ( $r$ ). In the dendrogram of qualitative traits, 12 groups were formed ( $r = 0.59$ ), contrasting with the 33 groups found in Tocher method. On the other hand, the quantitative traits generated 12 and 22 groups by UPGMA ( $r = 0.61$ ) and Tocher methods, respectively. The combination

of both data produced seven groups, with  $r = 0.68$ . Among UPGMA clusters, the one based on Gower algorithm generated the smallest group with no parental lines. The analysis of canonic variables revealed 80% of total variation only in the fifth linear combination. Thus, this method was the lowest efficient to group genotypes with a common ancestor. Groups with no related lines could be occurred by allelic segregation that aided genetic similarities despite of no common genealogy. The Tocher method was the most efficient to group related lines. These groups are in agreement with the genealogy of these lines. The genetic divergence observed was quantified by five, revealed incapable groups' formations in hybrid lines. In relation to the ability of groping recombined lines according to their genealogy, Tocher method was more efficient than UPGMA to both qualitative and quantitative traits. However, UPGMA was superior in the combined analysis, using Gower algorithm. Total weight and mean weight of snap bean were the most important traits in the expression of genetic divergence. The genetic recombination between lines from different parental might produce a population with wide genetic base that can be successful under selection.

## 1. INTRODUÇÃO

A característica mais marcante da exploração olerícola que a diferencia de outros setores da agricultura advém do fato das hortaliças constituírem um grupo de plantas com mais de uma centena de espécies, cada uma com diferentes segmentos varietais.

Dados da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA (2006) revelaram que o valor de produção das hortaliças, no Brasil, foi estimado em R\$ 11.696 milhões, com área cultivada de 776,8 mil hectares e uma produção total de 17,399 mil toneladas, gerando cerca de 25 milhões de empregos diretos no campo. No país a maior parte da produção de hortaliças (aproximadamente 60%), está concentrada principalmente em propriedades de exploração familiar com menos de 10 hectares (Melo, 2006). Pelo grande número de empregos gerados e pelo volume expressivo de recursos movimentado, as hortaliças possuem grande importância social.

A produção de hortaliças no Estado do Rio de Janeiro tem sua maior expressão produtiva na Região Serrana. Nas Regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, a tradição de se cultivar cana-de-açúcar, torna o volume de produção de hortaliças pequeno (CEASA-RJ, 2006).

Segundo dados das Centrais de Abastecimento do Estado do Rio de Janeiro S/A – CEASA – RJ, em 2006, o feijão-de-vagem foi uma hortaliça bastante comercializada, alcançando uma média de comercialização em torno de 7,7 toneladas (CEASA, 2006).

O feijão-de-vagem pode ser cultivado, tanto em regiões serranas, quanto em condições de baixada (Leal, 1990). Na maioria das regiões produtoras do Rio de Janeiro (Cachoeiras de Macacu, Nova Friburgo e Teresópolis), há um maior cultivo de variedades de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado, por possibilitarem grande rendimento econômico, além de ser uma opção de rotação de cultura (Abreu et al, 2004).

O Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – LMGV/UENF vem implementando um programa de melhoramento do feijão-de-vagem, com o objetivo de obter genótipos com produtividade e qualidade superiores e assim contribuir para o desenvolvimento econômico das regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Pesquisas visando o melhoramento são de extrema importância, pois, objetivam-se aumentar e estabilizar o rendimento a um custo de produção que permita aos produtores a maximização de retorno econômico.

Dentro deste programa, o estudo da divergência genética é de fundamental importância. A estimativa da divergência genética, com o uso da análise multivariada, apresenta-se bastante vantajosa, podendo-se identificar fontes de variabilidade genética (Moura et al., 1999).

O estudo da diversidade genética de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado da UENF iniciou-se por meio de técnicas de análise multivariada, com base em características qualitativas e quantitativas de 25 acessos do Banco de Germoplasma da UENF, realizadas por Abreu et al. (2004), concluindo-se que os genótipos estudados apresentaram considerável variabilidade em relação às características avaliadas.

Em continuidade a este trabalho, Silva et al. (2004) avaliaram a capacidade combinatória e investigaram a herança de características morfoagronômicas de cinco acessos de feijão-de-vagem do Banco de

Germoplasma da UENF, considerados divergentes por Abreu (2001), e identificaram progenitores com alto potencial para geração de materiais superiores. Realizaram cruzamento dialélico, obtendo a geração  $F_1$ . Com esse material procedeu-se a seleção precoce em  $F_2$  e o avanço das linhas até  $F_{6,7}$  pelo método de melhoramento SSD – *Single Seed Descent*.

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivos estimar a diversidade genética de linhas recombinadas ( $F_{6,7}$ ) de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.), com base em características morfoagronômicas, por meio de técnicas de análise multivariada e associar com a genealogia para futura detecção de linhas promissoras para a seleção de linhas puras.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. *Phaseolus vulgaris* L.: considerações gerais

O gênero *Phaseolus* está amplamente distribuído pelo mundo, sendo cultivado em regiões tropicais, subtropicais e temperadas. Em muitos locais, como países da África e da América, a vagem da espécie *Phaseolus vulgaris* é considerada alimento indispensável (Maluf et al., 2002).

Segundo Vavilov, citado por Debouck (1986), a origem evolutiva do gênero *Phaseolus* e sua diversificação primária ocorreu nas Américas, porém segundo Gepts et al. (1986), o local exato onde isto se deu é ainda motivo de controvérsia.

Existem várias hipóteses para explicar a origem e domesticação do feijão. Pesquisas moleculares, que têm como alvo principal o gene *Phs*, codificador da proteína faseolina (proteína específica do feijão), são atualmente a ferramenta mais utilizada em estudos evolutivos sobre a espécie. A distribuição geográfica de diferentes tipos de faseolina em feijões silvestres indica diferentes regiões como centro de domesticação do feijoeiro (Gepts e Debouck, 1993).

Assim, pesquisas demonstram que as variedades atuais de feijão são o resultado de múltiplos eventos de domesticação, com dois centros primários, um

na América Central, localizado no México e na Guatemala, onde os feijões silvestres apresentam faseolina dos tipos “S” e “M”, e os cultivados, com faseolina “S” e “T”; e um outro, ao Sul dos Andes entre Peru, Bolívia e Argentina, onde a faseolina do tipo “T” aparece em feijoeiros silvestres, e os tipos “S”, “T”, “C”, “H” e “A” nas formas cultivadas. Um terceiro centro de origem ainda é sugerido na região da Colômbia onde feijões silvestres apresentam a faseolina dos tipos “B”, “C” e “H” e em feijões cultivados os tipos “S”, “T”, “C” e “B” (Gepts e Debouck, 1993).

Segundo Oca (1987), o feijão-de-vagem originou-se através de mutações genéticas que promoveram mudanças na planta de feijão comum, modificando sua morfologia, fisiologia e características genéticas das cultivares existentes atualmente. Porém, segundo Lana\* (2007), tais mudanças não ocorreram, pois por pertencerem a mesma espécie, o que diferencia o feijão-de-vagem dos outros feijões é o ponto de colheita (maturação) e sua forma de consumo, onde o grão é colhido ainda verde e consumido juntamente com a vagem; e também diferenças entre cultivares e variedades. Sendo assim, a origem do feijão-de-vagem pode mesmo ser explicada pelos múltiplos eventos de domesticação ao longo dos tempos.

O feijão-de-vagem é a principal leguminosa hortícola. É anual, herbácea e pertence à família Fabaceae (Filgueira, 2003). É uma planta autógama, diplóide ( $2n = 2x = 22$ ) e a espécie se multiplica por autofecundação, em geral com incidência muito baixa de polinização cruzada variando de 1,0 a 6,0%. A autogamia da espécie é devida à estrutura de sua flor, na qual os órgãos masculinos e femininos são bem protegidos pelas pétalas, e pelo fato de que os grãos de pólen começam a cair sobre o estigma por ocasião da antese, ocorrendo a fertilização de oito a nove horas depois da abertura floral (Vieira et al., 1999).

Sua propagação é por sementes e a sua germinação ocorre entre dois a três dias após a semeadura no campo (Filgueira, 2003). Suas raízes são superficiais no solo e têm a capacidade de fixar o nitrogênio do ar, graças a

---

\* Lana, M. M. Comunicação pessoal. (EMBRAPA – Hortaliças – Laboratório de Pós-colheita em 23/07/2007)

formação de nódulos, em simbiose com bactérias do gênero *Rhizobium* (Filgueira, 2003).

Apresenta hábito de crescimento determinado ou indeterminado, de acordo com sua constituição genética. As plantas de crescimento indeterminado ou tipo trepador necessitam de estaqueamento para as plantas serem conduzidas verticalmente. As variedades de crescimento indeterminado são mais produtivas e exigem mais mão-de-obra. Possuem caule ereto e piloso com folhas compostas trifolioladas e lanceoladas. Suas flores são heteroclamídeas, zigomorfas e pentâmeras (Teixeira et al, 2004; Vieira; 1998; Silbernagel, 1986). Os frutos são vagens que apresentam polpa espessa e carnosa (Filgueira, 2003).

Considerando-se a cor, as vagens podem ser verdes, tanto para consumo “*in natura*” quanto para a industrialização; ou amarelas, que apresentam um mercado mais restrito (Castellane et al., 1988; Abreu et al, 2004).

Com relação ao período vegetativo, as plantas se desenvolvem e produzem bem em solos férteis ricos em matéria orgânica, e com boa disponibilidade de água durante todo o seu desenvolvimento. Apresenta uma larga adaptação a climas quentes e amenos, porém não toleram geadas, permitindo o cultivo em uma ampla faixa térmica, variando de 18 °C a 30 °C. Em temperaturas acima de 35 °C e abaixo de 15 °C ocorre deficiência na polinização, baixa germinação e desenvolvimento retardado das plantas, resultando em vagens deformadas e, conseqüentemente, baixa produtividade (Peixoto et al., 2002).

Pode-se considerar a existência de cultivares precoces ou tardias (Voysesst, 1983), no entanto, as características mais importantes para classificar as cultivares talvez sejam o hábito de crescimento (determinado ou indeterminado) e formato das vagens, podendo os genótipos se reunir em dois tipos: a) tipo manteiga, apresentando vagens com seção elítica com formato tipicamente achatado; e b) tipo macarrão, com vagens com seção circular e formato cilíndrico (Filgueira, 2003).

As vagens são colhidas ainda verdes, não fibrosas, tenras, antes das sementes ficarem salientes e quando as pontas são facilmente quebradas. O início da colheita de vagens ocorre entre 60 a 80 dias após o plantio, para

variedades de crescimento indeterminado, e o período de colheita pode estender-se por 30 dias, colhidas no intervalo de um a dois dias (Filgueira, 2003).

Estudos da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA – indicaram ainda que o feijão-de-vagem contém cerca de 3% de proteína, o que contribui para a sua importância na complementação na dieta básica da população (Santos et al., 2002). As proteínas do feijão, bem como as de outras leguminosas são ricas em lisina e limitadas em aminoácidos sulfurados como a metionina, cisteína e cistina (EMBRAPA, 2006).

O feijão-de-vagem é rico também em fibras e apresenta uma apreciável quantidade de vitaminas A, C, B1 e B2. Além de possuir quantidades menores de minerais como cálcio, ferro, fósforo, flúor e potássio (Santos et al., 2002).

A exploração comercial da cultura tem por finalidade o aproveitamento das vagens produzidas pela planta em seu estágio imaturo, seja para utilização industrial ou “*in natura*”, nas mais diversas receitas culinárias ou na forma de conservas ou congeladas.

No Brasil, a produção de vagem está concentrada nos Estados de São Paulo, Minas Gerais e Rio de Janeiro que produzem cerca 78% da produção de todo o país (IBGE, 2006).

Dados da PESAGRO – Rio revelara que no ano de 2006 o Estado do Rio de Janeiro produziu 13 mil toneladas de feijão-de-vagem, ocupando uma área total de aproximadamente 743 hectares. Neste mesmo ano dados do CEASA – RJ informam que foram comercializados um total de aproximadamente 7,7 mil toneladas de vagem, sendo 6 mil toneladas do tipo manteiga e 1,7 mil toneladas do tipo macarrão, tendo o município de Campos dos Goytacazes, contribuído com 1,2 mil toneladas do produto comercializado. Tais informações demonstram a potencialidade de expansão de mercado para a cultura, principalmente para os pequenos produtores do Norte e Noroeste Fluminense.

No Estado do Rio de Janeiro, a região serrana é a principal produtora e fornecedora de vagem para o CEASA-RJ, destacando-se os Municípios de Cachoeiras de Macacu, Nova Friburgo e Teresópolis, sendo que há um maior cultivo das variedades de crescimento indeterminado, por possibilitarem um

grande rendimento econômico. Além disso, oferece condições para a fixação do homem no campo, tornando-se uma alternativa a mais na geração de empregos e uma fonte de renda no meio rural (Abreu et al, 2004).

## **2.2. Diversidade genética**

Pode-se definir diversidade genética como a distância genética entre populações, indivíduos ou organismos, baseada em características morfoagronômicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares (Cruz et al., 2004).

Segundo Falconer (1981), a diversidade genética é expressa pela diferença entre as freqüências alélicas das populações, ou seja, é a diferença entre as contrapartes alélicas dando origem à divergência genética.

A importância da diversidade genética para o melhoramento está no fato de que cruzamentos que envolvam genitores geneticamente divergentes são mais apropriados para produzir alto efeito heterótico e maior variabilidade genética das populações segregantes (Rao et al., 1981; Cruz, 1990).

A diversidade genética pode ser avaliada por meio de técnicas biométricas, com base na quantificação da heterose (ex.: análises dialélicas), ou por processos preditivos (ex.: métodos multivariados), baseados em diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificando-as em medidas de dissimilaridade ou similaridade (Sudré et al., 2007).

Para determinar a divergência genética de uma população ou linhas, vários métodos multivariados podem ser aplicados. Dentre eles, estão as análises por Variáveis Canônicas e técnicas de agrupamentos. As técnicas de agrupamento diferem da análise por Variáveis Canônicas, pois os agrupamentos dependem de medidas de dissimilaridade estimadas previamente. Já no método das Variáveis Canônicas avalia-se a similaridade dos progenitores por meio de dispersão gráfica, onde se consideram dois eixos cartesianos (Cruz et al., 2004).

### 2.2.1. Análises de Agrupamento

Segundo Cruz et al. (2004), as técnicas de agrupamento permitem a divisão de um grupo em diversos outros grupos menores e mais homogêneos. Esta técnica depende de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, sendo a mais utilizada pela comunidade científica a distância generalizada de Mahalanobis.

Existe um grande número de métodos de agrupamento, porém, os mais utilizados no melhoramento de plantas são os de otimização e os hierárquicos (Cruz e Carneiro, 2003).

O método de otimização de Tocher citado por Rao (1952) é um dos mais utilizados. Para este método é necessário que se obtenha uma matriz de dissimilaridade que identifica os indivíduos mais similares que irão formar um grupo inicial. Após esse processo é avaliada a necessidade de inclusão de novos indivíduos mantendo-se o critério de que as distâncias dentro de cada grupo sejam sempre menores do que as de intergrupo (Cruz e Carneiro, 2003).

Sudré et al. (2006) concluíram que características qualitativas analisadas pelo método de Tocher foram capazes de diferenciar quatro espécies de *Capsicum* ssp. entre acessos de pimenta e pimentão do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense - RJ.

Nos métodos hierárquicos, os indivíduos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido um dendrograma ou diagrama arborescente. Dentre os métodos que vêm sendo comumente utilizados pode-se destacar o UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average).

O UPGMA é um método de agrupamento não-ponderado, que utiliza médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, evitando caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo e mínimo) entre os genótipos (Cruz et al., 2004).

Arriel et al. (2006) comparando diferentes técnicas multivariadas na caracterização de genótipos de gergelim (*Sesamum indicum* L.), constataram que

entre os métodos hierárquicos, o UPGMA proporcionou excelente representação das distâncias na forma de dendrogramas.

Bonett et al. (2006) com o objetivo de avaliar a divergência genética entre 63 cultivares crioulas de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), concluíram que o agrupamento pelo método UPGMA foi mais criterioso ou mais preciso do que o método de Tocher, pois agrupou de forma diferente as cultivares mais semelhantes.

### **2.2.1.1. Coeficiente de Correlação Cofenético - CCC**

Esta técnica é realizada após a obtenção do dendrograma, onde se tem uma nova leitura da dissimilaridade ou similaridade entre os genótipos avaliados, em que são estabelecidos novos coeficientes de semelhança que podem ser utilizados na formação de uma nova matriz de dissimilaridade, que é chamada de matriz de coeficientes de semelhança cofenéticos.

Segundo Cruz e Carneiro (2003), após a formação do dendrograma uma possível simplificação dos dados originais pode ocorrer, gerando algumas distorções sobre o padrão de dissimilaridade entre os indivíduos estudados, fazendo-se necessário julgar a adequação dos resultados, que constitui a etapa final do processo de agrupamento.

A adequação dos resultados é realizada por meio do coeficiente de correlação cofenético (CCC) proposto por Sokal e Rohlf (1962). O CCC é um coeficiente de correlação produto momento que quantifica a concordância entre os valores originais da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética (Cruz e Carneiro, 2003).

Sokal e Rohlf (1962) consideram o ajustes do coeficiente de correlação cofenético bom, quando o mesmo apresenta valores  $\geq 0,8$ . Estes resultados indicam que houve um bom ajuste entre as matrizes originais de distâncias e as distâncias da matriz cofenética, isto é, quanto maior o CCC, menor a distorção provocada ao agrupar os genótipos.

Bertan et al. (2006) comparando métodos de agrupamento na representação da distância morfológica em genótipos de trigo (*Triticum aestivum* L.), observaram que o CCC do dendrograma gerado pelo método de agrupamento UPGMA, revelou um bom ajuste ( $r = 0,80$ ) entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original.

É importante ressaltar que um baixo CCC ( $\leq 0,7$ ) não indica que o dendrograma não apresenta utilidade; indica apenas que alguma distorção deve ter ocorrido.

Vieira et al. (2005) observaram que as técnicas de agrupamento empregadas na seleção de genitores de milho (*Zea mays*) para hibridização e mapeamento genético, não revelaram um bom ajuste entre as distâncias apresentadas graficamente e a matriz de dissimilaridade ( $r = 0,70$ ) para o dendrograma formado pelo método UPGMA.

### **2.2.2. Análise por Variáveis Canônicas**

A análise multivariada, baseada em variáveis canônicas, foi relatada por Rao (1952). Segundo Cruz et al. (2004), é um processo alternativo para avaliar o grau de similaridade genética entre progenitores e leva em consideração a matriz de covariância residual e a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados. E tem como objetivo identificar indivíduos ou progenitores similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais.

O uso das variáveis canônicas permite: 1) reduzir o número de caracteres em avaliação; 2) determinar a contribuição de cada variável original para a variação total observada entre as unidades amostrais; e 3) agrupar os indivíduos com mais alto grau de similaridade, por meio de dispersões gráficas (Cruz et al., 2004).

Para a interpretação satisfatória da variabilidade manifestada entre genótipos é necessário que as duas primeiras Variáveis Canônicas permitam

estimativas mínimas de 80% da variação total contida no conjunto de caracteres analisados (Cruz et al., 2004).

Abreu et al. (2004) estudando a variabilidade entre acessos de feijão-de-vagem, observaram que a divergência genética entre os acessos pôde ser quantificada pelas três primeiras variáveis canônicas, que explicaram cerca de 79% da variação total disponível.

Benin et al. (2002) concluíram que a variabilidade manifestada entre genótipos de feijão preto (*Phaseolus vulgaris*) avaliados pôde ser quantificada pelas duas primeiras variáveis canônicas, que explicaram 87,4% da variação total disponível.

### **2.2.3. Importância Relativa das Características**

Esta técnica é de grande importância para os pesquisadores, pois possibilita avaliar com segurança a respeito das características que poderão ser utilizadas em estudos de divergência genética.

Segundo Fonseca e Silva (1999), as técnicas multivariadas além de serem utilizadas para avaliar a divergência genética, se aplicam tanto na identificação de descritores de maior interesse, quanto no descarte daqueles de pouca relevância para a explicação da variabilidade total.

Características dispensáveis em estudos de divergência genética são aqueles invariantes entre os genótipos estudados ou redundantes, por estarem correlacionados com outras características.

Shimoya et al. (2002) estudando a divergência genética entre acessos de capim elefante da EMBRAPA, concluíram que oito características avaliadas não contribuíram para o estudo, porém, as mesmas não foram descartadas, uma vez que um novo agrupamento foi realizado e observou-se que não houve mudanças no número de grupos e na posição dos genótipos estabelecidos pelo método de Tocher.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Obtenção das linhas F<sub>6:7</sub> recombinadas

O programa de melhoramento de feijão-de-vagem foi iniciado com a indicação para cruzamentos entre os genitores UENF 1429, UENF 1432, UENF 1442, UENF1445 e UENF 1448, do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, selecionados com base no estudo da divergência genética realizado por Abreu et al. (2004). Na Tabela 1, encontra-se a descrição dos genitores e sua procedência.

