



Ciência Rural

ISSN: 0103-8478

cienciarural@mail.ufsm.br

Universidade Federal de Santa Maria
Brasil

Machado, Cristina de Fátima; Nunes de Sousa, Glauber Henrique; Ferreira Furtado, Daniel; Santos
Bosco dos, João

Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas

Ciência Rural, vol. 32, núm. 2, março-abril, 2002, pp. 251-258

Universidade Federal de Santa Maria

Santa Maria, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=33132211>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal

Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO A PARTIR DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS

GENETIC DIVERGENCE AMONG GENOTYPES OF COMMON BEAN TROUGHT OF MULTIVARIATES TECHNIQUES

Cristina de Fátima Machado¹ Glauber Henrique de Sousa Nunes²
Daniel Furtado Ferreira³ João Bosco dos Santos⁴

RESUMO

Foram avaliadas as técnicas multivariadas para se estimar a divergência genética entre genótipos de feijoeiro, visando a obtenção de populações com ampla variabilidade genética. Utilizaram-se as seguintes técnicas de análise multivariada: distância Euclidiana média, a partir dos dados padronizados (d_e); distância Euclidiana média, obtida com os escores das três primeiras variáveis canônicas (d_{vc}); distância Euclidiana média, a partir dos escores dos três primeiros componentes principais (d_{cp}); distância Euclidiana média usando as três primeiras cargas fatoriais (d_f), e distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Foram utilizados doze genótipos de feijoeiro (Aporé, H-4-7, PF-9029975, CI-128, Carioca MG, CI-21, Carioca 300V, Ouro Negro, A-285-Rudá, ESAL 693, Pérola e IAC Carioca Aruã) avaliados em quatro épocas (inverno/97, águas/97/98, seca/98 e inverno/98) por meio de dez características agromorfológicas. O delineamento utilizado foi blocos completos casualizados com três repetições. As técnicas multivariadas foram concordantes para identificar os genótipos geneticamente mais divergentes. Os genótipos, ESAL 693 e Ouro Negro diferiram entre si e entre os demais. O PF-9029975 e Carioca MG foram similares e diferiram das demais de acordo com as distâncias Euclidianas médias. Salienta-se também a divergência da cultivar Aporé em relação à Pérola, embora esta cultivar seja uma linhagem selecionada dentro da Aporé. Assim, todos esses genótipos geneticamente mais divergentes são promissores para serem cruzados e fornecerem populações com maior segregação em vários caracteres agronômicos, especialmente o ESAL 693 com os demais que possuem grãos tipo carioca. Foi também constatada razoável concordância na identificação dos caracteres que menos contribuíram para a diversidade genética.

Palavras-chave: caracteres agromorfológicos, distância euclidiana média, componentes principais, variáveis canônicas, fatorial, distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

SUMMARY

Multivariate techniques were used to evaluate the genetic divergence among genotypes of common bean, aiming to identify segregating populations with large genetic variability. The multivariate techniques used were: the average Euclidean distance based on standardized variables (d_e), on scores of the three first canonical variables (d_{vc}), on scores of the first three principal components (d_{cp}), on the first three factor loads (d_f), and the Mahalanobis generalized distance (D^2). Twelve common bean genotypes were used (Aporé, H-4-7, PF-9029975, CI-128, Carioca MG, CI-21, Carioca 300V, Ouro Negro, A-285 Rudá, ESAL 693, Pérola e IAC Carioca Aruã), and evaluated in four seasons (Jul-Nov/97, Nov/97-Feb/98, Feb-Jun/98 and Jul-Nov/98), based on ten morpho-agronomic traits. A randomized block design with three replications was utilized. The multivariate techniques showed similar results mainly for identifying the more divergent genotypes. Among them, ESAL 693 and Ouro Negro were genetically different between themselves and among the other genotypes. PF-9029975 and Carioca MG were genetically similar, although different of other genotypes according to average Euclidean procedures. It should be pointed out that Aporé genotype was divergent of Pérola genotype, although the last one is a selected line in the Aporé. Therefore, all of those genetically divergent genotypes are promising to cross for obtaining higher segregating populations, specially ESAL 693 with the others that have a carioca grain type. A reasonable correspondence was found in the identification of traits with smallest contribution to genetic diversity.

¹Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Viçosa. E-mail: crisagornoma@yahoo.com.br. Autor para correspondência.

²Engenheiro Agrônomo, Genética e Melhoramento de Plantas, Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA).

³Engenheiro Agrônomo, Doutor, Departamento de Ciências Exatas, Bolsista CNPq, UFLA. E-mail: daniel@ufla.br.

⁴Engenheiro Agrônomo, Doutor, Departamento de Biologia, UFLA. E-mail: jbsantos@ufla.br.

Key words: *morpho-agronomic traits, Euclidean distance, canonical variables, principal components, factorial, Mahalanobis (D^2) generalized distance.*

INTRODUÇÃO

O melhoramento do feijoeiro no Brasil se baseia, principalmente, na hibridação de cultivares ou linhagens para gerar populações segregantes, nas quais se procede a seleção de linhagens superiores. Nesse contexto, os estudos sobre divergência genética podem ser de grande importância por fornecerem estimativas para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentem as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (CRUZ *et al.*, 1994).

