



Ciência Rural

ISSN: 0103-8478

cienciarural@mail.ufsm.br

Universidade Federal de Santa Maria
Brasil

Medeiros Coelho, Cileide Maria; Meirelles Coimbra, Jefferson Luís; Arruda de Souza, Clovis; Bogo, Amauri; Guidolin, Altamir Frederico
Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)
Ciência Rural, vol. 37, núm. 5, setembro-outubro, 2007, pp. 1241-1247
Universidade Federal de Santa Maria
Santa Maria, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=33137504>

- 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

Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)

Genetic diversity in common bean accessions

Cileide Maria Medeiros Coelho^{*1} Jefferson Luís Meirelles Coimbra¹
Clovis Arruda de Souza¹ Amauri Bogo¹ Altamir Frederico Guidolin¹

RESUMO

Os recursos genéticos devem ser devidamente caracterizados para permitir ganhos genéticos mais promissores no melhoramento e para o uso destes recursos pelo próprio agricultor. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética de acessos de feijão comum do germoplasma existente na Universidade do Estado de Santa Catarina, através de inter-relações entre os descritores agrônômicos. O experimento foi conduzido a partir de outubro de 2005, constituído por 20 acessos de feijão comum, utilizando-se o delineamento experimental em blocos casualizados com 3 repetições. Foi utilizada a técnica de análise multivariada para medir a divergência genética representada pela distância generalizada de Mahalanobis. Com base na matriz de dissimilaridade genética gerada, foi construído o dendrograma pelo método de agrupamento da distância média. Das 12 variáveis envolvidas no estudo, o peso de 100 sementes teve a maior contribuição na separação dos genótipos, seguido pela espessura do legume, pelo comprimento do legume e pelo rendimento de grãos. Os acessos BAF 42, BAF 46, BAF 47 e BAF 57 se destacaram quanto ao nível de produtividade (3.500 a 5.000kg ha⁻¹) e devem ser mais bem caracterizados para serem incorporados nos programas de melhoramento da cultura e/ou indicado para os agricultores.

Palavras-chave: análise multivariada, germoplasma, variabilidade genética, *Phaseolus vulgaris* L.

ABSTRACT

The correct characterization of genetic resources allows to identify sources of variability, a genetic profit during the plant breeding and use of these resources in the crop science. This research was aimed at evaluating genetic divergence in bean accessions of a germplasm of Santa Catarina, through interrelation among the agronomic character descriptor. Twenty

bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions were evaluated carried out in October 2005, using the randomized block design with three replications. The genotypes were studied using multivariable techniques to measure genetic divergence represented by the generalized distance of Mahalanobis. On the basis of the genetic similarity matrix, it was generated average distance grouping. Among 12 variable evaluated, the weight of 100 seeds had the higher contribution in the separation of the genotypes, followed for the pod width, pod length and yield of grains. The BAF 42, BAF 46, BAF 47 and BAF 57 accessions had the high productivity level and it must be better characterized to be incorporated in the programs of genetic breeding or use of these resources in the crop science.

Key words: multivariable analysis, germplasm, genetic variability, *Phaseolus vulgaris* L.

INTRODUÇÃO

Os recursos genéticos devem ser devidamente caracterizados para permitir ganhos genéticos mais promissores no melhoramento e também para potencializar o uso destes recursos pelo próprio agricultor. No caso do feijão, este aspecto é particularmente importante por se caracterizar como uma cultura de pequena a média propriedade, na qual o percentual de uso de sementes melhoradas não ultrapassa os 20% (ANUÁRIO ABRASEM, 2003), sendo que os demais 80% são sementes oriundas de cultivares locais, as quais foram selecionadas pelos agricultores de acordo com as condições de ambiente e socioeconômicas de cada microrregião (CORDEIRO & MARCATO, 1994).

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), Avenida Luiz de Camões, 2090, Bairro Conta Dinheiro, 88520-000, Lages, SC, Brasil. E-mail: a2cmm@cav.udesc.br. *Autor para correspondência.

Com o melhoramento, existe uma grande pressão de seleção para cultivares mais uniformes e mais produtivas, que pode levar à perda de alguns caracteres, como estabilidade de produção, resistência a doenças, qualidade tecnológica e nutricional dos grãos, entre outros. Tais caracteres têm mais chances de serem encontrados em materiais crioulos devido à grande diversidade genética encontrada em tais genótipos (LOARCE et al., 1996; CARBONELL et al., 2003; RODRIGUES, et al., 2005; COELHO et al., 2005).