Os híbridos (F<sub>1</sub>) foram obtidos por meio de cruzamentos dialélicos, que podem ser observados na Tabela 2, realizados por Silva et al. (2004), onde os genitores, UENF 1429, UENF 1432, UENF 1442, UENF1445 foram utilizados como doadores de pólen e os genitores UENF 1432, UENF 1442, UENF1445 e UENF 1448, como receptores.

A geração F<sub>2</sub>, proveniente desses cruzamentos, teve a característica produtividade (Kg.ha<sup>-1</sup>) avaliada para efeito de seleção. Foram selecionados os cruzamentos entre os genótipos UENF 1442 x UENF 1429, UENF 1448 x UENF 1429, UENF 1448 x UENF 1442 e UENF 1448 x UENF 1445 (Tabela 3).

Tabela 1. Caracterização morfoagronômica e origem dos progenitores de feijão-de-vagem.

Progenitor	CORF	CORV	CORS	FPV	FDA	PDA	STV	Origem
UENF 1429	2	1	2	2	2	1	2	México
UENF1432	2	1	2	2	1	1	2	México
UENF 1442	1	1	2	1	2	1	1	Brasil (RJ)
UENF 1445	1	1	2	3	1	1	1	Brasil (RJ)
UENF 1448	2	1	3	2	1	1	1	Brasil (ES)

CORF: cor de flor, 1: branca, 2: lilás; CORV: cor da vagem, 1: verde, 2: verde com manchas; CORS: cor de semente, 1: branca, 2: marrom, 3: preta; FPV: forma do perfil da vagem, 1: reto, 2: semi-arqueado, 3: arqueado; FDA: forma do dente apical da vagem, 1: arqueada, 2: reta; PDA: posição do dente apical da vagem, 1: marginal, 2: não marginal; STV seção transversal da vagem: 1: chata (vagem do tipo "manteiga"), 2: redonda, (vagem do tipo "macarrão").

Tabela 2. Esquema de cruzamentos dialélicos entre cinco acessos de feijão-de-vagem.

♀ ♂	UENF 1432	UENF 1442	UENF 1445	UENF 1448
UENF 1429	X	X	X	X
UENF 1432	-	X	X	X
UENF 1442	-	-	X	X
UENF 1445	-	-	-	X

Tabela 3. Populações originadas das combinações entre os acessos.

População	Cruzamentos
1	UENF 1442 x UENF 1429
2	UENF 1448 x UENF 1429
3	UENF 1448 x UENF 1442
4	UENF 1448 x UENF 1445

Para a obtenção de populações segregantes até  $F_6$ , foi utilizado o método SSD - *Single Seed Descent* - em cultivos em casa de vegetação localizada na Unidade de Apoio à Pesquisa da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Após o avanço das gerações obteve-se um número total de 120 linhas, divididos em quatro populações.

### 3.2. Instalação do experimento

O presente trabalho foi realizado na área experimental do convênio UENF/PESAGRO-RIO – Estação Experimental de Campos dos Goytacazes, no período de maio a agosto de 2006.

Os tratamentos utilizados para a realização deste trabalho foram 120 linhas avançadas  $F_{6:7}$  feijão-de-vagem, de hábito de crescimento indeterminado provenientes do avanço de gerações pelo método de melhoramento *Single Seed Descent* - SSD. Na Tabela 4 são apresentados os dados de identificação do material utilizado no campo. Por questões práticas, ao longo da dissertação será utilizada a primeira coluna para identificação das linhas.

Foi adotado delineamento de blocos casualizados com 2 repetições e 3 arranjos em “sets”. Cada “set” foi composto por quatro populações contendo 30 famílias, distribuídas em parcelas de 20 plantas. As plantas foram dispostas com espaçamento de 0,50 m entre si e 1,00 m entre fileiras. As análises foram realizadas com base nas plantas centrais, sendo as duas plantas das extremidades mantidas para produção de sementes.

Para fins de comparação dos genótipos, em cada “set” foram incluídas as testemunhas “Top Seed Blue Line”, “Feltrin” e o Progenitor 19 (UENF 1445), também dispostas em fileiras de 10,0 m, com espaçamento de 0,50 m entre plantas e de 1,00 m entre fileiras. As populações, famílias e testemunhas foram aleatorizadas nos “sets”.

Tabela 4. Identificação de 120 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem.

Linha	População-Família-Linha	População
1	7-1-1	1
2	7-2-2	1
3	7-3-3	1
4	7-4-4	1
5	7-5-5	1
6	7-6-6	1
7	7 - 7 - 7	1
8	7 - 8 - 8	1
9	7 - 9 - 9	1
10	7 - 10 - 10	1
11	9 - 1 - 11	2
12	9 - 2 - 12	2
13	9 - 3 - 13	2
14	9 - 4 - 14	2
15	9 - 5 - 15	2
16	9 - 6 - 16	2
17	9 - 7 - 17	2
18	9 - 8 - 18	2
19	9 - 9 - 19	2
20	9 - 10 - 20	2
21	14 - 1 - 21	3
22	14 - 2 - 22	3
23	14 - 3 - 23	3
24	14 - 4 - 24	3
25	14 - 5 - 25	3
26	14 - 5 - 26	3
27	14 - 5 - 27	3
28	14 - 5 - 28	3
29	14 - 9 - 29	3
30	14 - 10 - 30	3
32	15 - 2 - 32	4

Tabela 4. cont.;

Linha	População-Família-Linha	População
33	15 - 3 - 33	4
34	15 - 4 - 34	4
35	15 - 5 - 35	4
36	15 - 6 - 36	4
37	15 - 7 - 37	4
38	15 - 8 - 38	4
39	15 - 9 - 39	4
40	15 -10 - 40	4
41	7 - 11 - 41	1
42	7 - 12 - 42	1
43	7 -13 - 43	1
44	7 -14 - 44	1
45	7 -15 - 45	1
46	7 -16 - 46	1
47	7 - 7 - 47	1
48	7 - 18 - 48	1
49	7 - 19 - 49	1
50	7 - 20 - 50	1
51	9 - 11 - 51	2
52	9 - 12 - 52	2
53	9 - 13 - 53	2
54	9 - 14 - 54	2
55	9 - 14 - 55	2
56	9 - 14 - 56	2
57	9 - 14 - 57	2
58	9 - 18 - 58	2
59	9 - 19 - 59	2
60	9 - 20 - 60	2
61	14 - 11 - 61	3
62	14 - 12 - 62	3
63	14 - 13 - 63	3

Tabela 4. cont.:

Linha	População-Família-Linha	População
64	14 - 14 - 64	3
65	14 - 15 - 65	3
66	14 - 16 - 66	3
67	14 - 17 - 67	3
68	14 - 18 - 68	3
69	14 - 19 - 69	3
70	14 - 20 - 70	3
71	15 -11 - 71	4
72	15 -12 - 72	4
73	15 -13 - 73	4
74	15 -14 - 74	4
75	15 -15 - 75	4
76	15 -16 - 76	4
77	15 -17 - 77	4
78	15 - 8 - 78	4
79	15 - 19 - 79	4
80	15 - 20 - 80	4
81	15 - 20 - 81	1
82	15 - 20 - 82	1
83	15 - 20 - 83	1
84	15 - 20 - 84	1
85	15 - 20 - 85	1
86	15 - 20 - 86	1
87	7 -27 - 87	1
88	7 - 28 - 88	1
89	7 - 29 - 89	1
90	7 - 30 - 90	1
91	9 - 21 - 91	2
92	9 - 22 - 92	2
93	9 - 23 -93	2
94	9 - 24 - 94	2
95	9 - 25 - 95	2

Tabela 4. cont.:

Linha	População-Família-Linha	População
96	9 - 26 - 96	2
97	9 - 27 - 97	2
98	9 - 28 - 98	2
99	9 - 29 - 99	2
100	9 - 30 - 100	2
101	9 - 21 - 101	3
102	14 - 22 - 102	3
103	14 - 23 - 103	3
104	14 - 24 - 104	3
105	14 - 25 - 105	3
106	14 - 26 - 106	3
107	14 - 27 - 107	3
108	14 - 28 - 108	3
109	14 - 29 - 109	3
110	14 - 30 - 110	3
111	15 - 21 - 111	4
112	15 - 22 - 112	4
113	15 - 23 - 113	4
114	15 - 24 - 114	4
115	15 - 25 - 115	4
116	15 - 26 - 116	4
117	15 - 27 - 117	4
118	15 - 28 - 118	4
119	15 - 29 - 119	4
120	15 - 30 - 120	4

A semeadura foi realizada em 18 de maio de 2006, colocando-se três sementes por cova, e cerca de 15 dias após a germinação, foram realizados o desbaste e tutoramento das plantas, mantendo uma planta por cova.

No período de 7 a 27 de agosto de 2006, foram realizadas quatro colheitas, tendo o experimento de campo uma duração de aproximadamente 120

dias. Durante a condução do experimento, foram realizados os tratos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura, segundo Filgueira (2003).

### 3.3. Características avaliadas

Para realização deste trabalho foram avaliadas oito características qualitativas e 12 características quantitativas.

a) Características qualitativas: as linhas foram caracterizadas considerando os descritores relacionados, de acordo com o proposto pelo “*Bioversity International*”, antigo IPGRI (2001) - *Plant Genetic Resources Institute* - com algumas adaptações.

**Cor de flor (CORF)** - Obtida quando as flores estavam abertas, atribuindo-se a seguinte graduação: 1 - Branca; 2 - Lilás suave; e 3 - Lilás típico, obtida com base na família.

**Cor de vagem (CORV)** - Determinada na colheita das vagens imaturas completamente expandidas, de acordo com a seguinte classificação: 1 - Roxa com faixas verdes; e 2 – Verde.

**Cor de sementes (CORS)** - Determinada em sementes provenientes de vagens colhidas secas, recebendo a seguinte classificação: 1 - Preta; 2 - Marrom; e 3 – Castanha.

**Forma do perfil da vagem (FPV)** - Obtida em vagens imaturas, em um total de dez vagens, obedecendo a seguinte classificação: 1 - Retos; 2 - Semi-arqueados; 3 - Arqueados; e 4 – Recurvados.

**Forma do dente apical da vagem (FDA)** - A forma da extremidade apical do fruto foi observada em amostragem de 10 vagens por parcela e classificadas em: 1 - Arqueada; e 2 - Reta.

**Posição do dente apical da vagem (PDA)** - Obtida pela caracterização da posição do dente da vagem de acordo com a seguinte classificação: 1 - Marginal (quando em alinhamento com a sutura ventral do fruto); e 2 - Não marginal (quando em desalinhamento com a sutura ventral).

**Seção transversal da vagem (STV)** - Determinada por meio do corte transversal de dez vagens, podendo ser: 1 - Chata; e 2 - Redonda.

**Tipo de vagem (TGV)** - As vagens verdes foram classificadas em: 1 - Macarrão (quando apresentarem seção transversal redonda); 2 - Manteiga (quando apresentarem seção transversal achatada).

b) Características quantitativas foram realizadas com base na mensuração de todas as plantas e realizada a média.

**Altura da planta (ALT)** - Foi obtida pela quantificação da altura das plantas, correspondendo à distância do colo até o final da haste principal, expressa em cm.

**Comprimento da vagem (CV)** - Obtido pela quantificação do comprimento longitudinal das vagens, com auxílio de régua graduada, em amostragem de 10 vagens por parcela, expresso em cm.

**Diâmetro das vagens (DV)** - Obtido pela medição da seção transversal da vagem, com auxílio de paquímetro digital, em amostragem de 10 vagens por parcela, expresso em mm.

**Números de lóculos por vagem (NL)** - Obtido pela contagem do número total de lóculos de cada vagem, em uma amostragem de 10 vagens por parcela.

**Número de sementes por vagem (NS)** - Obtido pela contagem das sementes imaturas produzidas por vagem, em uma amostragem de 10 vagens por parcela.

**Dias para florescimento (DF)** - Obtido pela quantificação do número de dias para o florescimento de pelo menos 50 % das plantas da parcela.

**Altura de inserção da primeira vagem (APV)** - Medida da altura das plantas, correspondendo à distância do colo até a inserção da primeira vagem, expressa em cm.

**Teor de fibra na vagem (FIB)** - Obtido a partir de 10 gramas de vagens *in natura* trituradas por três minutos em liquidificador industrial. Em seguida, as amostras foram colocadas em peneiras de 30 “mesh” e lavadas em água corrente. Posteriormente as amostras foram lavadas em acetona 100% e secas em estufa a 105°C por uma hora. Em seguida procedeu-se a pesagem do material (adaptado de Frank et al., 1961; Rodrigues et al., 1998; Abreu et al., 2004).

**Peso total de vagens por parcela (PT)** - Obtido pela quantificação do peso de todas as vagens de cada parcela, expresso em gramas.

**Número total de vagens por parcela (NT)** - Expresso pela contagem do número total de vagens produzidas por parcela.

**Peso médio de vagens por parcela (PM)** - Obtido pela divisão entre peso total de vagens e o número de plantas, sendo expresso em gramas.

**Número médio de vagens por parcela (NM)** - Obtido pela razão entre o número total de vagens e o número de plantas da parcela.

### 3.4. Análises estatísticas

Todas as análises genético-estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2001), e do programa R – “Project for Statistical Computing”.

#### 3.4.1. Agrupamento entre médias

Foi utilizado o critério Scott-Knott (1974), em nível de significância de 5% de probabilidade, para agrupar as médias entre as linhas.

#### 3.4.2. Distâncias genéticas

##### 3.4.2.1. Distância generalizada de Mahalanobis

Por se tratar de informações provenientes de ensaios experimentais foi possível se obter a matriz de dispersão residual e as médias das características quantitativas, sendo assim a Distância generalizada de Mahalanobis foi definida por:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

onde:

$D_{ii'}^2$ : é a distância de Mahalanobis entre os linhas  $i$  e  $i'$ ;

$\Psi^{-1}$ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta' = [d_1 \ d_2 \ \dots \ d_v]$ , sendo  $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$ ; e

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

### 3.4.2.2. Índice de dissimilaridade de Cole-Rodgers et al. (1997)

O índice de dissimilaridade foi avaliado a partir da concordância ou discordância de características. Com este índice foi determinada a porcentagem de coincidência de similaridade entre as linhas. A dissimilaridade é dada por:

$$d_{ij} = \sum_{j=1}^v \frac{D_j}{C_j + D_j}$$

onde:

$C_j$  = número de concordância entre categorias para a  $j$ -ésima variável; e

$D_j$  = número de discordância entre categorias para a  $j$ -ésima variável.

### 3.4.2.3. Índice de dissimilaridade de Gower (1971)

Foi utilizado para avaliar simultaneamente as características qualitativas e quantitativas, gerando a estimativa de um índice único de dissimilaridade que varia de 0 a 1. a dissimilaridade é dada por:

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

em que:

$i$  e  $j$  = indivíduos a serem comparados em relação a característica  $k$ ;

$p$  = número total de características; e

$d_{ij}$  = a contribuição da variável  $k$  para a distância total.

Se a variável é qualitativa,  $d_{ijk}$  assume valor 1, quando há concordância positiva ou negativa para a característica  $k$  entre os indivíduos  $i$  e  $j$ ; e em caso contrário quando a variável é quantitativa tem-se:

$$d_{ij} = \frac{|Y_{ik} - Y_{jk}|}{R_k}$$

onde:

$R_k$  = amplitude de variação da variável  $k$ , assumindo valores 0 e 1 ou inteiros entre estes.

O valor de  $w_{ijk}$  é um peso usado para definir as contribuições dos  $d_{ijk}$ 's individuais. Nesse aspecto, quando o valor da variável  $k$  é ausente em um ou ambos os indivíduos,  $w_{ijk} = 0$  ou, em caso contrário, igual a 1.

### 3.4.3. Análises de Agrupamento

As análises de agrupamento foram utilizadas para agrupar as linhas segundo suas distâncias genéticas, utilizando o método hierárquico de UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average) e o método de otimização de Tocher.

#### 3.4.3.1. Ligação média entre grupos - UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average)

Para o UPGMA, a distribuição dos indivíduos no dendograma não segue um critério de formação de grupos mutuamente exclusivos, já que a principal característica desse método é a formação de ramificações ou diagramas arborescentes. Neste método os indivíduos foram agrupados aos pares, por meio das médias de dissimilaridade. O dendograma priorizou os indivíduos com maior

similaridade, e as distâncias entre um indivíduo k e um grupo formado pelos indivíduos i e j foram obtidos por meio de:

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

onde:

$d_{(ij)k}$  = distância média entre o grupo ij e o indivíduo k;

$d_{ik}$  = distância entre os indivíduos i e k; e

$d_{jk}$  = distância entre os indivíduos j e k.

### 3.4.3.2. Coeficiente de Correlação Cofenético - CCC

A consistência do agrupamento foi realizada após obtido o dendograma pelo método do UPGMA, onde se realizou uma nova leitura da dissimilaridade das linhas, gerando uma nova matriz de dissimilaridade, ou seja, uma matriz de coeficientes de semelhança cofenético, expressa por:

$$r_{\text{cof}} = \frac{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{i=j+1}^n (c_{ij} = c) \quad (d_{ij} = d)}{\sqrt{\left[ \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{i=j+1}^n (c = c)^2 \right] \left[ \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{i=j+1}^n (d_{ij} = d)^2 \right]}}$$

em que :

$C_{ij}$  = valor de dissimilaridade entre as linhas i e j, obtidos a partir da matriz cofenética; e

$D_{ij}$  = valor de dissimilaridade entre as linhas i e j, obtidos a partir da matriz de dissimilaridade.

### 3.4.3.3. Método de otimização de Tocher

O método de otimização de Tocher foi realizado a partir da matriz de distâncias de Mahalanobis. Para a formação do grupo inicial, foi utilizada a menor distância de  $D^2$  na matriz de dissimilaridade entre as linhas. A inclusão de novos indivíduos foi baseada no critério de que a distância média intragrupo é inferior às distâncias intergrupos (Cruz e Carneiro, 2003). Para inclusão de um indivíduo em um grupo, verificou-se a distância do indivíduo em relação ao grupo, dividida pelo número de pares formados. Para tanto, o algoritmo empregado foi:

$$\frac{D^2_{(ij)k}}{N} < \theta$$

em que:

$\theta$  = limite máximo estabelecido para a entrada de linhas em grupo;

$N$  = número de linhas que constitui o grupo original;

$D^2_{(ij)k}$  = distância entre o grupo  $ji$  e as linhas  $k$ , obtida pela expressão:

$$D^2_{(ij)k} = D^2_{ik} + D^2_{jk}$$

sendo:

$D^2_{ik}$  = distância entre as linhas  $i$  e  $k$ ; e

$D^2_{jk}$  = distância entre as linhas  $j$  e  $k$ .

### 3.4.4. Análise por Variáveis Canônicas

A análise por variáveis canônicas foi utilizada com o objetivo de identificar os indivíduos mais similares, por meio de dispersão gráfica tridimensional, com base na distância  $D^2$  de Mahalanobis levando em conta as correlações residuais entre as médias das linhas. Segundo Cruz e Carneiro (2003), para a obtenção das variáveis canônicas as seguintes propriedades devem ser estabelecidas:

- a) Se  $Y_{ij}$  é uma variável canônica, então,  $Y_j$  é uma combinação linear de  $X$ :

$$Y_{ij} = a_1 X_{i1} + a_2 X_{i2} + \dots + a_n X_{in}$$

- b) Se  $Y_{ij}$  é outra variável canônica, então:

$$Y_{ij} = b_1 X_{i1} + b_2 X_{i2} + \dots + b_n X_{in}$$

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

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

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

- c) Dentre todas as variáveis canônicas: Variância  $Y_{i1} > \text{Variância } Y_{i2} > \dots > \text{Variância } Y_{in}$

Segundo Rao (1952), as variâncias de cada variável canônica e os coeficientes de ponderação dos caracteres podem ser estimados pela solução dos sistemas:

$$(T - \lambda_j E) \delta_j = \Phi$$

e a  $j$ -ésima variância, pela raiz característica de ordem correspondente, obtida pela solução de:

$$\det [T - \lambda_j E] = 0$$

em que:

T= matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas;

E= matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta_j$ = autovetor associado a cada estimativa das raízes características, cujos elementos são os coeficientes de ponderação; e

$\lambda_j$ = raízes características (autovalores) da matriz  $E^{-1}T$ .

### 3.4.5. Importância Relativa das Características

A Importância Relativa das Características foi calculada utilizando o método proposto por Singh (1981), baseado na partição do total das estimativas das distâncias  $D_{ii}^2$ , considerando todos os possíveis pares de indivíduos para a parte devida a cada característica.

Esse procedimento inicia-se na obtenção da matriz de variância e covariância residual, a qual é invertida e a seguir transposta. Tal matriz é então, multiplicada pelo vetor correspondente a mais importante variável canônica.

Com isto são calculados os valores de  $S_j$  que expressam a percentagem de todas as distâncias para as características avaliadas, de tal forma que:

$$\sum_{j=1}^p S_j = \sum_{i=1}^n D_{ii}^2$$

### 3.4.6. Comparação com a genealogia

A comparação da genealogia foi realizada com o objetivo de verificar se a diversidade genética dos genitores se traduziu em efetiva variabilidade entre as linhas recombinadas por SSD. As características dos progenitores foram baseadas na caracterização morfoagronômica realizada por Abreu (2001) e podem ser observadas no Diagrama 1.