Vários métodos multivariados podem ser aplicados no estudo da divergência genética. Dentre eles, destacam-se a análise de componentes principais, de variáveis canônicas e os métodos de agrupamentos. A escolha do método mais adequado, tem sido determinada de acordo com os objetivos do pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (MIRANDA *et al.*, 1988; CRUZ, 1990; CRUZ *et al.*, 1994).

A viabilidade da utilização de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética como auxílio na seleção de genitores para cruzamentos tem sido aplicada em várias culturas. Em feijão (ADAMS, 1977; GHADERI *et al.*, 1984; OLIVEIRA, 1989), em milho (CRUZ *et al.*, 1994), em arroz (JULQUIFAR *et al.*, 1985), em pimenta (CUARTERO *et al.*, 1983), em milheto (JAIN *et al.*, 1981a), em grão-de-bico (JAIN *et al.*, 1981b), em azevém (FARIAS *et al.*, 1983), em feijão-vagem (MALUF *et al.*, 1983) em pimentão (MIRANDA *et al.*, 1988), em soja (MIRANDA (1998)). Com base nessas considerações, os objetivos deste trabalho foram: avaliar a divergência genética entre cultivares/linhagens de feijão; discriminar os caracteres mais importantes na avaliação da divergência genética pelas estatísticas multivariadas, e determinar o grau de concordância das estimativas da divergência genética.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados doze genótipos de feijoeiro (Aporé, H-4-7, PF-9029975, CI-128, Carioca MG, CI-21, Carioca 300V, Ouro Negro, A-285-Rudá, ESAL 693, Pérola e IAC Carioca Aruã) avaliados em quatro épocas (inverno/97, águas/97/98, seca/98 e inverno/98) por meio de dez características agromorfológicas. O delineamento utilizado foi blocos completos casualizados com três repetições. Esses genótipos foram escolhidos por

apresentarem características agronômicas favoráveis, como porte, hábito de crescimento e produtividade, sendo estas características importantes para o melhoramento (MACHADO *et al.*, 2000, MACHADO, *et al.*, 2002). A densidade de semeadura empregada foi estabelecida conforme os objetivos dos programas de melhoramento para a Região Sul de Minas Gerais, sendo assim, cada parcela consistiu de duas linhas de 3 metros de comprimento, com espaçamento de 0,50m entre as linhas e 15 sementes por metro linear (VIEIRA, 1991, ABREU, 1999, VIEIRA *et al.*, 2000).

A avaliação dos genótipos foi feita por meio dos seguintes caracteres agronômicos: 1 - FL: número de dias para o florescimento (anotada quando 50% das plantas da parcela já apresentavam pelo menos um flor aberta), 2 - NLP: número médio de legumes por planta, 3 - NI: número médio de internódios da haste principal, 4 - PS: peso médio de 100 sementes, em g, 5 - PD: produção de grãos em kg/ha, 6 - NSL: número médio de sementes por legume, 7 - IL: inserção média do primeiro legume até o colo da planta, em cm, 8 - NR: número médio de ramos por planta, 9 - HP: comprimento médio da haste principal, do colo até a inserção da última folha, em cm, 10 - PR: porte das plantas, através de escala de notas, segundo OLIVEIRA (1996). Na avaliação dos genótipos, foram utilizadas todas as plantas da parcela para se obter PD, FL e PR. Os demais caracteres foram avaliados a partir de uma amostra de dez plantas por parcela.

A análise de variância multivariada, para a avaliação da variabilidade genética total existente entre os genótipos foi feita a partir dos dados provenientes da análise conjunta de variância das quatro épocas para cada caráter, na qual se consideraram os efeitos de genótipos e épocas como fixos (MACHADO *et al.*, 2000). A partir da análise de variância multivariada, obtiveram-se as matrizes de soma de quadrados e produtos residual, a matriz de soma de quadrados e produtos entre genótipos. As distâncias generalizadas de Mahalanobis e as distâncias Euclidianas médias, obtidas a partir dos dados padronizados, foram utilizadas como medidas de dissimilaridades. As medidas de dissimilaridade entre cada par de genótipos foram obtidas a partir das cinco técnicas multivariadas: a) distância Euclidiana média, a partir dos dados padronizados (d_e), b) distância Euclidiana média, com os escores das três primeiras variáveis canônicas (d_{vc}), c) distância Euclidiana média, a partir dos escores dos três primeiros componentes principais (d_{cp}), d) distância Euclidiana média, obtida, com o uso das três primeiras cargas fatoriais (d_a) e, e) distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

As médias de cada uma das variáveis foram expressas em unidades de desvio-padrão e utilizadas na obtenção dos dez componentes principais, utilizando-se os recursos computacionais do Programa GENES (CRUZ, 1997). Para as estimativas dos autovalores e variâncias foram consideradas os três primeiros componentes principais e as três primeiras variáveis canônicas, que acumulam uma explicação da variância superior a 79% e 99% respectivamente, que é considerada satisfatória para dados biológicos (ISEBRANDS & CROW, 1975, JOHNSON & WICHERN, 1992, OLIVEIRA, 1989, FERREIRA, 1993, CRUZ & REGAZZI, 1997). A divergência entre os genótipos foi quantificada pelas medidas de dissimilaridade, segundo JOHNSON & WICHERN (1992) e CRUZ & REGAZZI (1997). Para formação dos grupos, foi utilizado o método hierárquico aglomerativo da média entre pares não ponderados (UPGMA) conforme descrito por DIAS (1998).