A produtividade de grãos é o caráter de maior importância nos programas de melhoramento. Entretanto, a herança genética é muito complexa, pois atuam vários genes de pequeno efeito sobre o fenótipo (ALLARD, 1971). Estes genes atuam sobre processos fisiológicos, que podem ter influência direta e indireta sobre o rendimento de grãos (FEHR, 1987).

Para analisar a inter-relação entre diversos descritores agrônomicos associados a diferentes genótipos e indicar quais descritores e genótipos são os mais promissores para serem incorporados em programas de melhoramento, é adequado utilizar técnicas de análise multivariada, como efetuado em feijão por FONSECA & SILVA (1999) e RODRIGUES et al., (2002). Este tipo de análise consiste na avaliação simultânea de vários caracteres e permite diferentes indicações sobre o conjunto de dados analisados. As técnicas multivariadas mais utilizadas são as de variáveis canônicas, dos componentes principais e das distâncias eucladiana e de Mahalanobis (CRUZ & CARNEIRO, 2003).

O objetivo do trabalho foi caracterizar a diversidade genética de acessos de feijão comum do germoplasma existente na Universidade do Estado de Santa Catarina, através de inter-relações entre os descritores agrônomicos.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em Lages, município localizado no Planalto Sul de Santa Catarina. As coordenadas geográficas deste município são 27° 52'30" de latitude sul e 50° 18'20" de longitude oeste, com altitude média de 930m e caracterizado pela presença de verões brandos com chuvas bem distribuídas (EPAGRI, 2006).

O trabalho foi realizado com 20 acessos de feijão (BAF 003, BAF 004, BAF 010, BAF 013, BAF 019, BAF 023, BAF 033, BAF 039, BAF 040, BAF 042, BAF 044, BAF 046, BAF 047, BAF 051, BAF 056, BAF 057, BAF 058, BAF 063, BAF 064, BAF 110), oriundos de expedições de coleta realizadas na região do Planalto Catarinense e que correspondem a uma parte de 18%

do total dos acessos da coleção do Banco Ativo de germoplasma de feijão (BAF) da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), em Lages, SC. Esses genótipos foram avaliados na safra 2005/06, em um experimento conduzido em delineamento em blocos ao acaso, com três repetições.

A semeadura foi efetuada manualmente com 12 sementes por metro linear, em parcelas constituídas por quatro fileiras de 2m de comprimento espaçadas por 0,5m entre si. A área útil foi composta por duas fileiras centrais, descartando-se 0,3 m das extremidades. A adubação de base foi realizada junto às linhas, previamente à semeadura, na dosagem de 20, 73, 63kg ha⁻¹ de N, P₂O₅ e K₂O, respectivamente, segundo análise do solo e recomendações descritas em publicações da Comissão de Química e Fertilidade do Solo - CQFS-RS/SC (2004). A adubação de cobertura foi realizada duas vezes, nos estádios de três e cinco trifólios (V3 – V5), utilizando-se uma dosagem de 30kg de N por hectare em cada aplicação. O controle de plantas invasoras foi realizado através de capinas manuais e o controle de insetos pela aplicação de 500g ha⁻¹ de metamidofós (organofosforado).

Foram avaliados 12 caracteres agrônomicos: peso de 100 sementes; rendimento de grãos (kg ha⁻¹); diâmetro do caule (mm); altura de inserção do primeiro legume em cm (medida da região do colo até a inserção do primeiro legume (medido de 10 plantas ao acaso); número de racemos com legume por planta (contagem à colheita, médias de 10 plantas ao acaso); número de legumes por planta (contagem realizada na colheita, média de 10 plantas ao acaso); comprimento do legume, em cm (comprimento dos legumes imaturos, mas completamente desenvolvidos, de 10 plantas ao acaso); espessura do legume (média em milímetros, da largura dos legumes imaturos, mas completamente desenvolvidos, de 10 plantas ao acaso); número de ramos com legume (contagem do número de ramos com vagens no ramo principal de 10 plantas ao acaso); número de nós (contagem do número de nós no caule principal, efetuada na maturação, de 10 plantas ao acaso); número de hastes (contagem de ramificações a partir do ramo principal, de 10 plantas ao acaso); número de sementes por legume (número médio de sementes por legume em cada uma de 10 plantas ao acaso), conforme descrito por IPGRI (2001).