O critério para avaliação das linhas quanto à sua genealogia foi realizado pelo seguinte raciocínio: Indivíduos provenientes de uma mesma população foram designados irmãos completos, e indivíduos de populações diferentes, porém com pais em comum caracterizaram meios-irmãos. Já aqueles que não apresentaram qualquer grau de parentesco foram considerados não aparentados.

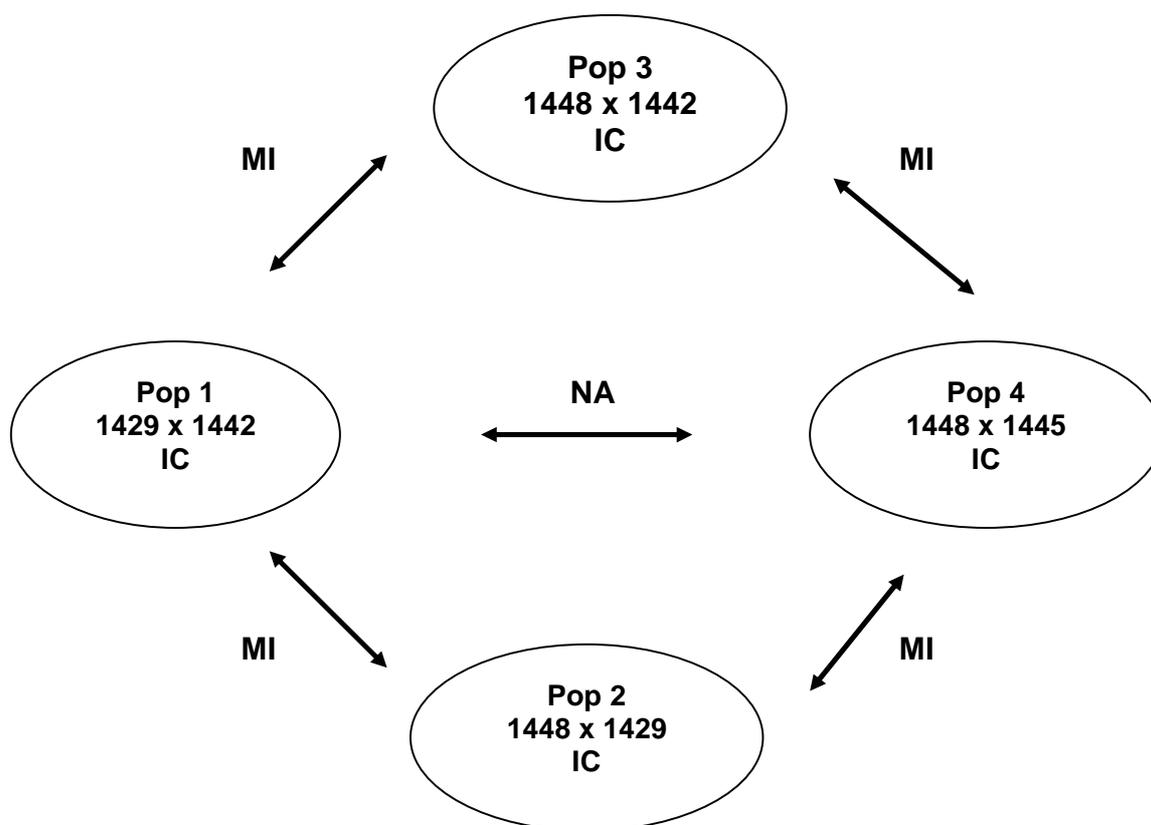


Diagrama1. IC = Irmãs completas; MI = Meios-irmãos; e NA = não aparentados.

#### 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Figura 1 encontram-se os dados meteorológicos referentes a médias de precipitação, temperatura máxima e mínima, durante os meses de maio, junho, julho e agosto.

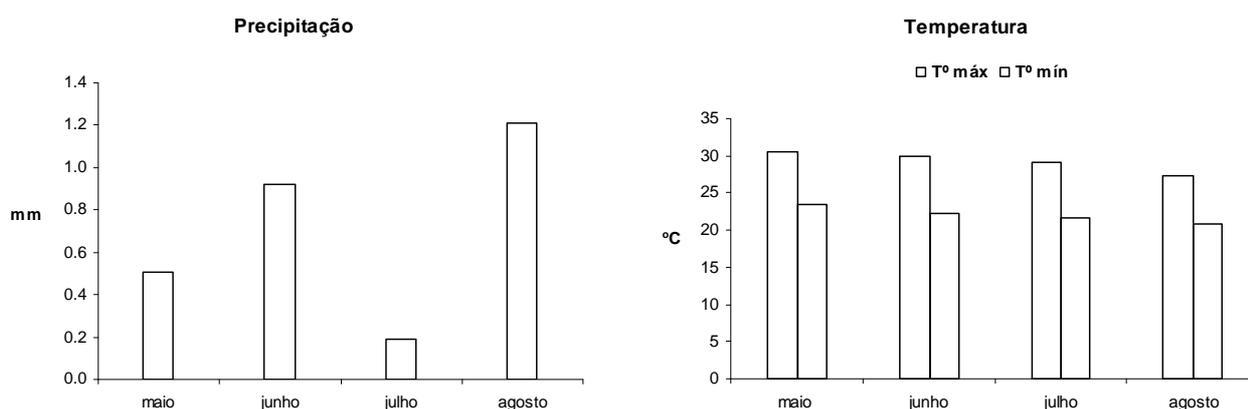


Figura 1. Médias da precipitação mensal (mm), temperatura máxima ( $T^{\circ}$  máx) e mínima ( $T^{\circ}$  mín) registradas pela Estação Evapotranspirométrica da UENF, na área de condução do experimento, durante os meses de maio a agosto de 2006.

#### 4.1. Características qualitativas

Os descritores cor de flor, cor de vagem, cor de sementes, forma do perfil da vagem, forma do dente apical da vagem, posição do dente da vagem, seção transversal da vagem, são variáveis qualitativas, portanto, não foram submetidos à análise de variância, e estão relacionados na Tabela 5. Para essas variáveis foram obtidas as frequências de classes dentro de cada característica avaliada.

As linhas se dividiram em três classes quanto à cor de flor: flor branca, lilás suave e lilás típico, com 30,83%, 35% e 24,17%, respectivamente.

A característica cor de vagem foi a que expressou menor variabilidade entre as linhas, sendo 95% representados por vagens verdes e apenas 5% de vagens roxas com faixas verdes. Esse resultado revela a baixa diversidade entre as linhas para essa característica, o que é bastante interessante no que diz respeito à aceitação de mercado, pois vagens verdes são mais aceitas pelos consumidores do produto “*in natura*”.

Quanto à característica cor de sementes, foi observada uma boa discriminação das linhas, onde a maior parte destas, 57,5%, apresentou sementes de cor marrom, 30,83% linhas de cor preta e apenas 11,60% das linhas contiveram sementes de cor castanha.

Pode-se observar uma considerável variabilidade entre as linhas com relação à característica forma do perfil da vagem. Para esta característica, as linhas foram divididas em três grupos distintos, e somente 38,33% das linhas contiveram vagens retas; 37,5% semi-arqueadas; e 24,17% arqueadas.

Para a característica forma do dente apical da vagem, 16,67% das linhas apresentaram a forma reta e 83,37% a forma arqueada. Para a característica posição do dente apical, 86,67% das linhas apresentaram vagens com dente apical na posição marginal e 13,33% na posição não marginal.

As características seção transversal da vagem e tipo de vagem estão estreitamente ligadas, ou seja, as linhas que apresentaram seção transversal redonda pertencem ao tipo “macarrão” e as vagens que apresentam seção transversal chata, são do tipo “manteiga”.

Tabela 5. Características qualitativas de 120 linhas F<sub>6.7</sub> de feijão-de-vagem.

GEN	CORF	CORV	CORS	FPV	FDA	PDA	STV
1	1	2	3	1	2	1	2
2	1	2	2	1	2	1	1
3	2	2	2	3	1	1	1
4	2	2	3	1	1	1	1
5	1	2	2	3	2	2	1
6	2	2	2	3	2	1	1
7	1	2	2	3	2	1	1
8	2	2	2	3	1	1	2
9	1	2	2	1	1	1	1
10	2	2	2	1	1	1	1
11	2	2	1	1	2	1	2
12	2	2	2	1	2	1	1
13	3	2	1	1	1	1	2
14	2	2	2	1	2	1	2
15	3	2	1	1	2	1	1
16	3	2	1	1	1	1	2
17	3	2	1	3	1	1	2

Tabela 5. cont.;

GEN	CORF	CORV	CORS	FPV	FDA	PDA	STV
18	3	2	1	2	1	2	1
19	2	2	3	2	2	1	1
20	2	2	2	2	2	1	1
21	1	2	2	1	2	2	1
22	1	2	2	1	2	2	1
23	2	2	1	1	2	1	1
24	1	2	3	1	2	1	1
25	1	2	2	1	2	1	1
26	1	2	2	1	1	1	1
27	1	2	2	1	1	1	1
28	3	2	1	3	2	1	1
29	3	2	1	1	2	1	1
30	3	2	1	2	1	1	1
31	1	2	2	1	1	1	1
32	1	2	2	1	2	1	1
33	1	2	2	1	1	1	2
34	1	2	3	1	1	1	1
35	3	2	1	2	1	1	1

Tabela 5. cont.;

GEN	CORF	CORV	CORS	FPV	FDA	PDA	STV
36	2	1	3	2	1	1	1
37	2	1	2	3	1	1	1
38	1	2	3	1	1	1	1
39	3	2	1	1	1	1	1
40	3	1	2	2	1	1	1
41	2	2	2	1	1	1	2
42	1	2	2	3	1	1	1
43	2	2	2	3	1	1	1
44	2	2	2	2	1	1	1
45	2	2	2	2	1	1	1
46	2	2	2	2	1	2	2
47	2	2	2	1	1	1	1
48	2	2	1	2	1	1	1
49	2	2	2	1	1	1	1
50	2	2	2	3	1	1	2
51	2	2	2	1	1	1	2

Tabela 5, cont.;

GEN	CORF	CORV	CORS	FPV	FDA	PDA	STV
52	2	2	1	1	1	1	1
53	2	2	1	1	1	1	1
54	2	2	1	2	1	1	1
55	2	2	1	3	1	1	1
56	2	2	1	2	1	1	1
57	2	2	2	1	1	1	1
58	2	2	3	1	1	1	1
59	2	2	2	2	1	1	1
60	3	2	1	1	1	1	1
61	3	2	1	3	1	1	1
62	1	2	1	2	1	1	1
63	3	2	2	2	1	1	1
64	3	2	2	3	1	1	2
65	3	1	1	2	1	1	1
66	2	2	1	1	1	1	1
67	3	2	1	3	1	1	1
68	3	2	1	2	1	1	1
69	3	2	1	3	1	1	2

Tabela 5. cont.;

GEN	CORF	CORV	CORS	FPV	FDA	PDA	STV
70	3	2	2	1	1	2	1
71	1	2	2	1	2	2	1
72	3	2	1	2	1	1	1
73	1	2	2	1	1	2	1
74	1	2	2	1	1	1	1
75	3	1	2	2	1	1	1
76	1	2	2	2	1	1	1
77	3	2	1	3	1	1	1
78	1	2	2	3	1	1	1
79	3	2	2	3	1	1	1
80	3	1	2	2	1	1	1
81	1	2	2	3	1	1	2
82	1	2	3	2	1	1	2
83	2	2	2	3	1	1	1
84	1	2	2	2	1	1	2
85	2	2	3	3	1	1	2
86	1	2	2	2	1	1	2
87	1	2	2	3	1	1	1

Tabela 5. cont.;

GEN	CORF	CORV	CORS	FPV	FDA	PDA	STV
88	1	2	2	3	1	1	1
89	1	2	3	2	1	1	1
90	3	2	2	2	1	1	1
91	2	2	2	2	1	1	2
92	2	2	3	3	1	1	1
93	2	2	2	2	1	1	2
94	2	2	3	1	1	2	1
95	3	2	1	2	1	1	1
96	2	2	2	2	1	1	1
97	2	2	2	2	1	2	2
98	3	2	1	2	1	1	1
99	3	2	2	2	1	2	1
100	3	2	1	2	1	1	1
101	3	2	2	1	1	2	1
102	1	2	2	1	1	1	1
103	3	2	2	1	1	1	1
104	1	2	2	2	1	1	1
105	2	2	3	2	1	1	1

Tabela 5, cont.;

GEN	CORF	CORV	CORS	FPV	FDA	PDA	STV
106	3	2	1	2	1	1	1
107	2	2	2	2	1	2	1
108	3	2	1	2	1	1	1
109	3	2	1	2	1	2	1
110	3	2	2	3	1	1	1
111	3	2	2	3	1	1	1
112	1	2	2	2	1	1	1
113	1	2	2	1	1	1	1
114	3	2	2	2	1	1	1
115	1	2	2	2	1	2	1
116	1	2	2	1	1	1	1
117	3	2	1	3	1	1	1
118	3	2	1	2	1	1	1
119	3	2	1	3	1	1	1
120	1	2	2	1	1	2	1

CORF: cor de flor, 1: branca, 2: lilás suave, 3: lilás típico; CORV: cor da vagem, 1: roxa com faixas verdes, 2: verde; CORS: cor de semente, 1: preta, 2: marrom, 3: castanha; FPV: forma do perfil da vagem, 1: reto, 2: semi-arqueado, 3: arqueado; FDA: forma do dente apical da vagem, 1: arqueada, 2: reta; PDA: posição do dente apical da vagem, 1: marginal, 2: não marginal; STV e TGV: seção transversal da vagem e tipo de vagem, 1: chata, vagem do tipo "manteiga", 2: redonda, vagem do tipo "macarrão".

Em relação às linhas estudadas, 81,67% são do tipo manteiga e 18,33% do tipo macarrão.

Segundo Abreu (2001), alguns mercados consumidores se destacam por suas preferências em relação ao tipo de vagem. Em muitos mercados do interior, o tipo macarrão é o preferido, enquanto em outros há preferência pelo tipo manteiga. Conforme Filgueira (2003), existem mercados que aceitam ambos os tipos de vagem. No Estado do Rio de Janeiro, a preferência pela vagem tipo manteiga, pode ser observada no volume de comercialização do CEASA - RJ, em que 6000 toneladas desse tipo de vagem são comercializadas por ano, enquanto que somente 1500 toneladas de vagem do tipo macarrão. Sendo assim, linhas com vagens do tipo manteiga são as mais indicadas para o mercado Norte Fluminense.

#### **4.1.1. Ligação média entre grupos - UPGMA - Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average**

Analisando 120 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem pelo método UPGMA a partir do complemento aritmético do índice de dissimilaridade de Cole-Rodgers et al. (1997), com base nas sete variáveis qualitativas, verificou-se a formação de um dendrograma (Figura 2), onde estão representadas no eixo X as porcentagens das distâncias entre as linhas e, no eixo Y a representação das linhas.

Segundo Cruz (1990), um problema comum aos métodos de agrupamento hierárquicos se refere à dificuldade para se decidir quanto ao número de grupos formados, pois não existe um critério definido para sua determinação e qualquer inferência rígida sobre este número pode não ser produtiva. Porém, a fácil interpretação e simplicidade são importantes nas análises dos dados. Sugere-se então que se faça um exame visual de pontos onde ocorrem mudanças de níveis abruptas, que possibilitem a delimitação dos grupos.

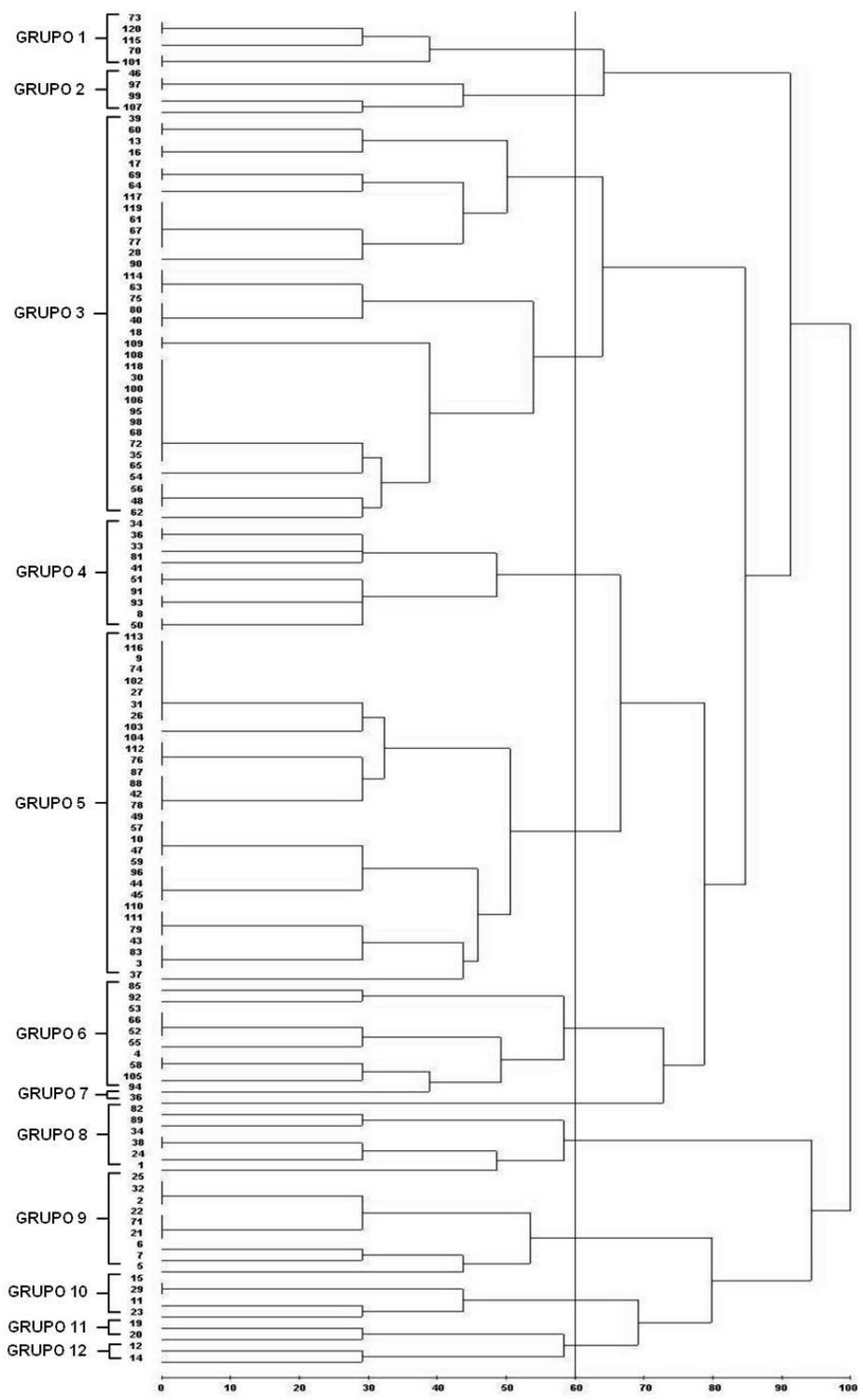


Figura 2. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 120 linhas F<sub>6:7</sub> de feijão-de-vagem, obtido pelo método UPGMA a partir do índice de dissimilaridade de Cole-Rodgers et al. (1997).

Observou-se no dendrograma que ao se fazer um corte vertical de aproximadamente 60% tem-se a formação de 12 grupos, discriminados na Tabela 6. Ao realizar o corte a 80%, nota-se a ocorrência de sete diferentes grupos e quatro grupos ao se fazer um corte a 90%. Considerando que a maior discriminação ocorreu no nível de 60%, considerou-se esse percentual como o ponto de corte do dendrograma no presente trabalho. Com a formação do dendrograma obtido pelo agrupamento, foi realizada a caracterização das linhas conforme descrito na Tabela 5 e a comparação das linhas com as suas genealogias, sendo estas em sua maioria meias-irmãs e irmãs completas, exceto para os grupos 8 e 12 que apresentaram somente irmãs completas.

O grupo 1 foi formado por cinco linhas (70, 73, 101, 115 e 120) com ascendência genealógica expressa por irmãs completas e meias-irmãs. Comparando as linhas do grupo com os dados da Tabela 5, pode-se observar que ocorreu uma variação para as características cor de flor e forma do perfil da vagem, onde as linhas apresentaram 60% de flores brancas e 40% de flores na cor lilás típico, 20 % com a forma do perfil da vagem semi-arqueada e os outros 80% com perfil reto, sementes marrons, vagens verdes e do tipo manteiga.

As linhas 73, 115 e 120, consideradas irmãs completas provieram do cruzamento UENF 1448 x UENF 1445, enquanto que as também irmãs completas 70 e 101 tiveram como genitores UENF 1448 x UENF 1442. Deve ser acrescentado que as linhas 73, 115 e 120 são meias-irmãs de 70 e 101, devido ao genitor comum UENF 1448 (Tabela 6). Tem-se assim, um primeiro indício de que linhas provenientes de um mesmo cruzamento biparental tiveram similaridades com as derivadas de outro cruzamento, porém por deterem um genitor em comum.