O grau de concordância das estimativas da divergência genética, quantificada pelas cinco estatísticas multivariadas, descritas anteriormente, foi avaliado pelo coeficiente de correlação de Spearman. Testou-se a hipótese de que a matriz de correlações residuais não difere da matriz identidade ($H_0: R = I$), conforme procedimento sugerido por GODOI (1985). Avaliou-se, também, a concordância das técnicas dos componentes principais e das variáveis canônicas na discriminação da importância de variáveis no estudo da divergência genética, segundo MARDIA *et al.* (1979). Esse mesmo critério foi adotado para as variáveis canônicas, diferindo quanto aos coeficientes de ponderação das variáveis originais, os quais foram previamente multiplicados pelo desvio-padrão residual, conforme sugerido por TATSUOKA (1971).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Verifica-se que houve concordância parcial entre os resultados pela aplicação dos cinco métodos empregados. Entretanto, deve-se ressaltar que os genótipos PF-9029975 e o ESAL 693 foram os mais divergentes para a d_e ; já os genótipos Ouro Negro e Pérola foram os mais divergentes para as d_{vc} , os genótipos CI-21 e ESAL 693 os mais divergentes para os d_{cp} , os genótipos Carioca MG e Pérola foram os mais divergentes para as d_{ft} e os genótipos PF-9029975 e ESAL 693 foram os mais divergentes para a D^2 (Tabela 1). Vale ressaltar que, de maneira geral, o genótipo ESAL 693 foi considerado o mais divergente pelas cinco técnicas aplicadas. Analisando ainda a tabela 1, percebe-se

que este genótipo apresentou, na maioria das vezes, as maiores dissimilaridades, sendo que de onze combinações, oito apresentaram valores acima de 1,800 para uma das quatro técnicas utilizadas. Já os valores para a D^2 variaram de 2,770 (Aporé e Carioca 300V) até 96,350 (ESAL 693 e PF-9029975). Entre as distâncias de cada par de genótipos, oito também apresentaram valores acima de 60,000 sendo que seis dessas combinações possuem o genótipo ESAL 693 (MACHADO *et al.*, 2000).

Houve concordância entre as cinco técnicas empregadas para a discriminação dos genótipos mais divergentes. Estes resultados podem ser visualizados pelos coeficientes de correlação de Spearman (Tabela 2), todas foram positivas, significativas e maiores ou igual a 0,630. Estes resultados concordam em parte com os obtidos em milho por CRUZ *et al.* (1994) e Ferreira, (1993), que encontraram grande concordância pela aplicação da distância de Mahalanobis, distância Euclidiana média, componentes principais e variáveis canônicas, evidenciado pelo coeficiente de correlação de Spearman superior (0,93 e 0,58), respectivamente.

A correlação entre as estimativas de D^2 e d_e ($r=0,701^{**}$), e d_{cp} e d_{vc} ($r=0,733^{**}$), e d_e e d_{cp} ($r=0,883^{**}$), d_{ft} e d_e ($r=0,874^{**}$), e d_{vc} e D^2 ($r=0,847^{**}$) apresentaram magnitudes consideráveis, uma vez que a matriz de correlações residuais é estatisticamente igual à matriz identidade (Tabela 2). Tal fato tem reflexos em estudos de melhoramento, pois os resultados obtidos em estudos sobre divergência, mesmo onde não se dispõe de meios para quantificar a variação e a co-variação residuais, são válidos e úteis, principalmente quando essas técnicas multivariadas são utilizadas. Entre a média dos genótipos, destacaram-se as correlações entre os seguintes caracteres: NI e HP, NI e NR, NLP e NR, NR e HP e NR, IL e HP, HP e PR, NLP e NI, NLP e PD, e PD e NSL. Apesar da significância dessas correlações, estes caracteres não apresentaram contribuições individuais significativas para a variabilidade total, como pode ser observado pelos três primeiros componentes principais e variáveis canônicas (autovetores) de maior importância (Tabelas 3 e 4). Vale ressaltar que NI e HP, e NI e NR apresentaram os maiores valores de correlações (0,707 e 0,580) respectivamente, sendo portanto, importantes. Uma das explicações para a variação entre os resultados apresentados pelas cinco estatística multivariadas foi devido a baixa magnitude das correlações residuais apresentada para a maioria dos caracteres avaliados, e também pelo fato de que a matriz de correlações residuais é estatisticamente igual a matriz identidade.

Tabela 1 - Medidas de dissimilaridade entre pares de cultivares/linhagens de feijão obtidas pela distância euclidiana média a partir de dados padronizados (d_c), dos escores das três primeiras variáveis canônicas (d_{vc}), dos três primeiros componentes principais (d_{cp}), dos escores das três primeiras cargas fatoriais (d_n), e a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), estimados a partir da avaliação média de 10 caracteres agromorfológicos em quatro épocas (inverno/97, águas/97/98, seca/98 e inverno/98).