O grupo 2 foi composto por quatro linhas (48, 97, 99 e 107), onde todas são meias-irmãs e irmãs completas. Neste grupo observou-se que as linhas variaram para as características cor de flor, e tipo de vagem, sendo 50% para flores lilás suave, 50% de vagens do tipo manteiga e 50% de vagens do tipo macarrão, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem semi-arqueada, forma do dente apical da vagem semi-arqueada, posição do dente apical não marginal.

Tabela 6. Agrupamento de 120 linhas F<sub>6:7</sub> de feijão-de-vagem, obtido pelo método UPGMA a partir do índice de dissimilaridade de Cole-Rodgers et al. (1997).

Grupos	Linhas	Cruzamentos de origem
1	73 120 115 70 101	UENF 1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
2	46 97 99 107	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442
3	39 60 13 16 17 69 64 117 119 61 67 77 28	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
4	90 114 63 75 80 40 18 109 108 118 30 100 106 95 98 68 72 35 65 54 56 48 62	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
5	34 86 33 81 41 51 91 93 8 50	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
6	113 116 9 74 102 27 31 26 103 104 112 76 87 88 42 78 49 57 10 47 59 96 44 45 110 111 79 43 83 3 37	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
7	85 92 53 66 52 55 4 58 105 94	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442
8	36	UENF1448 X UENF1445
9	82 89 84 38 24 1	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1442 UENF 1448 X UENF1445
10	25 32 2 22 71 21 6 7 5	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
11	15 29 11 23	UENF 1448 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1442
12	19 20 12 14	UENF 1448 X UENF1429

De forma semelhante ao que ocorreu com o grupo 1, no grupo 2 linhas endogâmicas de diferentes cruzamentos revelaram-se similares, sob aspectos morfoagronômicos qualitativos. A linha 48, por exemplo, adveio da combinação UENF 1442 x UENF 1429; enquanto 97 e 99 provieram do híbrido UENF 1448 x UENF 1429; e 107, de UENF 1448 x UENF 1442.

Porém, por outro lado, as linhas 48, 97, 99 e 107 são meias-irmãs, sendo: a) 48 com 99 e 107 por terem UENF 1429 como genitor comum; b) 48 com 107, que têm em UENF 1442 o genitor comum; e c) 97 e 99 com 107, com o genitor comum UENF 1448.

Assim é compreensível perceber que, à semelhança do que ocorreu com o agrupamento de ordem 1; no grupo 2, foram reunidas linhas com semelhanças morfoagronômicas por advirem de pelo menos um ancestral em comum.

O grupo 3 alocou um total de 13 linhas (Tabela 6) de irmãs completas e meios-irmãos, onde se observam diferenças entre as características cor de sementes, com 92% de sementes pretas e 8% de sementes marrons, forma do perfil da vagem com 30% reta e 70% arqueada, tipo de vagem com 62% de vagens do tipo manteiga e 38% do tipo macarrão, flores lilás típico, vagens verdes e forma do dente apical da vagem arqueado.

No grupo 3 foram reunidos cinco linhas endogâmicas provenientes do híbrido UENF 1448 x UENF 1442 – 28, 61, 64, 67, 69, e quatro dos cruzamentos UENF 1448 x UENF 1429 – 13, 16, 17 e 60, e UENF 1448 x UENF 1445 – 39, 77, 117 e 119. Fato consistente nesse agrupamento é que todas as linhas são meias-irmãs, pois provêm do genitor comum UENF 1448. Portanto, é coerente a reunião dessas linhagens em um mesmo grupo.

No grupo 4, foram agrupados 23 linhas  $F_{6:7}$ , como pode ser observado na Tabela 6, com linhas não aparentadas, irmãs completas e meios-irmãos. Não ocorreu diferença entre as linhas somente para as características forma do perfil da vagem, que apresentou perfil reto, e tipo de vagem, onde todas as linhas apresentaram vagens do tipo manteiga. Para as características cor de flor, cor de vagem, cor de sementes e posição de dente apical da vagem pode-se observar

uma variação entre as linhas, onde, 82% são de flores da cor lilás típico e vagens verdes e 18% flores lilás suave e vagens roxas com faixas verdes.

Para esse grupo, a presença da linha 48 e 90 em conjunto com as linhas 35, 40, 72, 75, 80, 114 e 118 não eram esperadas ocorrer, por não possuírem um ancestral comum, já que as duas primeiras originaram-se de UENF 1442 x UENF 1429 ao passo que as demais, de UENF 1448 x 1445 (Tabela 6). É possível que a segregação possa ter promovido semelhanças alélicas a despeito da genealogia incomum.

Fato semelhante ocorreu com o grupo 5, em que foram reunidas as linhas 33, 34 e 36, oriundas do cruzamento UENF 1448 x UENF 1445, e 81, 41, 8 e 50, do cruzamento UENF 1442 x UENF 1429. De qualquer forma, o grupo reuniu as meias-irmãs 8, 41, 50 e 81 com 51, 91 e 93 – que têm UENF 1429 como genitor comum – e 33, 34 e 36 com 51, 91, e 93 – cujo genitor comum é UENF 1448.

De forma específica, este grupo alocou 10 linhas de irmãs completas e meias-irmãs. Para as características cor de flor, cor de vagem, cor de sementes e tipo de vagem, observa-se que houve diferença entre as linhas que apresentaram 70% de flores lilás suave e 30% de flores brancas, 90% de vagens verdes e 10% de vagens roxas com faixas verdes, 80% com sementes marrons e 20% de cor castanha e 80% de vagens do tipo macarrão e 20% de vagens do tipo manteiga. Para as características forma do perfil da vagem e posição do dente apical da vagem as linhas não apresentaram nenhum tipo de variação.

O grupo 6 proporcionou a formação do maior conjunto de linhas (Tabela 6), onde foram alocados 31 indivíduos, sem qualquer grau de parentesco, bem como irmãs completas e meios-irmãos. As características cor de vagem, cor de sementes, forma do dente apical da vagem, posição do dente apical da vagem e forma da vagem não manifestaram diferenças entre as linhas que apresentaram vagens verdes, sementes pretas, forma do dente arqueado, posição de dente apical marginal e vagens do tipo manteiga. Para as características cor de flor e forma do perfil da vagem as linhas variaram com 49% das flores brancas, 39% de flores lilás suave e 12% de flores lilás típico, 42% com a forma do perfil reto, 9% semi-arqueada e 49% arqueado.

Neste grupo as linhas não aparentadas foram 3, 9, 10, 42, 43, 44, 45, 47, 49, 83, 87 e 88 (oriundas de UENF 1442 com UENF 1429) com 31, 37, 74, 76, 78, 79, 112, 113 (provenientes de UENF 1448 x UENF 1445). Aqui se tem uma situação mais intensa de semelhança entre linhas endogâmicas que, pela genealogia, esperar-se-iam estarem em grupos distintos. Diante disso, há que se refletir se realmente foi possível o favorecimento de reunião de conjuntos gênicos semelhantes descendidos de genealogia incomum, anteriormente hipotetizado. Pela magnitude de semelhanças outras hipóteses surgem, como até mesmo a da ocorrência de mistura de linhagens decorrido de contaminação durante o avanço das gerações via SSD.

No grupo 7, as linhas se agruparam no total de 10 indivíduos (4, 52, 53, 55, 58, 66, 85, 92, 94 e 105), sendo estes irmãs completas e meios-irmãos. As características cor de flor, cor de vagem e forma do dente apical da vagem apresentaram somente flores lilás suave, vagens verdes e forma do dente apical arqueada. Para as características cor de semente, forma do perfil da vagem posição do dente apical da vagem as linhas variaram dentro do grupo, apresentando 60% de sementes castanhas e 40% de sementes pretas, 60 % com a forma do perfil reta, 30% arqueada e 10% semi-arqueada e tipo de vagem com 90% de vagens do tipo manteiga e 10% do tipo macarrão.

O grupo 8, representado apenas por 1 linha (36), que se caracteriza por apresentar flores da cor lilás suave, vagens roxas com faixas verdes, sementes castanhas, forma do perfil da vagem semi-arqueado, forma do dente apical da vagem reto, posição de dente apical marginal e vagem do tipo manteiga.

O grupo 9 conteve seis linhas, composto por irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas. As meias-irmãs foram as linhas 82 e 89 do cruzamento UENF 1442 x UENF 1429 com a linha 24 (derivada de UENF 1448 x UENF 1442), além de 34 e 38 do híbrido UENF 1448 x UENF 1445 com a linha 24 (UENF 1448 x UENF 1442).

Considerando-se que as linhas 82 e 89 estiveram reunidas com 34 e 38, percebeu-se que há forte tendência de alocar linhas derivadas do híbrido UENF 1442 x UENF 1429 com as de UENF 1448 x UENF 1445, à semelhança do que se

constatou nos grupos 4, 5 e 6. Tornou-se possível então aventar a hipótese de que os genitores são mais similares do que a divergência identificada por Abreu et al. (2004).

Observou-se que neste grupo houve variação entre as linhas para as características forma do perfil da vagem com 66% reta e 34% semi-arqueada, forma do dente apical da vagem, onde 66% apresentaram a forma arqueada e 34% a forma reta e tipo de vagem que foi representado por 66% de vagens do tipo manteiga e 34% do tipo macarrão. Para as características cor de flor, cor de vagem, cor de sementes e posição do dente apical da vagem as linhas foram representadas por flores brancas, vagens verdes, sementes castanhas e com a posição do dente apical marginal.

O grupo 10, além de conter irmãs completas e meios-irmãos, os não aparentados 32 e 71 (UENF 1448 x UENF 1445) com 1, 2, 6, 7 e 5 (UENF 1442 x UENF 1429) auxiliam a pressuposição de que a divergência dos genitores pode não ter se traduzido em variabilidade entre as linhas endogâmicas recombinadas.

Nesse grupo foram alocadas nove linhas, sendo que as características cor de vagem, cor de sementes, forma do dente apical da vagem e tipo de vagem não variaram entre as linhas, uma vez que apresentaram vagens verdes, sementes marrons, forma do dente apical reta e vagens do tipo manteiga. Para as características cor de flor, forma do perfil da vagem e posição do dente apical da vagem pode-se observar que as linhas variaram em 88% para flores brancas e 12% para flores lilás suave, 66% para forma do dente apical arqueada e 34% para a forma reta e 56% para posição do dente apical marginal e 44% não marginal.

O grupo 11 foi formado por quatro linhas (11, 15, 29 e 23) contendo meias-irmãs e irmãs completas. Neste grupo somente as características cor de flor e tipo de vagem expuseram diferença entre as linhas, onde 50% das flores são de cor lilás típico e 75% de vagens do tipo manteiga, sendo que outros 25% de vagens, do tipo macarrão. As características cor de vagem, cor de sementes, forma do perfil da vagem, forma do dente apical da vagem e posição do dente apical da vagem não representaram variação das linhas, que contiveram vagens

verdes, sementes pretas, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical reta e posição de dente apical marginal.

O grupo 12 foi o único grupo que reuniu linhas originadas de uma mesma população, logicamente de irmãs completas. O grupo foi formado por apenas quatro linhas (12, 14, 19 e 20) de flores lilás suave, vagens verdes, e posição de dente apical marginal. A coloração das sementes variou em 75% de sementes castanhas e 25% de sementes pretas, 50% da forma do perfil da vagem foi reta e 50% semi-arqueada, sendo que 75% das vagens são do tipo manteiga e 25% do tipo macarrão, o que pode ser observado na Tabela 5.

Segundo Abreu et al. (2004), as características forma e posição do dente apical da vagem, para a indústria, são fatores que se destacam. Preferencialmente, a de forma reta e posição marginal, devido à redução de perdas no processamento do material. Neste caso destacaram-se as linhas dos grupos 11 e 12, que apresentaram a forma reta e posição marginal do dente apical. Isto pode ser explicado, uma vez que as linhas são de origem dos cruzamentos UENF 1442 x UENF 1429 e UENF 1448 x UENF1429, que apresentam as formas retas e marginais do dente apical em suas vagens, exceto o progenitor UENF 1448 que apresentou a forma do dente apical arqueada.

Outras características que interessam ao mercado consumidor são as relacionadas ao tipo de vagem e cor de vagem. Abreu et al. (2004) expressaram que vagens do tipo manteiga e cor verde são mais apreciadas pelo mercado no Estado do Rio de Janeiro. Para estas características destacaram-se as linhas dos grupos 1, 6 e 10, que são de origem dos cruzamentos UENF 1442 X UENF1429; UENF 1448 X UENF1429; UENF1448 X UENF1442; e UENF1448 X UENF1445, em que a maioria apresenta vagens verdes e do tipo manteiga, exceto os oriundos do progenitor UENF 1429, que apresentam vagem do tipo macarrão.

O coeficiente de correlação cofenético (CCC) do dendrograma gerado pelo método UPGMA não revelou um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e sua matriz original, apresentando o valor  $r = 0,59$ , indicando alguma distorção. Segundo Sokal e Rohlf (1962), somente valores de correlação cofenética superiores a 0,8 indicam um bom ajuste entre as matrizes originais de

distâncias e as distâncias gráficas. Porém, isto não significa que o dendrograma não tenha utilidade, apenas indica uma distorção, possibilitando ainda assim a utilização do dendrograma para a avaliação do agrupamento gerado.

#### 4.1.2. Método de otimização de Tocher

O agrupamento fundamentado no método de otimização de Tocher permitiu a formação de 33 grupos (Tabela 7) de linhas F<sub>6:7</sub>.

Deste modo foi possível indicar a similaridade e divergência entre as linhas, verificando-se a distância mínima para as linhas 2 e 25 ( $D^2 = 0,3214$ ), e a máxima para as linhas 11 e 14 ( $D^2 = 0,4571$ ), indicando maior divergência entre as linhas. As características morfológicas das linhas F<sub>6:7</sub> podem ser observadas na Tabela 5.

O grupo 1 foi formado por quatro linhas (2, 7, 25 e 32), contendo irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas e se caracterizou por possuir linhas com flores brancas, vagens verdes, sementes marrons, vagens com a forma do perfil reta e arqueada, forma do dente apical reta, posição de dente apical marginal e vagens do tipo macarrão.

O grupo 2 foi formado pelas linhas 3, 6, 43 e 81 originadas de uma mesma população (UENF 1442 x UENF 1429), portanto, todas irmãs completas. O grupo possui linhas com flores de cor lilás suave, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem arqueado, as vagens apresentam a forma do dente apical arqueada e reta, posição de dente da vagem marginal e vagens do tipo manteiga.

O grupo 3 agrupou nove linhas (4, 10, 47, 49, 52, 53, 57, 58, e 66) representadas por meias-irmãs e irmãs completas. Este grupo caracterizou-se por apresentar flores na cor lilás suave, vagens verdes, sementes pretas, marrom e castanha, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical arqueada, posição do dente apical marginal e vagens do tipo manteiga.

Tabela 7. Agrupamento de 120 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem, obtido pelo método de otimização de Tocher a partir do índice de dissimilaridade de Cole-Rodgers et al. (1997).

Grupos	Linhas	Cruzamentos de origem
1	2 25 32 7	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
2	3 43 83 6	UENF 1442 x UENF 1429
3	4 58 10 47 49 57 52 53 66	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442
4	8 50 41 51 91 93	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1429
5	9 26 27 31 74 102 113 116 33	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
6	13 16 17 69	UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442
7	15 29 23	UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442
8	18 109 30 35 68 72 95 98 100 106 108 118	UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
9	21 22 71 5	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
10	34 38 24	UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
11	39 60 61 67 77 117 119	UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
12	40 75 80 63 90 114	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445

Tabela 7, cont;

Grupos	Linhas	Cruzamentos de origem
13	42 78 87 88 76 104 112	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
14	44 45 59 96 20	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442
15	46 97 107	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442
16	48 54 56 55	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1429
17	70 101 73 120	UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
18	79 110 111 64	UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
19	84 86 81	UENF 1442 x UENF 1429
20	11 14	UENF 1448 x UENF 1429
21	19 105	UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442
22	62 89	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442
23	85 92	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1429
24	99 115	UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1445
25	103	UENF 1448 x UENF 1442
26	94	UENF 1448 x UENF 1429
27	65	UENF 1448 x UENF 1442
28	82	UENF 1442 x UENF 1429
29	12	UENF 1448 x UENF 1429
30	36	UENF 1448 x UENF 1445

Tabela 7, cont;

Grupos	Linhas	Cruzamentos de origem
31	37	UENF 1448 x UENF 1445
32	28	UENF 1448 x UENF 1442
33	1	UENF 1442 x UENF 1429

No grupo 4 ficaram alocadas seis linhas (8, 41, 50, 51, 91 e 93) de irmãs completas e meias-irmãs. Pode-se observar que este grupo ficou caracterizado por apresentar flores na cor lilás suave, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem reta, semi-arqueada e arqueada, forma do dente apical arqueada, posição de dente apical marginal e vagens do tipo macarrão.

O grupo 5 foi representado por nove linhas (9, 26, 27, 31, 33, 74, 102, 113 e 116), sendo este constituído por linhas de irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas, que se caracterizaram em linhas de flores lilás suave, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical arqueada e posição de dente apical marginal. Oitenta e nove por cento possuem vagens do tipo manteiga e 11% vagens do tipo macarrão.

No grupo 6 ficaram reunidas quatro linhas (13, 16, 17 e 69) de irmãs completas e meias-irmãs. As linhas apresentaram flores na cor lilás típico, vagens verdes, sementes pretas, forma do perfil da vagem reta e arqueada, forma do dente apical arqueada, posição do dente apical marginal e vagens do tipo macarrão.

O grupo 7 foi constituído por três linhas (15, 23 e 29) de meias-irmãs e irmãs completas que se caracterizaram por apresentar flores nas cores lilás suave e lilás típico, vagens verdes, sementes pretas, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical da vagem reta, posição do dente marginal e vagens do tipo manteiga.

O grupo 8 foi composto pelo maior número de indivíduos, e reuniu 12 linhas (18, 30, 35, 68, 72, 95, 95, 100, 106, 108, 109 e 118), sendo meias-irmãs e

irmãs completas. Essas linhas apresentaram flores na cor lilás típico, vagens verdes, sementes pretas, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical arqueada, 16% das vagens com posição do dente apical não marginal e 84% marginal e vagens do tipo manteiga.

O grupo 9 agrupou quatro linhas (5, 21, 22, e 72), representados por irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas. O grupo se caracterizou por apresentar flores brancas, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical reta, posição do dente não marginal e vagens do tipo manteiga.

O grupo 10 foi composto por três linhas (24, 34 e 38) de irmãs completas e meias-irmãs. As linhas ficaram caracterizadas por apresentar flores brancas, vagens verdes, sementes castanhas, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical arqueada, posição do dente marginal e vagens do tipo manteiga.

No grupo 11 foram alocadas sete linhas (39, 60, 61, 67, 77 117 e 119), sendo estes de irmãs completas e meios-irmãos. Observa-se (Tabela 5) que o grupo apresenta flores na cor lilás típico, vagens verdes, sementes pretas, 72% com a forma do perfil da vagem arqueada e 28% reta, forma do dente apical arqueada, posição do dente apical marginal e vagens do tipo manteiga.

O grupo 12 foi composto por seis linhas (40, 63, 75, 80, 90 e 114) de irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas, que se caracterizaram em linhas de flores lilás típico, 50% de vagens verdes e 50% de vagens roxas com faixas verdes, sementes marrons, forma do perfil semi-arqueada, forma do dente apical arqueada, posição do dente apical marginal e vagens do tipo manteiga.

O grupo 13 agrupou sete linhas (42, 76, 78, 87, 88, 104 e 112), sendo estes de irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas. As linhas F<sub>6:7</sub> apresentaram flores brancas, vagens verdes, sementes marrons, 49% com a forma do perfil da vagem semi-arqueada e 51% arqueada, forma do dente apical arqueada, posição do dente apical marginal e vagens do tipo manteiga.

No grupo 14 foram alocadas cinco linhas (20, 44, 45, 59 e 96) de irmãs completas e meias-irmãs que se caracterizaram em linhas de flores lilás suave, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil semi-arqueada, forma do dente

apical com 88% arqueada e 12% reta, posição do dente apical marginal e vagens do tipo manteiga.

O grupo 15 conteve três linhas (46, 97, 107), sendo estes de meias-irmãs e irmãs completas. Pode-se observar (Tabela 5) que as linhas se caracterizaram por apresentar flores da cor lilás suave, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil semi-arqueada, forma do dente apical arqueada, posição de dente apical não marginal e vagens do tipo macarrão.

O grupo 16 foi composto por quatro linhas (48, 54, 55 e 56) de irmãs completas e meias-irmãs que apresentam flores lilás típico, vagens verdes, sementes pretas, forma do perfil da vagem 75% semi-arqueada e 12% arqueada, forma do dente apical arqueada, posição do dente apical marginal e vagens do tipo manteiga.

No grupo 17 foram alocadas quatro linhas (70, 73, 101 e 120) de irmãs completas e meias-irmãs. As linhas apresentaram 50% de flores brancas e 50% de flores na cor lilás típico, vagens verdes, semente marrons, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical arqueada, posição de dente apical não marginal e vagens do tipo manteiga.

O grupo 18 também foi formado por quatro linhas (64, 79, 110 e 111) de meias-irmãs e irmãs completas, que apresentaram flores lilás típico, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem arqueada, forma do dente apical arqueado, posição do dente apical marginal e vagens do tipo manteiga.

O grupo 19 foi representado por três linhas (81, 84 e 86), somente de irmãs completas e se caracterizou por apresentar flores brancas, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem semi-arqueada, forma do dente apical arqueada, posição do dente apical marginal e vagens do tipo macarrão.

O grupo 20 foi representado por apenas duas linhas (11 e 14), de irmãs completas, e apresentaram flores lilás suave, vagens verdes, sementes pretas e marrons, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical reta, posição do dente apical marginal e vagens do tipo macarrão.

Os grupos 21, 22, 23 e 24 foram formados por duas linhas, que foram caracterizados por apresentar flores brancas, lilás suave e lilás típico, vagens

verdes, sementes pretas, marrons e castanhas, forma do perfil da vagem reta, semi-arqueada e arqueada, forma do dente apical arqueada e reta, posição do dente apical marginal e não marginal e vagens do tipo macarrão e manteiga.

Os grupos 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32 e 33 foram formados por apenas uma linha.

É interessante notar que o método de Tocher, ao formar nove grupos com apenas uma linha tendeu a ser mais criterioso na separação de linhas  $F_{6:7}$  não relacionadas. Porém, quando se percebe que linhas de um mesmo híbrido estiveram presentes em grupos distintos, supõe-se que linhas com a mesma ancestralidade foram dessemelhantes para algumas características. Isso não é ilógico, uma vez que a endogamia com as autofecundações favorece o surgimento de classes de linhas distintas, na proporção de  $3^n$ , sendo “n” o número de locos em heterozigose.

De qualquer forma, dos 33 agrupamentos, apenas cinco contiveram linhas não aparentadas, denotando em agrupamento, *a priori*, mais aceitável do que o formado pelo método UPGMA, que conteve cinco dos 12 grupos com indivíduos não parentes.

Os grupos 1, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12 e 13 do método de otimização de Tocher foram parcialmente concordantes com os grupos 10, 3, 11, 4, 10, 9, 4, 6, 1 e 7, respectivamente, do método UPGMA.

Os grupos que se destacaram para forma reta e posição marginal do dente apical foram os grupos 1, 7 e 20, sendo estas linhas as mais indicadas para a obtenção de variedades tipo linha pura, se destinados à indústria.

Outros grupos que também podem ser indicados para a obtenção de variedades tipo linha pura, destinados ao consumo “*in natura*” são os que se destacaram para características relacionadas ao tipo de vagem e cor de vagem, sendo estes os grupos 1, 3, 7, 8I, 9, 10, 11, 12, 14, 16 e 17I, que apresentaram vagens verdes e do tipo manteiga. Também grupos os 4, 6 e 19, que apresentaram vagens verdes e do tipo macarrão.

## 4.2. Características quantitativas

### 4.2.1. Agrupamento entre médias e genealogia

O agrupamento das médias das linhas  $F_{6:7}$  foi realizada pelo critério Scott-Knott (1974), em nível de 5% de probabilidade. Pode-se observar na Tabela 8 que ocorreu variabilidade para todas as características, exceto para as características altura da inserção da primeira vagem, variando de 10,24 cm a 16,31 cm e teor de fibra, que variou de 0,1% a 2,5% de fibra.

As características comprimento da vagem e número de lóculos por vagem revelaram maior variabilidade entre as linhas, formando quatro classes diferentes.

Para a característica dias para florescimento, as linhas que se revelaram mais precoces são as mais desejáveis, por isso destacaram-se aquelas que apresentaram menor valor médio (40 dias).

Quanto à característica altura de plantas, as linhas se dividiram em duas classes, seguido das características diâmetro da vagem, número de sementes por vagem, peso médio das vagens, número médio de vagens, produção total de vagens e número total de vagens.

Considerando as duas características mais importantes para a cultura como peso médio das vagens (PM) e teor de fibra (FIB), é relevante mencionar que as quatro linhas mais produtivas (10, 7, 6 e 3) provêm de um mesmo cruzamento (UENF 1442 x UENF 1429), e foram seguidas pelas linhas  $F_{6:7}$  20 e 97, ambas do cruzamento UENF 1448 x UENF 1429 (Tabela 9). Para essas linhas a produtividade média variou de 72 kg.parcela<sup>-1</sup> para a linha 97, enquanto a linha 10 expressou média de 88,50 kg.parcela<sup>-1</sup>.

Em relação ao teor de fibra, as seis linhas  $F_{6:7}$  recombinadas (43, 46, 10, 48, 2 e 6) com menor porcentagem de fibra provieram somente do híbrido UENF 1442 x UENF 1429 (Tabela 10). Para os valores extremos, a linha 43 conteve 0,10% de fibra, enquanto a linha 6, obteve um teor de fibra de 0,54%.

Tabela 8. Médias aritméticas de 120 linhas F<sub>6:7</sub> de feijão-de-vagem para 12 características quantitativas estudadas, agrupados pelo teste de média Scott-Knott (1974).

Linhas	ALT	CV	DV	NL	NS	DF	APV	FIB	PT	NT	PM	NM
1	1,88 a	15,66 b	10,87 a	8,30 a	7,95 a	47,00 d	10,24 a	0,60 a	1367,50 a	133,00 b	68,37 a	6,65 b
2	2,00 a	14,44 c	9,82 b	8,00 b	7,70 a	51,00 c	13,60 a	0,48 a	902,50 b	135,50 b	45,12 b	6,77 b
3	1,82 a	14,85 c	9,65 b	7,70 b	7,15 b	49,00 c	13,72 a	0,65 a	1527,50 a	211,50 a	76,37 a	10,57 a
4	2,01 a	14,93 c	8,98 b	7,75 b	7,25 b	49,00 c	12,24 a	0,56 a	1362,50 a	176,50 a	68,12 a	8,82 a
5	1,84 a	14,30 c	9,89 b	7,70 b	7,55 a	58,00 a	14,50 a	0,60 a	1492,50 a	229,00 a	74,62 a	11,45 a
6	1,85 a	15,11 b	9,99 b	7,85 b	7,65 a	52,50 b	12,31 a	0,54 a	1565,00 a	244,50 a	78,25 a	12,22 a
7	1,93 a	17,28 a	11,55 a	8,65 a	8,15 a	48,00 c	15,28 a	0,63 a	1675,00 a	210,50 a	83,75 a	10,52 a
8	1,98 a	16,11 b	9,77 b	8,55 a	8,35 a	54,50 a	10,72 a	0,54 a	835,00 b	117,00 b	41,75 b	5,85 b
9	2,02 a	13,58 c	9,35 b	8,00 b	7,60 a	58,00 a	13,13 a	0,58 a	1335,00 a	227,00 a	66,75 a	11,35 a
10	1,60 a	17,98 a	9,76 b	7,85 b	7,50 a	58,00 a	12,50 a	0,44 a	1770,00 a	218,00 a	88,50 a	10,90 a
11	1,59 a	12,67 d	8,33 b	7,60 b	7,35 b	48,00 c	14,48 a	0,76 a	1270,00 a	204,00 a	63,50 a	10,20 a
12	1,85 a	13,32 c	9,53 b	7,25 c	6,60 b	51,00 c	13,82 a	0,72 a	1227,50 a	198,00 a	61,37 a	9,90 a
13	1,58 a	12,12 d	9,32 b	7,80 b	7,50 a	49,00 c	14,67 a	0,63 a	1090,00 a	182,50 a	54,50 a	9,12 a
14	1,15 b	11,98 d	10,34 b	7,20 c	7,05 b	41,50 d	11,39 a	0,87 a	1115,00 a	158,50 a	55,75 a	7,92 a
15	2,03 a	13,33 c	9,93 b	7,10 c	6,90 b	47,00 d	16,01 a	0,96 a	1010,00 a	157,50 a	50,50 a	7,87 a
16	1,64 a	11,99 d	8,99 b	7,80 b	7,50 a	50,00 c	15,45 a	0,54 a	867,50 b	170,50 a	43,37 b	8,52 a
17	1,65 a	11,01 d	8,74 b	6,85 c	6,75 b	41,50 d	11,21 a	0,98 a	830,00 b	164,50 a	41,50 b	8,22 a

Tabela 8, cont;

Linhas	ALT	CV	DV	NL	NS	DF	APV	FIB	PT	NT	PM	NM
18	1,88 a	12,39 d	8,19 b	7,55 b	7,15 b	51,00 c	12,50 a	0,57 a	710,00 b	141,00 b	35,50 b	7,05 b
19	1,37 b	14,64 c	9,33 b	7,45 b	7,20 b	45,50 d	11,54 a	0,51 a	1410,00 a	198,50 a	70,50 a	9,92 a
20	1,69 a	14,20 c	9,20 b	7,75 b	7,35 b	41,50 d	12,86 a	0,73 a	1450,00 a	184,00 a	72,50 a	9,20 a
21	1,16 b	14,77 c	11,03 a	7,10 c	6,50 b	50,00 c	11,13 a	0,64 a	1087,50 a	132,50 b	54,37 a	6,62 b
22	1,40 b	14,90 c	10,44 b	7,60 b	7,50 a	49,00 c	12,86 a	0,66 a	1152,50 a	154,50 a	57,62 a	7,72 a
23	1,90 a	14,41 c	9,93 b	8,00 b	7,70 a	48,00 c	12,22 a	0,90 a	1300,00 a	192,50 a	65,00 a	9,62 a
24	1,93 a	13,70 c	9,83 b	7,50 b	6,75 b	49,00 c	13,46 a	0,60 a	1322,50 a	224,50 a	66,12 a	11,22 a
25	1,14 b	11,39 d	8,74 b	7,70 b	7,35 b	42,00 d	14,96 a	1,35 a	780,00 b	146,00 b	39,00 b	7,30 b
26	1,46 b	11,50 d	9,52 b	7,35 c	8,55 a	45,00 d	14,44 a	0,99 a	932,50 b	177,00 a	46,62 b	8,85 a
27	1,50 b	19,29 a	10,91 a	8,45 a	7,20 b	51,00 c	16,31 a	0,54 a	1217,50 a	143,00 b	60,87 a	7,15 b
28	1,83 a	13,43 c	9,43 b	7,60 b	7,25 b	48,00 c	12,42 a	0,69 a	1242,50 a	172,00 a	62,12 a	8,60 a
29	1,60 a	13,09 d	8,83 b	7,70 b	7,20 b	46,00 d	11,55 a	1,75 a	1042,50 a	224,00 a	52,12 a	11,20 a
30	1,71 a	14,02 c	8,99 b	7,60 b	6,90 b	45,00 d	11,75 a	1,10 a	1250,00 a	224,00 a	62,50 a	11,20 a
31	1,07 b	11,99 d	9,77 b	7,45 b	7,20 b	42,50 d	14,37 a	0,95 a	642,50 b	120,00 b	32,12 b	6,00 b
32	1,20 b	12,49 d	10,80 a	6,10 d	5,95 b	40,00 d	11,75 a	1,50 a	632,50 b	116,00 b	31,62 b	5,80 b
33	1,31 b	14,33 c	11,43 a	7,90 b	7,30 b	47,00 d	11,59 a	0,96 a	1025,00 a	148,50 b	51,25 a	7,42 b
34	1,22 b	12,62 d	9,80 b	7,45 b	7,30 b	43,50 d	11,38 a	0,99 a	875,00 b	153,50 a	43,75 b	7,67 a
35	1,03 b	13,65 c	9,28 b	6,90 c	6,60 b	41,50 d	11,76 a	0,85 a	1362,50 a	184,50 a	68,12 a	9,22 a

Tabela 8, cont;

Linhas	ALT	CV	DV	NL	NS	DF	APV	FIB	PT	NT	PM	NM
36	2,11 a	16,03 b	10,10 b	8,40 a	8,05 a	43,50 d	11,63 a	0,86 a	1385,00 a	187,50 a	69,25 a	9,37 a
37	1,78 a	13,72 c	9,49 b	7,75 b	7,60 a	45,00 d	12,92 a	0,77 a	1072,50 a	170,00 a	53,62 a	8,50 a
38	1,28 b	15,37 b	9,60 b	7,20 c	6,95 b	51,00 c	12,54 a	0,58 a	1255,00 a	253,00 a	62,75 a	12,65 a
39	1,21 b	13,03 d	9,44 b	7,40 c	7,35 b	49,00 c	12,75 a	1,00 a	1095,00 a	161,50 a	54,75 a	8,07 a
40	1,63 a	15,62 b	10,11 b	7,70 b	7,30 b	45,00 d	15,48 a	0,95 a	1300,00 a	135,00 b	65,00 a	6,75 b
41	1,87 a	13,49 c	13,35 a	8,75 a	8,35 a	49,00 c	12,55 a	1,13 a	790,00 b	98,00 b	39,50 b	4,90 b
42	1,98 a	15,04 b	14,96 a	8,80 a	8,70 a	42,00 d	13,23 a	0,88 a	1075,00 a	137,50 b	53,75 a	6,87 b
43	1,96 a	13,11 d	13,41 a	8,40 a	8,30 a	44,00 d	10,64 a	0,10 a	892,50 b	119,50 b	44,62 b	5,97 b
44	1,65 a	15,10 b	11,18 a	8,15 a	7,05 b	51,00 c	13,62 a	0,68 a	1157,50 a	163,50 a	57,87 a	8,17 a
45	1,97 a	15,83 b	9,99 b	8,05 b	7,25 b	48,00 c	12,52 a	0,86 a	945,00 b	126,50 b	47,25 b	6,32 b
46	1,87 a	13,81 c	8,74 b	7,60 b	6,95 b	47,00 d	13,75 a	0,39 a	385,00 b	69,50 b	19,25 b	3,47 b
47	1,99 a	16,11 b	10,81 a	9,10 a	8,35 a	48,50 c	13,57 a	0,78 a	787,50 b	113,00 b	39,37 b	5,65 b
48	1,92 a	13,09 d	10,34 b	7,25 c	6,55 b	52,00 b	13,32 a	0,44 a	617,50 b	94,50 b	30,87 b	4,72 b
49	1,70 a	14,82 c	10,24 b	8,35 a	7,30 b	50,00 c	12,23 a	0,83 a	655,00 b	90,00 b	32,75 b	4,50 b
50	2,04 a	14,26 c	9,50 b	8,45 a	8,00 a	52,00 b	12,55 a	0,49 a	937,50 b	174,00 a	46,87 b	8,70 a
51	1,89 a	10,54 d	10,45 b	7,75 b	7,50 a	48,00 c	11,08 a	0,77 a	797,50 b	171,00 a	39,87 b	8,55 a
52	1,19 b	12,37 d	11,70 a	8,00 b	7,90 a	47,00 d	12,32 a	0,78 a	935,00 b	159,00 a	46,75 b	7,95 a
53	1,76 a	10,47 d	10,06 b	7,45 b	7,30 b	48,00 c	11,48 a	0,93 a	597,50 b	126,50 b	29,87 b	6,32 b

Tabela 8, cont;

Linhas	ALT	CV	DV	NL	NS	DF	APV	FIB	PT	NT	PM	NM
54	1,03 b	10,85 d	10,89 a	7,20 c	7,15 b	45,50 d	11,41 a	1,14 a	517,50 b	121,50 b	25,87 b	6,07 b
55	1,28 b	12,05 d	10,40 b	7,70 b	7,00 b	49,00 c	15,12 a	1,11 a	797,50 b	148,00 b	39,87 b	7,40 b
56	1,59 a	11,32 d	9,33 b	7,15 c	6,80 b	46,00 d	14,33 a	0,86 a	382,50 b	93,00 b	19,12 b	4,65 b
57	1,09 b	13,27 c	10,95 a	7,10 c	6,80 b	49,00 c	14,20 a	1,58 a	677,50 b	112,00 b	33,87 b	5,60 b
58	1,18 b	11,60 d	10,82 a	6,45 d	6,00 b	48,00 c	13,46 a	0,81 a	620,00 b	128,50 b	31,00 b	6,42 b
59	1,50 b	9,54 d	9,29 b	6,75 d	6,50 b	51,00 c	11,20 a	0,52 a	745,00 b	197,50 a	37,25 b	9,87 a
60	1,17 b	11,45 d	9,44 b	7,55 b	6,95 b	50,00 c	13,21 a	1,10 a	787,50 b	182,50 a	39,37 b	9,12 a
61	1,81 a	13,36 c	13,77 a	7,15 c	7,00 b	43,50 d	11,61 a	1,12 a	917,50 b	133,50 b	45,87 b	6,67 b
62	1,87 a	13,34 c	12,65 a	7,00 c	6,75 b	43,00 d	12,83 a	1,09 a	610,00 b	101,50 b	30,50 b	5,07 b
63	2,00 a	13,37 c	12,97 a	8,15 a	7,85 a	44,50 d	13,08 a	0,97 a	642,50 b	125,50 b	32,12 b	6,27 b
64	1,62 a	11,22 d	10,72 a	6,45 d	6,25 b	47,00 d	13,40 a	1,70 a	375,00 b	80,00 b	18,75 b	4,00 b
65	1,89 a	13,51 c	11,39 a	7,7 b	6,75 b	48,00 c	14,00 a	1,09 a	877,50 b	160,50 a	43,87 b	8,02 a
66	1,56 a	11,32 d	11,35 a	7,00 c	6,75 b	48,00 c	11,84 a	0,46 a	915,00 b	115,50 b	45,75 b	5,77 b
67	1,94 a	14,23 c	11,13 a	8,00 b	7,35 b	46,00 d	15,37 a	1,40 a	602,50 b	92,00 b	30,12 b	4,60 b
68	1,43 b	12,68 d	9,57 b	7,70 b	7,25 b	44,50 d	10,82 a	0,95 a	547,50 b	109,50 b	27,37 b	5,47 b
69	1,77 a	12,56 d	9,72 b	6,70 d	6,30 b	48,00 c	13,45 a	0,90 a	517,50 b	103,50 b	25,87 b	5,17 b
70	1,46 b	12,88 d	9,08 b	7,60 b	7,45 a	46,00 d	11,65 a	1,00 a	532,50 b	124,50 b	26,62 b	6,22 b
71	1,50 b	11,39 d	11,91 a	6,70 d	6,55 b	47,00 d	11,85 a	0,82 a	612,50 b	145,00 b	30,62 b	7,25 b

Tabela 8, cont;

Linhas	ALT	CV	DV	NL	NS	DF	APV	FIB	PT	NT	PM	NM
72	1,86 a	12,10 d	12,20 a	7,35 c	7,25 b	45,00 d	14,86 a	0,94 a	907,50 b	169,00 a	45,37 b	8,45 a
73	0,99 b	10,29 d	11,18 a	6,50 d	6,45 b	42,50 d	15,37 a	0,88 a	307,50 b	57,50 b	15,37 b	2,87 b
74	1,68 a	13,03 d	9,86 b	7,80 b	6,95 b	42,50 d	11,73 a	0,87 a	690,00 b	126,50 b	34,50 b	6,32 b
75	1,68 a	14,81 c	10,88 a	8,10 a	7,25 b	44,00 d	13,60 a	0,82 a	515,00 b	125,50 b	25,75 b	6,27 b
76	1,44 b	13,41 c	9,70 b	6,80 c	6,45 b	41,50 d	11,93 a	0,87 a	547,50 b	90,00 b	27,37 b	4,50 b
77	1,83 a	12,14 d	10,09 b	8,55 a	8,05 a	47,00 d	12,19 a	0,88 a	707,50 b	120,50 b	35,37 b	6,02 b
78	1,76 a	15,47 b	12,15 a	8,25 a	7,65 a	51,00 c	13,69 a	0,78 a	505,00 b	82,50 b	25,25 b	4,12 b
79	0,99 b	13,64 c	9,67 b	8,10 a	7,75 a	49,00 c	12,00 a	0,87 a	740,00 b	147,00 b	37,00 b	7,35 b
80	1,90 a	11,75 d	11,49 a	8,05 b	7,95 a	46,00 d	13,43 a	0,97 a	570,00 b	95,50 b	28,50 b	4,77 b
81	2,08 a	12,34 d	10,68 a	8,20 a	8,05 a	52,00 b	12,26 a	0,69 a	297,50 b	53,00 b	14,87 b	2,65 b
82	1,93 a	15,45 b	11,39 a	8,80 a	8,70 a	50,00 c	11,12 a	0,80 a	1230,00 a	165,00 a	61,50 a	8,25 a
83	1,92 a	15,54 b	11,89 a	7,65 b	7,10 b	53,00 b	13,76 a	0,92 a	1107,50 a	163,00 a	55,37 a	8,15 a
84	2,00 a	12,33 d	9,64 b	7,35 c	7,30 b	52,00 b	11,89 a	0,86 a	1025,00 a	174,00 a	51,25 a	8,70 a
85	1,88 a	12,52 d	8,94 b	8,25 a	8,10 a	50,00 c	12,86 a	0,71 a	460,00 b	89,50 b	23,00 b	4,47 b
86	1,64 a	15,24 b	10,74 a	7,40 c	7,05 b	55,00 a	10,53 a	0,59 a	1030,00 a	143,50 b	51,50 a	7,17 b
87	2,21 a	16,54 b	12,14 a	7,65 b	6,90 b	55,00 a	14,62 a	0,85 a	1020,00 a	146,00 b	51,00 a	7,30 b
88	1,95 a	16,10 b	12,59 a	8,45 a	8,15 a	51,00 c	12,63 a	0,69 a	1372,50 a	188,00 a	68,62 a	9,40 a
89	2,09 a	13,14 d	11,10 a	7,50 b	7,40 b	51,00 c	12,73 a	0,76 a	515,00 b	114,00 b	25,75 b	5,70 b