Genótipos	Medidas de dissimilaridades	Aporé	H-4-7	PF-9029975	CI-128	Carioca MG	CI-21	Carioca 300V	Ouro Negro	A-285 Rudá	ESAL-693	Pérola IAC	Carioca Aruã
1-Aporé	(d_c)	-	1,421	1,618	0,686	1,775	1,288	0,523	1,417	1,106	1,896	0,582	1,369
	(d_{vc})	-	1,099	1,837	0,591	1,508	0,791	0,333	1,636	1,071	1,553	1,155	0,724
	(d_{cp})	-	1,466	1,438	0,801	1,521	1,252	0,608	1,162	1,203	1,609	0,775	1,491
	(d_n)	-	1,557	1,882	0,776	2,280	1,282	0,575	1,464	1,457	1,868	0,345	1,459
	(D^2)	-	19,430	30,960	5,400	21,660	10,990	2,770	30,110	16,380	47,450	7,250	14,110
2-H-4-7	(d_c)	-	1,589	1,368	1,249	0,620	0,987	1,057	0,825	1,635	1,876	0,357	
	(d_{vc})	-	1,818	1,528	1,448	0,374	0,772	1,469	1,394	1,999	2,164	0,915	
	(d_{cp})	-	1,559	1,558	1,337	1,073	1,171	1,589	1,310	1,907	1,786	1,087	
	(d_n)	-	1,208	26,190	1,222	0,367	0,986	1,286	0,511	1,895	1,895	0,363	
	(D^2)	-	19,580	1,575	13,220	7,540	12,810	43,670	19,130	71,480	41,640	12,260	
3-PF-9029975	(d_c)	-			1,683	0,579	1,963	1,683	1,354	1,025	2,196	1,545	1,771
	(d_{vc})	-			1,462	0,385	1,885	1,734	1,774	0,902	2,001	1,935	1,223
	(d_{cp})	-			1,510	0,627	1,760	1,464	1,457	1,051	1,956	1,369	1,660
	(d_n)	-			39,140	0,524	1,390	1,496	0,809	0,828	1,423	2,110	1,505
	(D^2)	-			-	2,900	19,650	21,590	62,180	7,460	96,350	44,010	13,170
4-CI-128	(d_c)	-				1,630	1,463	0,847	0,906	1,307	1,259	0,911	1,468
	(d_{vc})	-				1,416	1,300	0,835	1,548	1,036	1,177	0,793	0,937
	(d_{cp})	-				1,524	1,596	0,991	1,251	1,461	1,001	0,740	1,608
	(d_n)	-				1,936	1,445	0,881	0,856	1,412	1,110	0,886	1,635
	(D^2)	-				-	29,580	18,280	7,630	29,440	25,180	8,040	21,840
5-Carioca MG	(d_c)	-					1,751	1,677	1,114	0,970	1,957	1,871	1,502
	(d_{vc})	-					1,517	1,378	1,483	0,704	1,770	1,793	0,897
	(d_{cp})	-					1,550	1,454	1,375	0,935	1,862	1,593	1,386
	(d_n)	-					1,505	1,817	1,180	0,985	1,712	2,542	1,557
	(D^2)	-					12,080	15,060	47,750	5,210	80,140	36,030	8,020
6-CI-21	(d_c)	-						0,768	1,508	0,990	1,966	1,832	0,297
	(d_{vc})	-						0,476	1,603	1,288	1,952	1,892	0,780
	(d_{cp})	-						0,829	1,567	0,943	1,966	1,801	0,754
	(d_n)	-						0,714	1,382	0,599	1,999	1,622	0,202
	(D^2)	-						5,6960	43,790	10,950	63,320	27,480	7,100
7-Carioca 300V	(d_c)	-							1,305	0,895	1,792	1,088	0,877
	(d_{vc})	-							1,534	1,025	1,652	1,428	0,563
	(d_{cp})	-							1,232	0,940	1,614	1,141	1,081
	(d_n)	-							1,217	0,928	1,765	0,913	0,900
	(D^2)	-							34,300	10,550	52,620	13,810	8,110
8-Ouro Negro	(d_c)	-								1,276	0,868	1,648	1,352
	(d_{vc})	-								1,806	0,965	2,292	1,590
	(d_{cp})	-								1,449	1,370	1,583	1,770
	(d_n)	-								1,082	0,718	1,662	1,540
	(D^2)	-								61,600	25,380	51,990	53,790
9-A-285 Rudá	(d_c)	-									2,063	1,390	0,844
	(d_{vc})	-									1,855	1,244	0,509
	(d_{cp})	-									1,951	1,470	0,919
	(d_n)	-									1,781	1,760	0,711
	(D^2)	-									88,510	23,330	4,890
10-ESAL-693	(d_c)	-										2,153	1,886
	(d_{vc})	-										1,777	1,760
	(d_{cp})	-										1,641	1,889
	(d_n)	-										1,993	2,146
	(D^2)	-										54,690	75,120
11-Pérola	(d_c)	-											1,876
	(d_{vc})	-											1,385
	(d_{cp})	-											1,764
	(d_n)	-											1,800
	(D^2)	-											24,840
12-IAC Carioca Aruã													-

Tabela 2 - Coeficientes de correlação de Spearman (rs) entre estimativas de dissimilaridade de pares de genótipos de feijoeiro, obtidas pela distância Euclidiana média (d_e), variáveis canônicas (d_{vc}), componentes principais (d_{cp}), cargas fatoriais (d_{fi}) e distância de generalizada de Mahalanobis (D^2), obtidas a partir de 10 caracteres agromorfológicos, avaliados na média das quatro épocas (inverno/97, águas/97/98, seca/98 e inverno/98).

	d_{vc}	d_{cp}	d_{fi}	D^2
d_e	0,763**	0,883**	0,874**	0,701**
d_{vc}	-	0,733**	0,630**	0,847**
d_{cp}		-	0,776**	0,760**
d_{fi}			-	0,644**
D^2				-

**= significativa a 1% de probabilidade pelo teste t.

Na tabela 3, estão apresentadas as correlações residuais entre os dez caracteres avaliados, na qual se verifica que elas foram, em sua maioria, de baixa magnitude, ocorrendo apenas dez correlações com significância dentre as 45 observadas, quando comparadas com zero, pelo teste t. Entretanto, ao se testar a hipótese de que a matriz de correlações residuais não difere da matriz identidade ($H_0: R = I$), constatou-se que ela não deve ser rejeitada a 5% de probabilidade ($\chi^2 = 14,34$ e g.l= 45). Apesar disso, acusou-se a presença de algumas correlações residuais significativas (Tabela 4), o que pode ter contribuído para que ocorressem diferenças entre a D^2 e d_e . Esse resultado é diferente do obtido por CRUZ *et al.* (1994), que verificaram que a matriz de correlações residuais foi estatisticamente diferente da matriz identidade a 5% de probabilidade, por Fonseca (1997), onde os coeficientes de correlação entre os dez caracteres avaliados originais e as duas primeiras variáveis canônicas indicaram que todos os caracteres foram significativos com pelo menos uma dessas variáveis, e por Coimbra (2000), sendo que o coeficiente de correlação entre os caracteres número de dias entre a emergência e o florescimento, número de dias entre a emergência e maturação de colheita, estatura de planta e estatura de inserção do primeiro legume com o rendimento de grãos foi negativa e os caracteres número de legumes por planta e massa de mil grãos evidenciaram um grau de associação elevado com o caráter rendimento de grãos por unidade de área.

As estimativas dos autovalores e as variâncias associadas estão apresentadas na tabela 4. Analisando os três primeiros componentes

principais, percebe-se que a variação contida nos caracteres originais aumentou consideravelmente quando neles se incluíram a terceira raiz, principalmente para os componentes principais (Tabela 4). Para as variáveis canônicas, a primeira variável apresentou uma variação significativa, no entanto, não houve aumento considerável desta variabilidade quando nelas se incluíram a segunda e terceira raízes. Estes resultados discordam dos obtidos por CRUZ *et al.* (1994), que constataram que ambas as técnicas de análise por variáveis canônicas ou por componentes principais exploraram mais de 94% da variância total disponível, utilizando as duas primeiras raízes características e praticamente esgotaram esta variabilidade quando nelas se incluiu a terceira raiz, de Oliveira (1989), que verificou que os três primeiros componentes principais acumularam uma explicação da variância em 80% e que os métodos de componentes principais, análise de agrupamento e análise discriminante, apresentaram resultados similares, e de Fonseca (1997), onde as duas primeiras variáveis foram suficientes para explicar 85,5% da variação observada, sendo que a primeira variável mais importante de todas explicou 72,6% e a segunda 12,9%, e não foram identificados caracteres redundantes entre os dez estudados.

Com relação à identificação dos caracteres de menor importância, na determinação da divergência genética dos genótipos, não houve concordância entre os dois métodos (d_{cp} e d_{vc}) com relação aos caracteres menos divergentes. No entanto, houve concordância em ambos os métodos apenas para um dos caracteres que, no caso, é o NLP. Constata-se, pela tabela 4, que os caracteres: NLP, NI, NR e NSL, em relação à análise por componentes principais, e PS, PD, NLP e IL, em relação à análise por variáveis canônicas, foram os que menos contribuíram para a divergência dos genitores. CRUZ *et al.* (1994) e FONSECA (1997) encontraram resultados satisfatórios para ambos os métodos. Os primeiros verificaram que, dos oito caracteres estudados, cinco foram os que menos contribuíram para a divergência dos genitores estudados; o segundo observou que todos os dez caracteres avaliados foram significativos com, pelo menos, uma das variáveis estudadas.

Com base nos componentes principais, os caracteres NLP e NI, possivelmente, tiveram menor importância para a diversidade entre os genótipos, por terem apresentado o menor quociente entre os

Tabela 3 - Estimativas das correlações residuais entre dez caracteres avaliados na média das quatro épocas (inverno/97, águas/97/98, seca/98 e inverno/98) em doze cultivares/linhagens de feijão.