Tabela 8, cont;

Linhas	ALT	CV	DV	NL	NS	DF	APV	FIB	PT	NT	PM	NM
90	1,23 b	14,08 c	11,17 a	7,55 b	7,25 b	45,00 d	13,74 a	0,92 a	897,50 b	133,50 b	44,87 b	6,67 b
91	1,27 b	11,50 d	9,11 b	6,40 d	6,20 b	55,00 a	13,04 a	0,83 a	570,00 b	125,50 b	28,50 b	6,27 b
92	1,57 a	12,37 d	9,32 b	6,90 c	8,30 a	53,00 b	15,21 a	1,27 a	667,50 b	147,00 b	33,37 b	7,35 b
93	1,39 b	12,56 d	11,40 a	6,90 c	7,20 b	47,00 d	13,39 a	1,15 a	615,00 b	109,50 b	30,75 b	5,47 b
94	1,22 b	14,55 c	12,28 a	7,30 c	6,95 b	51,00 c	14,57 a	0,86 a	985,00 a	126,00 b	49,25 a	6,30 b
95	1,73 a	13,51 c	11,77 a	7,80 b	7,70 a	45,00 d	13,87 a	1,10 a	1125,00 a	203,50 a	56,25 a	10,17 a
96	1,76 a	14,19 c	11,30 a	7,60 b	7,75 a	45,00 d	12,01 a	0,81 a	1075,00 a	176,00 a	53,75 a	8,80 a
97	1,96 a	13,46 c	11,58 a	7,30 c	7,30 b	52,00 b	10,85 a	1,03 a	1440,00 a	216,00 a	72,00 a	10,80 a
98	1,42 b	12,15 d	10,03 b	7,35 c	7,20 b	50,00 c	14,12 a	1,12 a	860,00 b	168,00 a	43,00 b	8,40 a
99	2,02 a	11,95 d	10,21 b	7,45 b	7,25 b	47,00 d	12,58 a	0,91 a	590,00 b	149,50 b	29,50 b	7,47 b
100	2,06 a	11,54 d	10,20 b	7,50 b	7,20 b	50,00 c	13,52 a	1,12 a	877,50 b	194,00 a	43,87 b	9,70 a
101	1,13 b	10,70 d	9,17 b	6,80 c	6,60 b	48,00 c	15,79 a	1,12 a	697,50 b	182,50 a	34,87 b	9,12 a
102	1,92 a	9,72 d	11,33 a	5,60 d	5,50 b	50,00 c	13,91 a	0,95 a	882,50 b	226,00 a	44,12 b	11,30 a
103	1,95 a	10,65 d	9,57 b	6,60 d	6,35 b	48,00 c	12,42 a	0,98 a	1190,00 a	190,00 a	59,50 a	9,50 a
104	1,93 a	13,68 c	11,11 a	7,60 b	7,40 b	49,00 c	14,67 a	0,97 a	757,50 b	187,50 a	37,87 b	9,37 a
105	1,41 b	11,40 d	11,31 a	6,90 c	6,85 b	48,00 c	13,92 a	1,22 a	517,50 b	124,50 b	25,87 b	6,22 b
106	1,94 a	9,64 d	10,56 b	7,05 c	6,75 b	44,50 d	13,61 a	1,03 a	547,50 b	132,50 b	27,37 b	6,62 b
107	1,71 a	11,17 d	10,30 b	7,05 c	6,95 b	44,50 d	14,71 a	1,17 a	700,00 b	136,50 b	35,00 b	6,82 b

Tabela 8, cont;

Linhas	ALT	CV	DV	NL	NS	DF	APV	FIB	PT	NT	PM	NM
108	2,02 a	11,14 d	9,86 b	6,40 d	6,35 b	45,00 d	13,30 a	1,38 a	405,00 b	101,00 b	20,25 b	5,05 b
109	1,53 b	11,97 d	9,64 b	7,05 c	6,85 b	49,00 c	13,49 a	2,52 a	332,50 b	76,00 b	16,62 b	3,80 b
110	1,74 a	12,56 d	9,06 b	6,85 c	6,55 b	48,00 c	14,24 a	1,24 a	337,50 b	71,50 b	16,87 b	3,57 b
111	1,85 a	12,35 d	10,60 b	7,80 b	7,40 b	51,00 c	11,65 a	1,07 a	512,50 b	89,00 b	25,62 b	4,45 b
112	1,73 a	13,63 c	12,22 a	7,75 b	7,65 a	49,00 c	11,19 a	1,08 a	1282,50 a	183,00 a	64,12 a	9,15 a
113	1,88 a	15,37 b	11,53 a	9,15 a	9,00 a	50,00 c	11,69 a	0,99 a	1302,50 a	195,50 a	65,12 a	9,77 a
114	1,38 b	11,12 d	10,63 a	7,50 b	7,20 b	43,00 d	11,79 a	0,99 a	832,50 b	181,00 a	41,62 b	9,05 a
115	1,34 b	12,98 d	11,09 a	6,60 d	6,35 b	52,00 b	13,07 a	0,79 a	1265,00 a	190,00 a	63,25 a	9,50 a
116	1,81 a	11,64 d	11,56 a	6,60 d	6,35 b	48,00 c	10,60 a	1,04 a	1010,00 a	208,00 a	50,50 a	10,40 a
117	1,03 b	11,13 d	10,42 b	5,90 d	5,55 b	52,00 b	14,83 a	1,21 a	605,00 b	104,00 b	30,25 b	5,20 b
118	1,62 a	11,11 d	8,86 b	7,10 c	7,10 b	46,00 d	14,13 a	1,17 a	310,00 b	110,50 b	15,50 b	5,52 b
119	2,01 a	11,22 d	10,57 b	7,00 c	6,35 b	48,00 c	13,55 a	1,00 a	535,00 b	103,00 b	26,75 b	5,15 b
120	1,10 b	12,72 d	10,92 a	6,60 d	6,50 b	51,00 c	14,98 a	0,60 a	415,00 b	57,00 b	20,75 b	2,85 b

Médias seguidas pela mesma letra, na mesma coluna, pertencem a um mesmo grupo (Scott-Knott). ALT: Altura da planta (cm), CV: comprimento da vagem (cm), DV: diâmetro das vagens (mm), NL: número de lóculos por vagem, NS: número de sementes por vagem, DF: dias para florescimento, APV: altura de inserção da primeira vagem (cm); FIB: teor de fibra na vagem (%), PT: peso total de vagens (Kg.parcela<sup>-1</sup>), NT: número total de vagens, PM: peso médio de vagens (Kg.parcela<sup>-1</sup>), NM: número médio de vagens.

Tabela 9. Estimativas de produção (Kg. parcela<sup>-1</sup>) em linhas F<sub>6:7</sub> de feijão-de-vagem.

<b>Linhas</b>	<b>Estimativas (Kg. parcela<sup>-1</sup>)</b>	<b>População</b>
10	88,50	UENF 1442 x UENF 1429
7	83,75	UENF 1442 x UENF 1429
6	78,25	UENF 1442 x UENF 1429
3	76,37	UENF 1442 x UENF 1429
20	72,50	UENF 1448 x UENF 1429
97	72,00	UENF 1448 x UENF 1429

Tabela 10. Estimativas de teor de fibra (%) em linhas F<sub>6:7</sub> de feijão-de-vagem.

<b>Linhas</b>	<b>Estimativas (%)</b>	<b>População</b>
43	0,1	UENF 1442 x UENF 1429
46	0,36	UENF 1442 x UENF 1429
10	0,44	UENF 1442 x UENF 1429
48	0,48	UENF 1442 x UENF 1429
2	0,49	UENF 1442 x UENF 1429
6	0,54	UENF 1442x UENF 1429

Invocando a premissa de Manjarrez-Sandoval et al. (1996) de que as populações com baixo Coeficiente de Parentesco (CP) entre os parentais apresentam vantagens na seleção, ou seja, contribuem com uma maior porcentagem de linhagens superiores, os resultados do presente trabalho são coerentes com o preconizado pelos autores, posto que dentre as seis linhas com maior produtividade e as seis com menor teor de fibra, não são provenientes das combinações formadas por genitores mais próximos, com base no estudo de Abreu et al. (2004). De forma mais explícita, sequer uma dessas doze linhas provieram dos cruzamentos UENF 1448 x UENF 1442 e UENF 1448 x UENF

1445, uma vez que a dissimilaridade genética entre UENF 1442, UENF 1445 e UENF 1448, foi menos pronunciada, se comparada à distância entre os genitores que compuseram os híbridos UENF 1442 x UENF 1429 e 1448 x UENF 1429, conforme Abreu et al. (2004), e que deram origem às seis linhas com maior produtividade e às seis com menor teor de fibra.

#### **4.2.2. Ligação média entre grupos - UPGMA - Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average**

Com o objetivo de quantificar os possíveis grupos entre as 120 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem estudados, realizou-se a análise de agrupamento pelo método UPGMA, baseado na distância generalizada de Mahalanobis.

Os métodos de agrupamento hierárquicos são subjetivos, e por isso várias interpretações podem ser consideradas.

Realizando um corte a 70% na abscissa do dendrograma (Figura 3), nota-se a formação de cinco grupos. Ao se realizar um corte de 60% as linhas foram divididas em oito grupos distintos. Considerando um corte a 40%, observa-se que as linhas foram divididas em 12 grupos (Tabela 11), sendo este último o agrupamento adotado no presente trabalho.

No grupo 1 ficaram alocadas 57 linhas, sendo estas de irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas, como pode ser observado na Tabela 11. As linhas apresentaram plantas altas, que floresceram, em média, aos 43 dias, com uma produção total de 1,010 a 1,565 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e suas vagens com teor de fibra variando de 0,3 a 1,7% (Tabela 8).

O grupo 2 foi composto por 35 linhas de meias-irmãs e irmãs completas (Tabela 11) que apresentaram plantas altas que floresceram aos 41 dias e produziram 0,415 a 1,362 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> com teor de fibra entre 0,6 a 1,5% (Tabela 8).

O grupo 3 foi composto por apenas uma linha (38) que apresentou média de 128 cm de altura, que floresceu aos 51 dias, com uma produção de 1,255 kg de

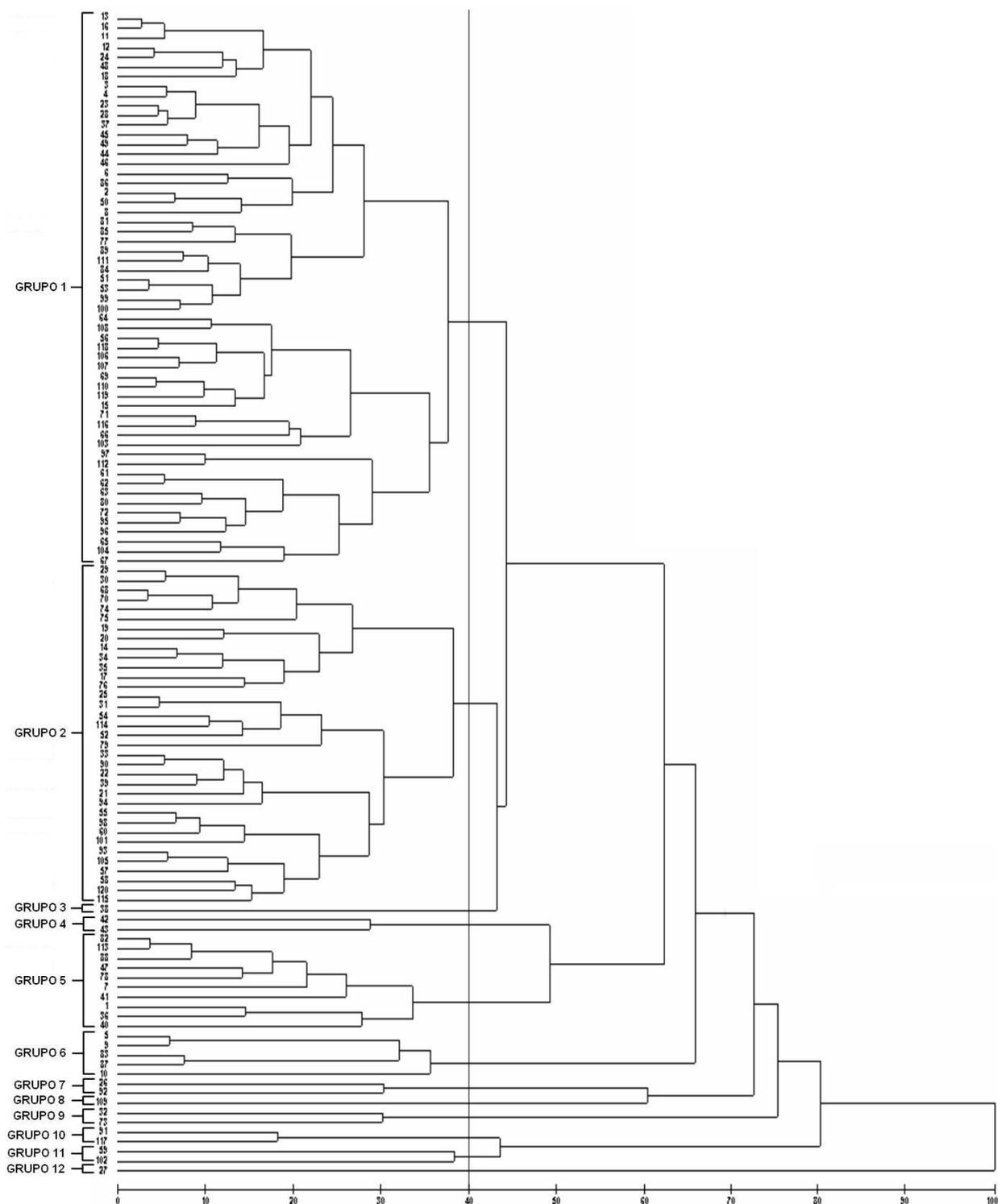


Figura 3. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 120 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem obtido pelo método UPGMA a partir da distancia generalizada de Mahalanobis.

Tabela 11. Agrupamento de 120 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem obtido pelo método UPGMA a partir da distancia generalizada de Mahalanobis, com um corte no dendrograma a 40%.

Grupos	Linhas	Cruzamentos de origem
1	13 16 11 12 24 48 18 3 4 23 28	
	37 45 49 44 46 6 86 2 50 8 81 85	UENF 1442 x UENF 1429
	77 89 111 84 51 53 99 100 64 108	UENF 1442 x UENF 1429
	56 118 106 107 69 110 119 15 71	UENF 1448 x UENF 1442
	116 66 103 97 112 61 62 63 80 72 95 96 65 104 67	UENF 1448 x UENF 1445
2	29 30 68 70 74 75 19 20 14 34 35	UENF 1442 x UENF 1429
	17 76 25 31 54 114 52 79 33 90	UENF 1448 x UENF 1442
	22 39 21 94 55 98 60 101 93 105	UENF 1448 x UENF 1445
	57 58 120 115	
3	38	UENF 1448 x UENF 1445
4	42 43	UENF 1442 x UENF 1429
5	82 113 88 47 78 7 41 1 36 40	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448x UENF 1445
6	5 9 83 87 10	UENF 1442 x UENF 1429
7	26 92	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442
8	109	UENF 1448 x UENF 1442
9	32 73	UENF 1448 x UENF 1445
10	91 117	UENF 1448 x UENF 1429
		UENF 1448 x UENF 1445
11	59 102	UENF 1442 x UENF 1429
		UENF 1448 x UENF 1442
12	27	UENF 1448 x UENF 1442

vagens.parcela<sup>-1</sup> e com 0,5% de teor de fibras como pode ser observado na Tabela 8.

O grupo 4 foi representado por duas linhas ( 26 e 92) de irmãs completas (Tabela 11), com plantas altas, que abriram suas primeiras flores aos 42 dias, produziram 0,892 a 1,075 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e apresentaram suas vagens com teor de fibra variando de 0,8 a 1,0% (Tabela 8).

No grupo 5 ficaram agrupadas dez linhas de irmãs completas e não aparentadas (Tabela 11). As linhas apresentaram plantas altas que abriram suas primeiras flores aos 42 dias, com uma produção total de 0,505 a 1,675 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e vagens com teor de fibra de 0,6 a 1,1% (Tabela 8).

Embora se saiba que os agrupamentos advieram da análise de 12 características quantitativas; porém, no interesse de melhor elucidar as razões de agrupamentos entre linhas não aparentadas, resolveu-se inferir, para o grupo 5, as estimativas do desvio-padrão fenotípico ( $\delta_f$ ) da principal característica agrônômica para a cultura, qual seja, peso médio de vagens (PM). Para os irmãs completas 1, 7, 41, 47, 82 e 88, oriundos do F<sub>1</sub> UENF 1442 x UENF 1429, a estimativa do  $\delta_f$  de PM foi de 17,64 kg de vagem.parcela<sup>-1</sup>. A estimativa do  $\delta_f$  para os irmãos completos 36 40, 78, e 113, provenientes do híbrido UENF 1448 x UENF 1445 foi de 20,69 kg de vagem.parcela<sup>-1</sup>. Porém, a magnitude do  $\delta_f$  entre os não aparentados, com base nas médias obtidas entre linhas de UENF 1442 x UENF 1429 com as linhas de UENF 1448 x UENF 1445 expressou o valor de 3,52 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup>. Isso denota que há uma certa proximidade entre as linhas não aparentadas dos cruzamentos entre UENF 1442 x UENF 1429 e UENF 1448 x UENF 1445, conforme já proferido para as características qualitativas.

O grupo 6 foi composto por cinco linhas de irmãs completas (Tabela 11), contendo plantas altas, que floresceram aos 53 dias e produziram de 0,415 a 1,362 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e contiveram vagens com um teor de fibra variando de 0,6 a 1,5% (Tabela 8).

O grupo 7 foi representado por duas linhas de meias-irmãs (Tabela 11) com plantas altas, que floresceram aos 45 dias, com média de 0,667 a 0,932 kg

de vagens.parcela<sup>-1</sup> e que apresentaram suas vagens com teor de fibra variando de 0,9 a 1,2% (Tabela 8).

No grupo 8 ficou alocada apenas uma linha (109) com média de 153 cm de altura, que floresceu com tempo médio de 49 dias, tendo uma produção média de 0,332 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e 2,5% de teor de fibras.

O grupo 9 foi composto por duas linhas de meias-irmãs (32 e 73) com plantas altas, que floresceram, em média aos 40 dias e produziram 0,307 a 0,632 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e apresentaram suas vagens com teor de fibra variando de 0,8 a 1,5% (Tabela 8).

No grupo 10 também ficaram alocadas duas linhas (91 e 117), sendo estes meios-irmãos. As linhas apresentaram plantas que floresceram em média aos 52 dias, com uma produção total de 0,570 a 0,605 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e contendo vagens com teor de fibra variando de 0,8 a 1,5% (Tabelas 11).

O grupo 11 foi composto por duas linhas também de meias-irmãs (59 e 102), que floresceram, em média, aos 50 dias e que produziram 0,745 a 0,882 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup>, tendo apresentado vagens com teor de fibra variando de 0,8 a 1,2% (Tabela 8).

Por fim, o grupo 12 alocou apenas uma linha (27) com média de 150 cm de altura, que floresceu aos 51 dias em média, e que apresentou uma produção de 1,217 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e com 0,5% de teor de fibras.

Apenas os grupos 1, 2 e 5 (Tabela 11) contiveram linhas não aparentadas. No grupo 1 houve a presença das linhas 2, 3, 4, 6, 8, 44, 45, 46, 48, 49, 50, 81, 84, 85 e 89 (do cruzamento entre UENF 1442 X UENF 1429) em conjunto com as linhas 37, 71, 72, 77, 80, 11, 112, 116, 118 e 119 (do cruzamento entre UENF 1448 X UENF 1445); no grupo 2 fez-se presente a linha 90 (do cruzamento entre UENF 1442 X UENF 1429) com as linhas 31, 33, 34, 35, 39, 74, 75, 76, 79, 114, 115 e 120 (do cruzamento UENF 1448 X UENF 1445); e no grupo 5 as linhas 1, 7, 41, 47, 82 e 88 (do cruzamento UENF 1442 X UENF 1429) com as linhas 36, 40, 78 e 113 (do cruzamento UENF 1448 X UENF 1445).

A já propalada proximidade entre linhas não aparentadas, fato inesperado nesse estudo, não apenas pode ter ocorrido de segregações alélicas favorecendo

semelhanças genéticas a despeito da genealogia incomum, mas também de alguma mistura de linhagens com conseqüente contaminação durante o avanço das gerações.