Caráter ¹	FL ^{1/}	NLP ^{1/}	NI ^{1/}	PS ^{1/}	PD ^{1/2/}	NLV ^{1/}	IL ^{1/}	NR ^{1/}	HP ^{1/3/}	PR ^{1/}
FL	1	-0,176	-0,177	-0,030	-0,244	-0,316	-0,199	-0,102	-0,218	-0,118
NVP		1	0,230*	-0,120	0,226*	0,165	-0,072	0,377**	0,186	0,146
NI			1	-0,146	0,149	0,018	-0,052	0,580**	0,707**	0,190
PS				1	-0,009	-0,023	0,079	-0,088	0,028	0,045
PD					1	0,216*	0,109	0,316**	0,187	0,100
NSV						1	0,022	0,155	0,049	0,022
IV							1	-0,288	0,315**	0,118
NR								1	0,317**	0,154
HP									1	0,300**
PR										1

^{1/} FL: número de dias de florescimento; NLP: número médio de legumes/planta; NI: número médio de internódios da haste principal; PS: peso médio de 100 sementes (gramas); PD: produção de grãos em kg/ha; NLV: número médio de sementes/legume; IL: inserção média do primeiro legume (cm); NR: número médio de ramos por planta; HP: comprimento médio da haste principal (cm) e PR: porte das plantas (nota); ^{2/} 10⁻⁵; e ^{3/} 10⁻². * e **= significativas a 5 e 1% de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

Tabela 4 - Estimativas das variâncias (autovalores, U_i), associadas aos componentes principais, às variáveis canônicas, respectivos coeficientes de ponderação (autovetores) e ao QMR de dez caracteres avaliados na média das quatro épocas (inverno/97, águas/97/98, seca/98 e inverno/98).

U _i	Varição Acumulada (%)	FL ^{1/}	NLP ^{1/}	NI ^{1/}	PS ^{1/}	PD ^{1/2/}	NSL ^{1/}	IL ^{1/}	NR ^{1/}	HP ^{1/3/}	PR ^{1/}
Componentes Principais											
3,926	39,256	0,283	0,088	0,453	-0,484	-0,247	0,099	-0,449	-0,134	-0,288	-0,414
2,332	62,573	0,414	-0,188	-0,012	0,240	-0,518	0,337	-0,223	0,150	0,265	0,459
1,729	79,859	0,474	-0,121	0,106	-0,036	0,217	0,032	0,443	-0,507	-0,352	0,349
1,082	90,680	-0,449	-0,268	-0,006	0,048	-0,173	-0,110	-0,207	0,127	-0,679	0,404
0,558	96,266	-0,074	0,226	0,431	0,642	-0,383	-0,066	0,273	-0,095	-0,163	-0,290
0,196	98,224	0,224	0,512	0,044	0,204	0,435	0,331	-0,124	0,472	-0,307	0,114
0,085	99,073	-0,396	-0,012	0,304	-0,334	-0,084	0,638	0,440	0,104	0,099	0,094
0,048	99,555	0,309	-0,471	-0,201	-0,053	-0,103	0,025	0,340	0,506	-0,264	-0,431
0,030	99,857	0,065	-0,246	0,663	-0,036	0,255	-0,424	0,037	0,366	0,245	0,233
0,014	100,000	-0,095	-0,523	0,151	0,367	0,418	0,402	-0,329	-0,233	0,034	-0,244
Variáveis Canônicas											
5055,502	99,770	-0,013	-0,370	0,706	-0,319	0,041	0,036	-0,210	-0,297	-0,358	-0,001
7,574	99,920	-0,003	-0,151	0,167	0,079	-0,323	0,343	-0,135	-0,334	0,769	-0,002
1,930	99,958	-0,002	-0,365	0,305	0,334	-0,200	0,157	0,031	0,772	0,014	0,007
1,090	99,980	0,005	0,723	0,366	-0,133	-0,112	-0,121	-0,462	0,267	0,118	0,001
0,509	99,990	-0,705	-0,020	-0,024	0,004	0,014	-0,036	-0,046	0,003	0,016	0,705
0,275	99,995	0,707	-0,007	0,009	-0,005	0,014	-0,003	0,001	-0,005	0,007	0,707
0,098	99,997	-0,034	0,204	0,365	-0,248	-0,103	-0,192	0,823	0,035	0,189	0,027
0,076	99,998	-0,030	0,332	-0,009	0,086	-0,281	0,763	0,187	-0,106	-0,414	0,045
0,012	99,998	-0,012	0,153	0,281	0,418	0,798	0,231	0,086	-0,066	0,144	-0,003
0,072	100,000	0,005	0,097	0,184	0,721	-0,339	-0,408	0,033	-0,340	-0,197	0,003
QMR		1,483	7,632	1,335	7,652	4,364	0,280	1,335	3,658	1,256	0,217

^{1/} FL: número de dias de florescimento; NLP: número médio de legumes/planta; NI: número médio de internódios da haste principal; PS: peso médio de 100 sementes (gramas); PD: produção de grãos em kg/ha; NSL: número médio de sementes/legume; IL: inserção média do primeiro legume (cm); NR: número médio de ramos por planta; HP: comprimento médio da haste principal (cm) e PR: porte das plantas (nota); ^{2/} 10⁻⁵ e ^{3/} 10⁻².

quadrados médios de tratamentos e de resíduos (dados não apresentados). Os caracteres NLP e NR foram também considerados de menor importância para as variáveis canônicas, possivelmente em razão do aspecto de redundância.

A concordância parcial entre os cinco métodos multivariados empregados pode ser visualizada ao se analisarem os correspondentes dendogramas, oriundos das análises de

agrupamentos (Figura 1). Assumindo como ponto de corte nos dendogramas a metade da amplitude das distâncias, obtém-se sete grupos, considerando-se tanto a d_e (Figura 1a), quanto a d_{ft} (Figura 1b). Com base na d_{cp} (Figura 1c) ou da d_{vc} (Figura 1d), formaram-se cinco grupos considerando-se a D², apenas três grupos (Figura 1e). Em quatro dos cinco procedimentos, os genótipos ESAL 693 e Ouro Negro isolaram-se das demais, como era esperado,

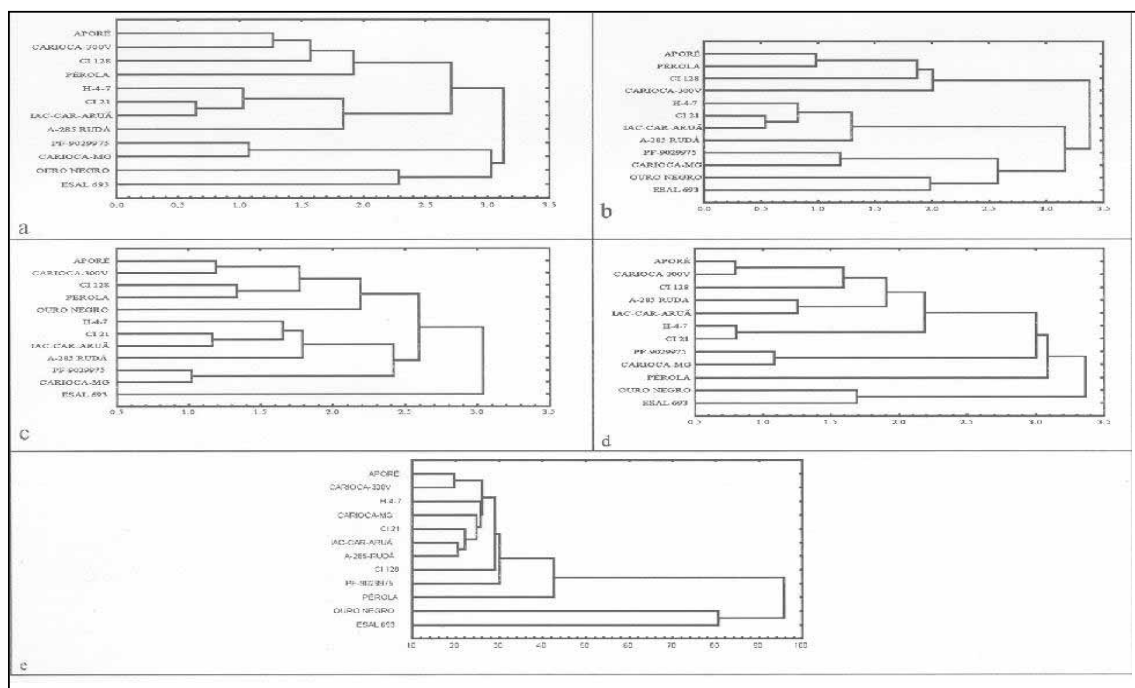


Figura 1 - Dendrogramas resultantes da análise de agrupamento utilizando o Método UPGMA a partir da média das quatro épocas (inverno/97, águas/97/98, seca/98 e inverno/98) com base nas distâncias Euclidianas médias com dados originais padronizados (a); nas cargas fatoriais (b), nos componentes principais (c), variáveis canônicas (d) e na distância generalizada de Mahalanobis D^2 (e).

uma vez que o primeiro é oriundo do cruzamento entre Carioca TU x Linha 3272, e o segundo é uma introdução de Honduras e possui grão preto, portanto, possuem origens e características diferentes dos demais. Assim, o cruzamento desses genótipos, entre si ou com os demais, devem produzir as populações mais segregantes. Como na maioria das regiões brasileiras a preferência é por cultivares com grãos tipo carioca, são promissores os cruzamentos envolvendo o genótipo ESAL 693 com os demais. Qualquer das d_e isolaram o PF-9029975 e Carioca MG dos demais. Também por meio das d_e , nota-se a divergência entre os genótipos CI-128 e CI-21, os quais são ambos provenientes do ciclo I de um programa de seleção recorrente. A divergência entre eles mostra a ampla variabilidade na população segregante do programa em apreço e sugere a possibilidade de seleção de novas linhagens superiores. Chama a atenção, pelo menos em dois procedimentos de d_e , a divergência entre os genótipos Aporé e Pérola, uma vez que o Pérola foi selecionado a partir do Aporé.

CONCLUSÕES

O genótipo ESAL 693 é o genitor mais

promissor para se obter populações com ampla variabilidade genética e grãos tipo carioca, por ser o mais divergente.