Com a interpretação do dendrograma, concluiu-se que as linhas 91, 117, 59, 102 e 27 são as mais distantes das demais e por isso podem ser consideradas as mais divergentes. Há que se destacar que nesse rol não há sequer uma linha oriunda de genitores não aparentados, o que reforça as hipotetizações anteriores.

Abreu et al. (2004) observaram que haveria possibilidade de ganhos nas gerações segregantes de origem dos cruzamentos entre as linhas UENF1448 com UENF1429, UENF1442 e UENF1445, já que UENF1448 revelara boas médias em relação à produção total de vagens e à precocidade na produção de vagens.

As linhas que se destacaram quanto à produção e à precocidade foram as agrupadas no grupo 1, 2 e 5 (Tabela 11). Pode-se observar que essas linhas são originárias das combinações destacadas por Abreu et al. (2004), podendo ser utilizadas para a obtenção de variedades tipo linha pura, por meio de dialelo ou cruzamentos múltiplos.

O coeficiente de correlação cofenético (CCC) do dendrograma gerado pelo método UPGMA revelou ajuste entre a representação gráfica das distâncias e sua matriz original, apresentando o valor de  $r = 0,61$ , indicando alguma distorção, todavia, possibilitando a sua utilização para a avaliação do agrupamento gerado.

#### **4.2.3. Método de otimização de Tocher**

De acordo com as distâncias de Mahalanobis, entre os pares de linhas, verificou-se que o valor mínimo ocorreu entre as linhas 13 e 16 ( $D^2 = 1,6368$ ), e o valor máximo entre 26 e 92 ( $D^2 = 18,3440$ ), sendo este último considerado as linhas mais divergentes.

Esses resultados, em parte, são perfeitamente compreensíveis, já que as linhas mais próximas provêm de um mesmo cruzamento. As linhas mais distantes,

embora derivem de híbridos distintos, são linhas que possuem um genitor comum, no caso o UENF1448.

Na Tabela 12 está o resultado do agrupamento pelo método de Tocher. Observou-se que houve a formação inicial de 22 grupos; sendo o grupo 1, o que conteve a maior parte das linhas, com 46 linhas.

Embora o agrupamento minimize a variabilidade dentro do grupo, a estimativa de distâncias de alta magnitude entre pares das linhas do grupo 1, como as linhas 13 e 112, indicou variabilidade dentro deste grupo, justificando-se o subagrupamento deste grupo.

Na Tabela 13 verifica-se que foram formados 19 subgrupos, referenciados por 1.1, 1.2, 1.3, 1.4, 1.5, 1.6, 1.7, 1.8, 1.9, 1.10, 1.11, 1.12, 1.13, 1.14, 1.15, 1.16, 1.17, 1.18 e 1.19, comprovando a existência de variação entre as linhas. Destes, houve linhas não aparentadas no subgrupo 1.7, entre as linhas 84 e 89 do cruzamento UENF 1442 X UENF1429 com a linha 111 do híbrido UENF 1448 X UENF 1445; no subgrupo 1.4 entre a linha 3 de origem do cruzamento UENF 1442 x UENF 1429 com a linha 37 do híbrido UENF 1448 x UENF 1445; e no subgrupo 1.9, entre a linha 85 do cruzamento UENF 1429 X UENF 1442 e a linha 77 de descendência do cruzamento UENF 1448 X UENF 1445.

Dos grupos dois a 22 (Tabela 12) foram reunidas 74 linhas. Apenas os grupos 2, 3, 7 e 8 contiveram linhas endogâmicas sem ancestral comum. No grupo 2 isso ocorreu entre as linhas 2, 4, 6, 7, 8, 44, 45, 47, 49, 50, 82, 83 e 88 do cruzamento UENF 1442 x UENF 1429 e as linhas 78 e 113 do cruzamento UENF 1448 x UENF 1445; no grupo 3 entre a linha 90 proveniente do híbrido UENF 1442 x UENF 1429 com 31, 33, 34, 71, 79 e 114 provenientes do cruzamento UENF 1448 x UENF 1445; no grupo 7 entre a linha 46 do cruzamento UENF 1442 x UENF 1429 e as linhas 74, 75, e 76 do híbrido UENF 1448 x UENF 1445; e no grupo 8 com a linha 1 do cruzamento UENF 1442 x UENF 1429 e as linhas 36 e 40 do híbrido UENF 1448 x UENF 1445.

Em decorrência, excluindo-se o grupo 1, para os demais houve 34,78% de linhas não aparentadas reunidas em grupos similares.

Tabela 12. Agrupamento de 120 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem obtido pelo método de otimização de Tocher a partir da distância generalizada de Mahalanobis.

Grupo	Linhas	Cruzamentos de origem
1	13 16 11 98 55 56 39 60 118 70 53	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
	107 105 69 99 110 100 111 51 119 106	
	84 12 28 18 37 65 89 104 24 48 15 23	
	85 77 2 80 72 95 22 96 3 68 29 30	
	112	
2	82 113 88 78 47 49 44 45 83 50 8 6 4	UENF 1442 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
	7	
3	25 31 34 114 54 14 90 52 33 79 93 71	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
	58 57	
4	61 62 63 67 41	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1442
5	5 9 86 97	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429
6	64 108 103 116 66 115	UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
7	74 75 46 76 20 19	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
8	1 36 40	UENF 1442 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
9	94 120 21	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
10	91 117 101	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445

Tabela 12. cont;

Grupo	Linhas	Cruzamentos de origem
11	32 35 17	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
12	42 43	UENF 1442 X UENF1429
13	26 92	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442
14	109	UENF 1448 X UENF1429
15	81	UENF 1442 X UENF1429
16	73	UENF1448 X UENF1445
17	59	UENF 1448 X UENF1429
18	38	UENF1448 X UENF1445
19	102	UENF 1448 X UENF1429
20	87	UENF 1442 X UENF1429
21	10	UENF 1442 X UENF1429
22	27	UENF 1448 X UENF1429

Tabela 13. Subagrupamento de 55 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem do grupo1, obtido pelo método de otimização de Tocher a partir da distância generalizada de Mahalanobis.

Subgrupos	Linhas	Cruzamento de origem
1.1	13 16 11 98	UENF 1448 X UENF1429
1.2	68 70 29	UENF 1448 X UENF1442
1.3	51 53 99 100	UENF 1448 X UENF1429 UENF 1442 X UENF1429
1.4	12 24 3 28 23 37	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
1.5	69 110 56 118 107	UENF 1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445

Tabela 13. cont;

Subgrupos	Linhas	Cruzamento de origem
1.6	72 95 96	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
1.7	89 111 84	UENF 1442 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
1.8	22 39	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
1.9	77 85	UENF 1442 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
1.10	55 60	UENF 1448 X UENF1429
1.11	106 119	UENF 1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
1.12	2 48	UENF 1442 X UENF1429
1.13	65 104	UENF 1448 X UENF1442
1.14	15	UENF1448 X UENF1429
1.15	80	UENF1448 X UENF1445
1.16	112	UENF1448 X UENF1445
1.17	30	UENF 1448 X UENF1442
1.18	105	UENF 1448 X UENF1442
1.19	18	UENF1448 X UENF1429

Se adotar rigidez maior na análise desse resultado, pode-se inferir que tal magnitude é expressiva e denota que de certa forma houve favorecimento casual ou não para a reunião de linhas endogâmicas recombinadas derivadas dos híbridos UENF 1442 x UENF 1429 e UENF 1448 x UENF 1445.

Há que se atentar que exclusivamente meias-irmãs descendentes de agrupamentos formados por derivações de apenas dois cruzamentos bigenotípicos estiveram presentes em seis grupos, respectivamente, 4, 5, 6, 7, 11 e 13. Além disso, excluindo-se os não aparentados, os grupos 9 e 10 foram os grupos

formados por meias-irmãs oriundas de somente três cruzamentos bigenotipais. Portanto, têm-se constatações plausíveis para se considerar relativamente eficientes os agrupamentos, particularmente no que se refere ao aspecto da associação das linhas recombinadas com a genealogia.

Fato que poderia ser curioso é a ocorrência de menor número de grupos pelo método de Tocher para as características quantitativas em comparação às qualitativas. Essas compuseram 33 grupos, enquanto aquelas, 22. A explicação para tanto está na medida de distância utilizada para compor a matriz de divergência genética. Para os dados qualitativos, o algoritmo de Cole-Rodgers et al. (1997) é mais exclusivista na aglomeração das linhas se comparado à distância de Mahalanobis, usada para as características quantitativas.

### **4.3. Características qualitativas e quantitativas avaliadas simultaneamente**

#### **4.3.1. Ligação média entre grupos - UPGMA - Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average**

Na avaliação conjunta das variáveis qualitativas e quantitativas, estimadas por meio do índice de dissimilaridade proposto por Gower (1971), foi realizado o agrupamento de 120 linhas de feijão-de-vagem pelo método UPGMA.

Realizando um corte a 80% de distância relativa entre as linhas, para preservar a fundamentação dos agrupamentos no dendrograma (Figura 4), é possível observar na Tabela 14 a formação de sete grupos, e nas Tabelas 6 e 11, pode ser observado as características morfoagronômicas das linhas F<sub>6,7</sub>.

No grupo 1 pode-se observar que ficaram alocadas três linhas (73, 94 e 120), sendo essas com ascendência genealógica expressa por meias-irmãs e irmãs completas. Neste grupo percebe-se que as linhas endogâmicas de diferentes cruzamentos revelaram-se similares quando realizada a avaliação simultânea das características.



Tabela 14. Agrupamento de 120 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem obtido pelo método UPGMA, a partir do índice de dissimilaridade de Gower (1971).

Grupos	Linhas	Cruzamento de origem
1	94 73 120	UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1445
2	36	UENF 1448 x UENF 1445
3	5 7 1 12 23 19 20 3 6 9 24 38 4 10	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
4	2 71 21 22 62 76 78 89 26 34 31 74 25 32 27 104 112 88 113 42 87 115 103 102 116	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
5	55 92 91 93 59 57 58 105 48 56 54 52 53 66 47 49 41 51 43 37 45 96 44 83 13 16 28 15 29 17 64 69 109 101 107 70 18 99 63 75 80 40 65 117 110 111 68 118 119 106 108 61 67 77 79 35 30 95 90 114 39 60 62 98 100	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1442 UENF 1448 x UENF 1445
6	46 81 85 8 50	UENF 1442 x UENF 1429
7	97 14 1 82 33 84 86	UENF 1442 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1429 UENF 1448 x UENF 1445

A linha 94, por exemplo, de origem do cruzamento UENF 1448 x UENF 1429 é meia-irmã das linhas 73 e 120 que são de origem do cruzamento UENF 1448 x UENF 1445, sendo assim, compreensível o agrupamento desses indivíduos em um mesmo grupo, já que ambos têm como ancestral comum o genitor UENF 1448 (Tabela 14).

As linhas se caracterizaram por apresentar 67% de suas flores na cor branca e 33% na cor lilás suave, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical da vagem arqueada, posição do dente apical marginal e vagens do tipo manteiga. Em média as plantas são altas, suas primeiras flores abriram, em termos médios, aos 45 dias após o plantio, produziram de 0,307 a 0,985 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e com teor de fibra variando entre 0,6 a 0,8%.

O grupo 2 foi representado por apenas uma linha (36) de origem do cruzamento UENF 1448 x UENF 1445, e apresentou flores na cor lilás suave, sementes castanhas, vagens verdes, forma do perfil da vagem reta, forma do dente apical da vagem arqueada, posição do dente apical marginal.

A linha expressou média de 215 cm para altura, que floresceram, em média, aos 43 dias, e produziram 1,385 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup>, com teor de 0,8% de fibra.

No grupo 3 foram reunidas 14 linhas, de irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas. Para este grupo as linhas de irmãs completas são: a) 3, 4, 5, 6, 7, 9 e 10, que provieram do cruzamento UENF 1442 x UENF 1429; b) 11, 12, 19 e 20 tiveram como genitores UENF 1448 x UENF 1429; e c) as linhas 23 e 24 que são de origem dos híbridos UENF 1448 x UENF 1442. Deve-se acrescentar que as linhas 3, 4, 5, 6, 7, 9 e 10 são meias-irmãs de 11, 12, 19 e 20, devido ao genitor comum UENF 1429. Também as linhas 23 e 24 provenientes dos progenitores UENF 1448 x UENF 1429, assim como a linha 38 (proveniente dos progenitores UENF 1448 x UENF 1445) são meias-irmãs das linhas 11, 12, 19 e 20 por terem como ancestral comum o genitor UENF 1448 (Tabela 14).

Neste grupo, a presença da linha 38 em conjunto com as linhas 1, 3, 4, 5, 6, 7, 9 e 10, não era esperado ocorrer, por não possuírem um ancestral comum.

Parece realmente que deve ter ocorrido semelhanças alélicas a despeito da genealogia incomum.

As linhas desse grupo se caracterizaram por apresentar 28% de flores brancas e 72% de flores na cor lilás suave, vagens verdes, com 15% de sementes pretas, 70% de sementes marrons e 15% de sementes castanhas, forma do perfil da vagem com 50% reta, 30% arqueada e 20% semi-arqueada, forma do dente apical 35% arqueada e 65% reta, posição do dente apical marginal e vagens do tipo macarrão. A altura de suas plantas variou de 128 a 202 cm, e suas flores abriram, em média, aos 41 dias, e produziram entre 1,227 a 1,770 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup>, com teor de fibra variando de 0,5 a 0,9%.

O grupo 4 foi composto por 25 linhas de irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas. As linhas não aparentadas decorreram da presença das linhas 2, 42, 87, 88 e 89 em conjunto com as linhas 31, 32, 34, 71, 74, 76, 78, 112, 113, 115 e 116. Por outro lado, as linhas 21, 22, 25, 26, 27, 62, 102, 103, e 104 (UENF 1448 x UENF 1442) são meias-irmãs das linhas 31, 32, 34, 71, 74, 76, 78, 112, 113, 115 e 116 (UENF 1448 x UENF 1445) por terem UENF 1448 como genitor comum. Pode-se observar que o grupo ficou caracterizado por apresentar flores na cor branca, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem com 60% reta, 24% semi-arqueada e 16% arqueada, forma do dente apical 76% arqueada e 24% reta, posição de dente apical marginal e vagens do tipo manteiga. As linhas apresentaram plantas altas que variaram de 107 a 221 cm, que abriram suas primeiras flores por volta dos 41 dias, com uma produção total variando de 0,515 a 1,342 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup>, tendo vagens com teor de fibra de 0,4 a 1,5%.

O grupo 5 proporcionou a formação do maior conjunto de indivíduos, onde foram alocados 65 linhas sem nenhum grau de parentesco, irmãs completas e meias-irmãs.

A estimativa de distâncias entre os indivíduos do grupo 5, como as linhas 55 e 100, indicou variabilidade dentro deste grupo, justificando-se o subagrupamento do grupo, como pode ser observado na Figura 5.

Na Tabela 15 verifica-se que foram formados dois subgrupos, quais sejam, 5.1 e 5.2, comprovando a existência de variação entre as linhas.

No subgrupo 5.1 as linhas 41, 43, 44, 45, 47, 48, 49, e 83 do cruzamento UENF 1429 X UENF1442 não têm ancestral comum com a linha 37 do híbrido UENF 1448 X UENF 1445 (Tabela 15).

No subgrupo 5.2 todas as linhas são de irmãs completas e meias-irmãs, pois todas as linhas provêm de cruzamentos que têm em comum o genitor UENF 1448. Sendo assim, houve coerência na reunião dessas linhas em um mesmo grupo (Tabela 15). Este grupo, em sua totalidade, caracterizou-se por apresentar 5% de flores na cor branca, 40% na cor lilás suave e 60% de lilás típico, apenas 7% de vagens roxas com faixas verdes e 93% de vagens verdes, 57% de sementes pretas e 43% de sementes marrons, forma do perfil da vagem com 27% reta, 47% semi-arqueada e 26% arqueada, forma do dente apical com 94% arqueada e 6% reta, posição de dente apical com 94% marginal e 6% não marginal, 7% de vagens tipo macarrão e 93% do tipo manteiga.

Suas plantas variaram de 103 a 204 cm, que abriram suas primeiras flores por volta dos 41 dias, com uma produção total de 0,332 a 1,300 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup>, com vagens com teor de fibra de 0,4 a 2,5%.

O grupo 6 (Tabela 14) foi representado por cinco linhas somente de irmãs completas originadas dos híbridos UENF 1442 x UENF 1429. As linhas se caracterizaram por apresentar flores na cor lilás suave, vagens verdes, sementes marrons, forma do perfil da vagem arqueada, forma do dente apical da vagem reta, posição do dente da vagem marginal e vagens do tipo macarrão. As plantas desse grupo variaram de 187 a 208 cm, abriram suas primeiras flores por volta dos 47 dias após o plantio, com uma produção total de 0,297 a 0,937 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e suas vagens e teor de fibra variando de 0,4 a 0,7%.

Por fim, no grupo 7 ficaram agrupadas sete linhas de irmãs completas, meias-irmãs e não aparentadas. As linhas de irmãs completas 1, 82, 84 e 86 provenientes do cruzamento entre as linhas UENF 1442 x UENF 1429 são meias-irmãs das linhas 14 e 97, de origem dos híbridos UENF 1448 x UENF 1429, tendo como genitor comum o genótipo UENF 1429.

Tabela 15. Subagrupamento de 65 linhas F<sub>6:7</sub> de feijão-de-vagem do grupo 5, obtido pelo método UPGMA, com base no índice de dissimilaridade de Gower (1971).

Subgrupos	Linhas	Cruzamento de origem
5.1	55 92 91 93 59 57 58 105 48	UENF 1442 x UENF 1429
	56 54 52 53 66 47 49 41 51	UENF 1448 x UENF 1429
	43 37 45 90 44 83	UENF 1448 x UENF 1442
		UENF 1448 x UENF 1445
5.2	13 16 28 15 29 17 64 69 109	
	101 107 70 18 99 63 75 80 40	UENF 1448 x UENF 1429
	65 117 110 111 68 118 119	UENF 1448 x UENF 1442
	106 108 61 67 77 79 35 30 95	UENF 1448 x UENF 1445
	96 114 39 60 62 98 100	

Já a linha 33 não possui qualquer ancestral comum com as linhas 1, 82, 84 e 86 (UENF 1442 x UENF 1429), já que o primeiro originou-se do cruzamento UENF 1448 x UENF 1445, porém o mesmo é meio-irmão das linhas 14 e 97 (UENF 1448 x UENF 1429), por terem o progenitor UENF 1448 como ancestral comum.

Esse grupo ficou caracterizado por apresentar flores na cor branca, sementes marrons, vagens verdes, 15% das vagens com a forma do perfil da vagem reta, 70% semi-arqueada e 15% arqueada, forma do dente apical da vagem arqueada, 58% das vagens com a posição do dente da marginal e 42% não marginal e vagens do tipo macarrão. As linhas expressaram altura variando de 131 a 200 cm, suas primeiras flores se abriram aos 41 dias, com uma produção total de 1,025 a 1,440 kg de vagens.parcela<sup>-1</sup> e vagens com teor de fibra de 0,6 a 0,9%.

O coeficiente de correlação cofenético (CCC) do dendrograma gerado pelo método UPGMA revelou um valor de  $r = 0,68$ , cuja estimativa superou as magnitudes das correlações “CCC” do método UPGMA para as características qualitativas e quantitativas, que proporcionaram valores de 0,59 e 0,61

respectivamente. Dessa forma há uma maior confiabilidade, mesmo que ligeira, no agrupamento em que o algoritmo de Gower foi utilizado como medida de distância.

Na comparação entre os agrupamentos UPGMA, algumas considerações merecem destaque. Por exemplo, foi formado o mesmo número de grupos (12 grupos) tanto para as características qualitativas (Tabela 6) quanto para as quantitativas (Tabela 11), levando a crer que Cole-Rodgers et al. (1997) é, à semelhança de  $D^2$ , uma medida eficiente para composição de matrizes de distâncias genéticas.

Outro aspecto interessante refere-se à capacidade de junção de linhas não aparentadas para as diferentes medidas de distâncias utilizadas. Nesse quesito, em ordem crescente tem-se a seguinte composição: 49 grupos para as variáveis quantitativas (Tabela 11), 47 para as qualitativas (Tabela 6) e 39 para as qualitativas e quantitativas avaliadas simultaneamente (Tabela 14). Com esses resultados pode-se inferir que o método UPGMA, com base na distância de Gower, reunindo os diferentes tipos de variáveis na análise, foi o mais coerente na relação entre a composição das linhas endogâmicas recombinadas com as respectivas genealogias.

#### **4.4. Análise por Variáveis Canônicas**

As quatro primeiras variáveis canônicas explicam cerca de 72% da variação total disponível, podendo ser observadas na Tabela 16 as variâncias (autovalores), variâncias percentuais e as variâncias acumuladas.

Segundo Cruz (1990), os pesquisadores têm optado pela representação gráfica quando as duas primeiras Variáveis Canônicas apresentam cerca de 80% da variação total. Apenas quando este limite não é atingido, nos dois primeiros componentes, a análise é complementada pela dispersão gráfica em relação ao terceiro componente. Pelo fato das três primeiras Variáveis Canônicas terem explicado 62,51% da variação total (Tabela 16), não foi possível explicar satisfatoriamente a variabilidade manifestada entre as linhas avaliadas.

Tabela 16. Estimativas dos autovalores associadas às variáveis canônicas (VC) de 12 características avaliadas em 120 linhas  $F_{6:7}$  de feijão-de-vagem.

Variáveis Canônicas	Variâncias (autovalores)	Variâncias Percentuais	Variâncias Acumuladas (%)
VC <sub>1</sub>	4,77	31,44	31,44
VC <sub>2</sub>	2,89	19,06	50,50
VC <sub>3</sub>	1,82	12,00	62,51
VC <sub>4</sub>	1,46	9,64	72,16
VC <sub>5</sub>	1,26	8,34	80,50
VC <sub>6</sub>	1,03	6,79	87,30
VC <sub>7</sub>	0,64	4,22	91,53
VC <sub>8</sub>	0,53	3,53	95,06
VC <sub>9</sub>	0,43	2,85	97,92
VC <sub>10</sub>	0,21	1,40	99,32
VC <sub>11</sub>	0,08	0,53	99,85
VC <sub>12</sub>	0,02	0,14	100,00

Na Figura 5 há o gráfico de dispersão tridimensional, no qual pode-se observar a formação de 11 grupos.

Os grupos 1, 7 e 11 (Figura 5) são concordantes com aqueles obtidos pelo método de Tocher (Tabela 12) ao permitirem identificar as linhas 27, 42, e 102 como as mais distantes em relação às demais. No entanto, pode-se notar que parte considerável das linhas permaneceu bem próxima, indicando uma possível proximidade genética entre as linhas recombinadas pelo método SSD. Em decorrência, a técnica de Variáveis Canônicas, não discerniu convenientemente as linhas recombinadas em grupos distintos com base na associação com a genealogia, pois dos 11 grupos formados, seis (grupos 3, 4, 5, 6, 8 e 9) contiveram linhas não aparentadas (Tabela 17 e Figura 5).

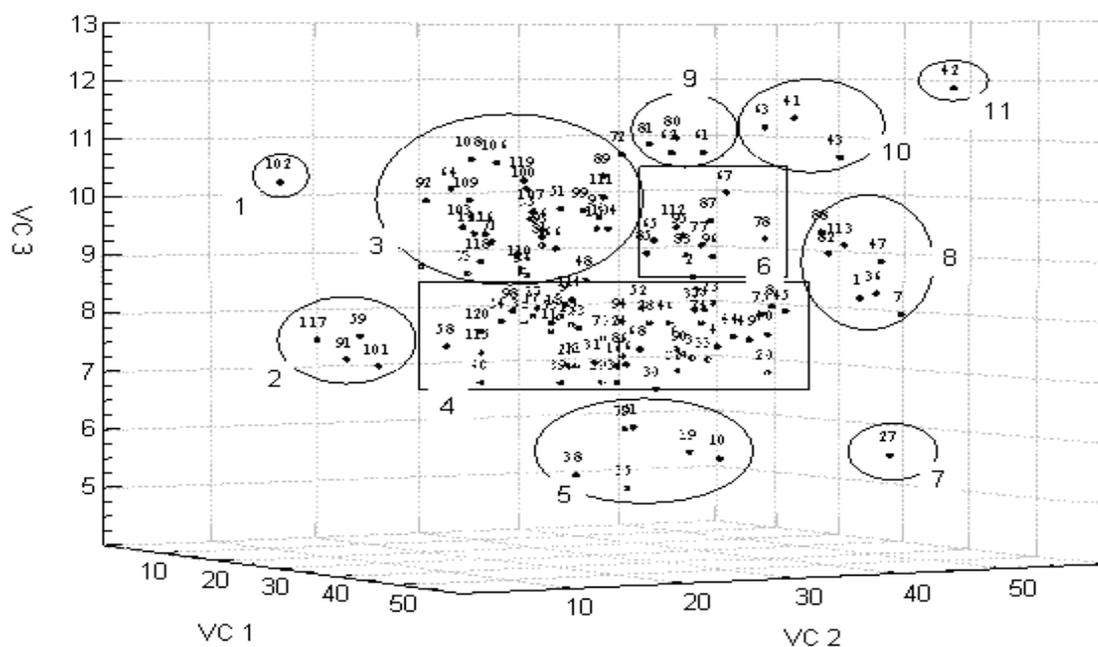


Figura 5. Dispersão gráfica dos escores em relação aos eixos representativos das variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3) relativos a 12 características quantitativas.

Tabela 17. Agrupamento de 120 linhas F<sub>6:7</sub> de feijão-de-vagem pelo método das variáveis canônicas (VC) de 12 características avaliadas em 120 linhas de feijão-de-vagem.

Grupo	Linhas	Cruzamentos de origem
1	12	UENF 1448 X UENF1442
2	59 91 101 107	UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442
3	22 26 28 33 40 48 51 53 56 57 64 66 71 72 73 84 89 90 92 93 97 99 100 103 104 105 106 107 108 109 111 114 116 118 119	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445

Tabela 17. cont;

	3 4 5 6 8 9 11 12 13 14 15 16 17 18 20 23 24 25 29 30 31 32 34 37 39 44 45 46 49 52 54 55 58 60 68 69 70 74 75 86 94 98 115 120	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
4		
5	10 19 21 35 38 79	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
6	2 50 65 67 77 78 83 85 87 95 96 112	UENF 1442 X UENF1429 UENF 1448 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
7	27	UENF1448 X UENF1442
8	1 7 36 47 82 88 113	UENF 1442 X UENF1429 UENF1448 X UENF1445
9	61 62 80 81	UENF 1442 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442 UENF1448 X UENF1445
10	41 43 63	UENF 1442 X UENF1429 UENF1448 X UENF1442
11	42	UENF 1442 X UENF1429

No total, foram agregadas 52 linhas não aparentadas, pelas três primeiras Variáveis Canônicas, superando os demais métodos de agrupamento, na reunião de linhas não aparentadas, a saber: a) UPGMA, para variáveis qualitativas, no total de 47 (Tabela 6); b) Tocher, para variáveis qualitativas, com 21 (Tabela 7); c) UPGMA, para variáveis quantitativas, no valor de 49 (Tabela 11); d) Tocher, para variáveis quantitativas, com 39 (Tabela 12); e e) UPGMA, para mistura de variáveis, com também 39 (Tabela 14).

A menor relação do agrupamento por meio das Variáveis Canônicas com a genealogia não é um resultado inesperado, tampouco desmerecedor da habilidade da técnica na formação de grupos divergentes, sobretudo em razão do elevado número de publicações que relatam a eficiência das Variáveis Canônicas (Cruz et al., 1991; Amaral Junior et al., 1997; Abreu et al., 2004; Teixeira et al., 2004 e Sudré et al., 2006).

A pretensa razoabilidade da relativa inexatidão da relação do agrupamento das linhas recombinadas com a genealogia pela técnica das Variáveis Canônicas, no presente trabalho, vincula-se ao “quantum” de retenção da variação nas primeiras variáveis Canônicas. Nesse aspecto, vê-se na Tabela 15 que 80,50% da variação total só foi possível na quinta Variável Canônica.

#### **4.5. Importância Relativa das Características**

Na aplicação de análises multivariadas, estudos sobre a importância relativa das variáveis são de fundamental interesse dos pesquisadores, possibilitando concluir com segurança a respeito da viabilidade de empregar os descritores utilizados em estudos de divergência genética. Reduzindo-se o número de características, e eliminando aquelas que contribuem pouco para o estudo, fica mais fácil interpretar os dados sem que ocorra perda de informações.

Pode-se observar na Tabela 18 que as características mais importantes para o estudo da divergência genética em linhas de feijão-de-vagem foram peso total de vagens, com 28,22%; e peso médio de vagens, com 24,47%.

Tabela 18. Importância relativa das variáveis quantitativas avaliadas em 120 linhas F<sub>6:7</sub> de feijão-de-vagem.

Características	Valor em %
Peso total de vagens	28,22
Peso médio de vagens	24,47
Comprimento de vagem	8,03
Dias para florescimento	7,94
Número de lóculos por vagem	7,93
Altura de planta	7,49
Diâmetro da vagem	4,46
Número médio de vagem	4,13
Número de sementes por vagem	2,56
Teor de fibra na vagem	2,25
Número total de vagens	1,69
Altura de inserção da primeira vagem	0,78

A característica que menos contribuiu foi altura de interseção da primeira vagem (APV), com 0,78%.

Um novo método de agrupamento foi realizado descartando-se a característica APV, pra investigar com acuidade a que menos contribuiu para o estudo da divergência. Porém, verificou-se que os resultados foram semelhantes com a presença de APV. Conclui-se, pois, que APV, embora pouco contributiva para a divergência, seu descarte é desnecessário.

## 5. RESUMO E CONCLUSÕES

O Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – LMGV/UENF vem implementando um programa de melhoramento do feijão-de-vagem, com o objetivo de obter genótipos com produtividade e qualidade superiores e assim contribuir para o desenvolvimento econômico das regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro.

Pesquisas visando o melhoramento são de extrema importância, pois, objetivam-se aumentar e estabilizar o rendimento a um custo de produção que permita aos produtores a maximização de retorno econômico. Assim, a estimativa da divergência genética, com o uso da análise multivariada, apresenta-se bastante vantajosa, podendo-se identificar fontes de variabilidade genética e, mesmo, relacioná-las com a genealogia.

Esse trabalho teve como objetivo estimar a diversidade genética entre 120 linhas  $F_{6:7}$  oriundas de quatro cruzamentos contendo genitores comuns e não comuns de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.), com base em características morfoagronômicas, por meio de análises multivariadas e associar os agrupamentos com a genealogia.

Em função dos resultados obtidos, pôde-se concluir que:

1. Para as características qualitativas o método UPGMA permitiu a formação de 12 grupos, com estimativa de correlação cofenética de  $r = 0,59$  e, para as características quantitativas o método de agrupamento não ponderado UPGMA compôs 12 grupos, com uma correlação de  $r = 0,61$ ;
2. Para as características qualitativas o método de otimização de Tocher formou 33 grupos e para as características quantitativas, o método proporcionou a formação de 22 grupos;
3. Para as características qualitativas e quantitativas, analisando em separado, o método de Tocher revelou uma menor proporção de grupos com linhas endogâmicas não aparentadas do que o UPGMA;
4. Tanto para UPGMA quanto para Tocher a maior parte das linhas endogâmicas derivadas de irmãs completas e, ou meias-irmãs estiveram reunidas em grupos relacionados com suas genealogias;
5. O algoritmo de Gower, utilizando mistura de variáveis, foi mais eficiente na disjunção de linhas não aparentadas em comparação às distâncias de Cole-Rodgers et al. (1997) e de Mahalanobis, na composição dos métodos UPGMA para as características qualitativas e quantitativas, analisadas separadamente;
6. A divergência genética observada entre as 120 linhas de feijão-de-vagem foi quantificada pelas quatro primeiras variáveis canônicas, possibilitou mais elevada reunião de grupos de linhas não aparentadas com a genealogia;
7. A reunião de parte das linhas não aparentadas em alguns agrupamentos pode ter decorrido de segregações alélicas favorecendo semelhanças genéticas, a despeito da genealogia;

8. A característica de menor importância para a variabilidade presente foi altura de inserção da primeira vagem, ao contrário de pesos total e médio de vagens;

9. Os grupos que se destacaram para a obtenção de variedades tipo linha pura, se destinados a indústria foram os grupos 1, 7 e 20 que apresentaram forma reta e posição marginal do dente apical;

10. Os grupos indicados para o consumo de vagem "*in natura*" são os que se destacaram para características relacionadas ao tipo de vagem e cor de vagem, sendo estes os grupos 1, 3, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 15, 16 e 17 e também grupos os IV, VI e XIX, que apresentaram vagens verdes e do tipo macarrão.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F.B. (2001) *Aplicação de técnicas de análise multivariada em acessos de feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.) de crescimento indeterminado do banco de germoplasma da UENF*. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 69p.
- Abreu, F.B.; Leal, N.R.; Amaral Júnior, A.T.; Silva, D.J.H. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 22 (3): 547-552.
- Allard, RW. (1971) *Princípios do melhoramento de plantas*. São Paulo: Edgard Blucher, 381p.
- Amaral Jr. A. T.; Casalli, V.W.D.; Cruz, C.D; Amaral, J.F.T. (1997) Eficiência da predição do comportamento de híbridos de tomateiro (*Lycopersicon esculentum*) pela divergência genética dos progenitores. *Revista Ceres*, Viçosa, 44 (253):286-299.
- Arriel, N.H.C.; Mauro, A.O.; Singaretti, S.M.; Bakke, O. A.; Trevisoli, S.H.; Costa, M.M.; Capeloto, A.; Corrado, A.R (2006) Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 41 (5): 801 - 809.
- Benin, G.; Carvalho, I.F.; Assmann I.C.; Cigolini, J.; Cruz, P.; Machioro, 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 de Agrociência*, 8 (3): 179 - 184.

- Bertan, I.; Carvalho, F.I.F.; Oliveira, O.C.; Vieira, E.A.; Hartwig, I.; Silva, J.A.G.; Ribeiro, G. (2006). Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Revista Brasileira de Agrociência*, Pelotas, 12 (3): 279-289.
- Bonett, L. P.; Gonçalves-Vidigal, M. C.; Schuelter, A. R.; Filho, P. S. V.; Gonela, A.; Lacanallo, G. F. (2006) Genetic divergence in germplasm of common bean in Paraná State, Brazil. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, 27(4): 547-560.
- Castellane, P.D.; Vieira, R.D.; Carvalho, N.M. (1988) *Feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.): cultivo e produção de sementes*. Jaboticabal: FCAV-UNESP. 60p.
- CEASA - RJ - *Central de Abastecimento do Estado do Rio de Janeiro S/A*: <http://www.ceasa.rj.gov.br/consultas/consultas.html> em 15/12/2007.
- Cole-Rodgerss, P.; Smith, D.W.; Bosland, P. W (1997) A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using capisicum as an exemple. *Crop Sci.* 37: 1000-1002.
- Cruz, C.D. (1990) *Aplicação de algumas técnicas multivariada no melhoramento de plantas*. Tese (Doutorado em Agronomia) - Piracicaba - SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ, 188 p.
- Cruz, C.D.; Pereira, A.V.; Vencovsky, R. (1991) A proposal for analysis of genetic divergence among germoplasm bank acessions. *Brazilian Journal of Genetics*, 14:(4) 1-9.
- Cruz C.D. (2001) *Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística*. Viscosa: Ed. UFV, 390p.
- Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S. (2003). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Ed. UFV, 585p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2004). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Ed. UFV, 480p.
- Debouck, D.G. (1986) Primary diversification of Phaseolus in the Americas: three centers? *Plant Genetic Resources Newsletter*, 67:2-8.
- EMBRAPA – *Empresa Brasileira de Pesquisa agropecuária* - Agência de Informação Embrapa Grãos: <http://www.embrapa.br> em 14/04/2007.
- Falconer, D.S. (1981) *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de M.A. Silva e J.C. Silva. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 279 p.

- Filgueira, F.A.R. (2003) *Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa: Ed. UFV, 402p.
- Fonseca, J.R.; Silva, H.T. (1999) Identificação de duplicidade de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. *Pesquisa agropecuária Brasileira*, Brasília, 34, (3): 409-414.
- Frank, T.; Anhder, G.I.; Carter, W.b. (1961) *Testing snap beans for fiber content*. Keystone Seeds, St. Lois, 8 p.
- Gepts, P.; Osborn, T.C.; Rashka, K.; Bliss, F.A. (1986) Phaseolin protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. *Economic Botany*, 40:451-468.
- Gepts, P.; Debouck, D. (1993) *Origin, domestication and evolution of the common bean (Phaseolus vulgaris L.)*. In: Schoonhoven, A.V.; Voysest, O. (eds.) Common beans: research for crop improvement. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, p. 07-53.
- Gower, J.C. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, Washington, 27: 857-874.
- Hallauer, A.R.; Miranda Filho, J.B. (1986) *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press, 468p.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - Censo Agropecuário / 2006. Sistema IBGE de Recuperação Automática - SIDRA: <http://www.sidra.ibge.gov.br> em 04/08/2007.
- Leal, N.R. (1990) Andra: Nova cultivar de feijão-de-vagem. *Horticultura Brasileira*; Brasília, 8 (1):29-30.
- Maluf, W.R.; Barbosa, M.L.; Resende, M.R.R.; Costa, H.S.C. (2002). *A cultura do feijão-de-vagem* (Boletim técnico de hortaliças nº 65): <http://www2.ufla.br/~wrmaluf/bth065.html> em:18/06/2006.
- Manjarrez-Sandoval, P.; Carter Jr., T.E.; Webb, D.M.; Burton, J.W (1996) Coeficient of parentage and RFLP markers: Are they useful in predicting genetic variance in soybean populations? *Soybean Genetics Newsletter*, 23:197-202.
- Melo, P. C. T. (2006) *Panorama atual da cadeia de produção de hortaliças no Brasil*. 6ª Reunião Ordinária da Câmara Setorial da Cadeia Produtiva de Hortaliças - CNPA / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), Brasília, DF.

- Moura, W.M.; Casali, V.W.D.; Cruz, C.D.; Lima, P.C. (1999) Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 34 (2): 217-224.
- Oca, G.M. (1987) (ed.). *Mejoramiento genético de la habichuela en el CIAT y resultados de viveros internacionales. El mejoramiento genético de la habichuela en América Latina. Memorias de un taller*. Cali: Centro internacional de Agricultura Tropical, p. 60-72.
- PESAGRO – *Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro*. [www.pesagro.rj.gov.br](http://www.pesagro.rj.gov.br) em 23/07/2007.
- Peixoto, N.; Braz, L.T.; Banztto, D.A.; Oliveira, A.P. (2002) Adaptabilidade e estabilidade em feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 20 (4): 616-618.
- R – *Project for Statistical Computing*. Disponível em [www.r-project.org](http://www.r-project.org)
- Rao, R.C. (1952) *Advanced statistical methods in biometrics research*. New York: John Wiley and Son, 390 p.
- Rao, A.V.; Prasad, A.S.R.; Sai Krishna, T.; Sechu, D.V.; Srinivasan, T.E. (1981) Genitic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. *The Indian Journal of Genetic Plant Breeding*. New York, 41 (2): 179-185.
- Rodrigues, R.; Leal, N.R.; Pereira, M.G. (1998) Análise dialélica de seis características agronômicas em *Phaseolus vulgaris* L. *Bragantia*, Campinas, 57 (2): 241-250.
- Santos, F.F.; Matos, M.J.L.F.; Melo, M.F.; Lana, M.M.; Luengo, R.F.A.; Tavares, S.A. (2002) *Feijão-de-vagem*: <http://www.emater.df.gov> em 06/05/2007.
- Scott, A.J.; Knott, M. (1974) Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30 (1): 507-512.
- Shimoya, A.; Cruz, C. D.; Ferreira, R.D.; Pereira, A. V.; Carneiro, P.C.S. (2002) Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 37 (7): 1009-1015.
- Silbernagel, M.J. (1986). Snap breeding. In: Basset, M.J (ed.) *Breeding vegetable crops*. New York: Avi Publishing, p. 243-282.
- Silva, M.P. (2003) *Identificação de genitores superiores e herança de características morfoagronômicas em feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.)*. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 79p.

- Silva, M.P.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Daher, R.F.; Leal, N.R.; Schuelter, A.R. (2004) Análise dialética da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. *Horticultura Brasileira*, 22 (2): 277-280.
- Souza, J.R.P.; Miglioranza, E.; Brandão, R.A.P.; Athanázio, J.C. (2001) Produção e textura de feijão-vagem cultivado sob diferentes níveis de sombreamento. *Horticultura Brasileira*, 19:380-382.
- Sokal, R. R.; Rohlf, F. J. (1962) The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxonomy*, Berlin, 11(1): 30-40.
- Singh, D. (1881). The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetics*, New Delhi, 41: 237-245.
- Sudré, C.P.; Rodrigues, R.; Silva, M.P.; Riva, E.M.; Amaral Júnior, A.T.; Pereira, T.N.S (2006) Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 24 (1): 88-93.
- Teixeira, A.B. (2002) *Divergência genética em feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.) e Vigna spp. em interação com o ambiente*. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 85p.
- 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, C.; Paula, J.T.J.; Borém, A. (1998). *Feijão: aspectos gerais da cultura no Estado de Minas*. Viçosa: Imprensa Universitária, 569p.
- Vieira, C.; Borém, A. Ramalho, M.A.P. (1999) Melhoramento de feijão. *In: Borém, A. (ed.) Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: Imprensa Universitária, p. 273-349.
- Vieira, E. A.; Zimmer, P. D.; Oliveira, A. C.; Carvalho, F. I. F.; Malone, G. Benin, G (2005) Emprego de modelos gráficos na seleção de genitores de milho para hibridização e mapeamento genético. *Ciência Rural*, 35 (5):986-994.
- Voysest, O. (1983) *Variedades de frijol em América Latina y su origen*. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 87 p.