As técnicas multivariadas foram parcialmente concordantes na identificação da divergência genética entre os genótipos.

AGRADECIMENTOS

Trabalho financiado com o auxílio financeiro do CNPq/FAPEMIG

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. de. F.B., RAMALHO, M.A.P., FERREIRA, D.F. Selection potential for seed yield from intra - end inter - racial populations in common bean. *Euphytica*, Wageningen, v.108, n.2, p.121-127, 1999.
- ADAMS, M.W. An estimation of homogeneity in crop plants, with special reference to genetic vulnerability in the dry bean, *Phaseolus vulgaris* L. *Euphytica*, Wageningen, v.26, 665-679, 1977
- COIMBRA, J.L.M., GUIDOLIN, A.F., CARVALHO, F.I.F.de., et al. Correlações canônicas: II - Análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.30, n.1, p.31-35, 2000.
- CRUZ, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba, 1990. 188 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - ESALQ/USP, 1990.

- CRUZ, C.D. **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa : UFV, 1997. 442p.
- CRUZ, C.D., CARVALHO, S.P. de, VENCovsky, R. Estudos sobre divergência genética. II Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, Viçosa, v.41, n.234, p.183-190, 1994.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa : UFV, 1997. 390p.
- CUARTERO, J.; GOMES-GUILLAMON, M.L.; DIAZ, G. *et al.* Agropación intra-específica en variedades de pimiento. **Anales de Edafología y Agrobiología**, v.42, n.718, p.1209-1219, 1983.
- DIAS, L.A. Análises multidimensionais. In: ALFENAS, A.C.(ed.) **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins**. Viçosa : UFV, 1998. p.405-475.
- FARIAS, J.M., THOMAS, N., QUIROGAG, H.M. Utilización del análisis de componentes principales en la selección de líneas y variedades introducidas de ballico anual, *Lolium multiflorum* Lam. **Agric Téc Méx**, v.9, n.2, p.125-140, 1983.
- FONSECA, J.R., SILVA, H.T. da. Emprego da análise multivariada na caracterização de acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, v. 19, n.2, p.335-341, 1997.
- FERREIRA, D.F. **Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos**. Lavras, 1993. 72p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Lavras-UFLA, 1993.
- GHADERI, A., ADAMS, M.W., NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. **Crop Science**, Madison. v.14, n.1, p.24-27, 1984.
- GODOI, C.R. de M. **Análise estatística multidimensional**. Piracicaba : ESALQ/USP, 1985. 187p.
- HUSSAINI, S.H., GOODMAN, M.M., TIMOTHY, D.H. Multivariate analysis and the geographical distribution of the collection of finger millet. **Crop Science**, Madison, v.17, n.2, p.257-263, 1977.
- ISEBRANDS, J.G., CROW, T.R. **Introduction to uses and interpretation of principal component analysis in forest biology**. Minnesota, US : Department of Agriculture, 1975. 18p.
- JAIN, A.K., BHAGAT, N.K., TIWART, A.S. Genetic divergence in finger millet. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi v.41, p.346-348, 1981a.
- JAIN, K.C., PANDYA, B.P., PANDE, K. Genetic divergence in chickpea. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v.41, p.220-225, 1981b.
- JOHNSON, R.A., WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. Englewood Cliffs, New Jersey : Prentice-Hall, 1992. 642p.
- JULQUIFAR, A.W., VIRMANI, S.S., CARPENA, A.L. Genetic divergence among some maintainer and restorer lines in relation to hybrid breeding rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v.70, p.671-678, 1985.
- MACHADO, C.F., SANTOS, J.B. dos., NUNES, G.H.de S. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência baseada em caracteres morfo-agronômicos. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.1, 11-20, 2000.
- MACHADO, C.F., SANTOS, J.B. dos., NUNES, G.H.de S. Choice of common bean parents based on combining ability estimates. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, 2002. (Prelo)
- MALUF, W.R., FERREIRA, P.E., MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F₁ hybrids. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto. V.3, p.453-460, 1983.
- MARDIA, K.V., KENT, J.T., BIBBY, J.M. **Multivariate analysis**. London : Academic, 1979. 521p.
- MIRANDA, J.E.C., CRUZ, C.D., COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, p.929-937, 1988.
- MIRANDA, G.V. **Diversidade genética e desempenho de cultivares de soja como progenitores**. Viçosa, 1998. 117p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Viçosa-UFV, 1998.
- OLIVEIRA, E.J. de. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Viçosa:UFV, 1989. 91p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Viçosa-UFV, 1989.
- OLIVEIRA, L.B., RAMALHO, M.A.P., ABREU. *et al.* Alternative procedures for parent choice in a breeding program for the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.19, n.4, p.611-615, 1996.
- TATSUOKA, M.M. **Multivariate analysis**. New York : Wiley, 1971. 451p.
- VIEIRA, C. Influência das épocas de plantio sobre as etapas de desenvolvimento do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, v.38, n.219, p.438-443, 1991.
- VIEIRA, C., ARAÚJO, G.A.de A., CARDOSO, A.A. Triagem de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) em busca de fontes de tolerância à baixa temperatura - II. **Revista Ceres**, Viçosa, v.47, n.271, p.337-348, 2000.