Os dados foram submetidos à análise de variância univariada para constatar a existência de variabilidade entre os acessos, a 5% de probabilidade, pelo teste de F. A distância genética entre todos os pares de acessos foi estimada por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D2) a partir de médias padronizadas, utilizando-se o programa computacional

SAS (SAS Institute, 2004). Com base na matriz de dissimilaridade genética gerada, foi construído um dendrograma utilizando-se o método de agrupamento da distância aritmética média (UPGMA).

Para a estimativa do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado, foi calculado o coeficiente de correlação co-fenética (r) (SOKAL & ROHLF, 1962), utilizando-se o programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000). A importância relativa dos caracteres avaliados para a estimativa da dissimilaridade genética foi obtida por meio da participação dos componentes da D2, relativos a cada caráter, no total da dissimilaridade observada (SINGH, 1981).

Os dados foram submetidos tanto à análise de variância univariada quanto à multivariada, utilizando-se o programa SAS, versão 2.0 (SAS Institute, 2004). Foi efetuada também a análise canônica discriminante (ACD), visando a identificar a dispersão gráfica dos acessos estudados em espaço bidimensional, bem como a identificar a importância relativa dos descritores agrônômicos empregados.

A avaliação do efeito de separação, gerada pelos caracteres, entre os acessos estudados, foi efetuada através da análise do coeficiente da taxa de discriminação paralela (TDP). O coeficiente da TDP foi obtido por meio do produto entre os valores dos coeficientes canônicos padronizados (CCP) e os valores dos coeficientes de correlação canônica (r). No coeficiente da TDP, valores de caracteres positivos indicam efeito de separação entre os acessos, sendo que os caracteres com os maiores valores apresentam maior peso na separação entre os acessos de feijão.

Valores negativos expressam efeito de supressão dos caracteres na separação entre os acessos avaliados, ou seja, expressam semelhanças entre os caracteres, conforme descrito por CRUZ-CASTILLO et al. (1994).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resultado da análise de variância univariada é apresentado na tabela 1. Diferenças significativas foram encontradas entre os acessos em relação à maioria dos caracteres, com exceção do rendimento de grãos, da altura de inserção do primeiro legume, da espessura do legume, do número de ramos com legume e do número de hastes.

Após a avaliação de 12 variáveis canônicas, observou-se que as três primeiras explicaram 83% da variação global (Tabela 2), as quais foram utilizadas para indicar os caracteres de maior ou menor importância. Em adição, observou-se que alguns caracteres promoveram uma melhor separação entre os acessos, representada pelo valor absoluto maior e positivo em comparação com outros caracteres que causaram um efeito de supressão na separação dos acessos (Tabela 3).

A análise univariada em comparação à multivariada mostrou que alguns caracteres não foram significativos previamente, podendo mudar sua importância relativa se analisados inter-relacionados, como foi o caso do rendimento de grãos, da espessura do legume, do número de ramos com legumes e do número de hastes, os quais apresentaram função discriminante canônica positiva em pelo menos uma das três primeiras variáveis (Tabela 3). Isso indica a

Tabela 1 - Resumo da análise de variância univariada de 12 caracteres de importância agrônômica em 20 acessos de feijão comum. Lages, SC, 2006.

Caracteres	Quadrado médio		Média geral	CV (%)
	Acessos	Erro		
Peso de cem sementes (g)	244,8*	11,9	32,7	10,7
Rendimento grãos (kg ha ⁻¹)	2582722,0	1519354,0	2707,0	25,0
Espessura do caule (mm)	2,8*	0,8	4,3	21,5
Altura de inserção do primeiro legume (cm)	4,5	4,1	11,7	17,2
Número de racemos com legume por planta	37,2*	13,5	8,7	32,5
Número de legumes por planta	92,4*	23,2	11,7	31,0
Comprimento do legume (cm)	2,4*	1,3	9,7	11,9
Espessura do legume (mm)	1,8	2,0	7,3	19,0
Número de ramos com legume	3,9	3,2	4,4	30,7
Número de nós	11,9*	2,8	8,2	20,7
Número de hastes	1,6	1,0	1,7	48,0
Número de sementes por legume	1,4*	0,2	4,4	10,5

* significativo pelo teste F a 5% de probabilidade de erro.

Tabela 2 - Variâncias, variâncias percentuais e acumuladas das variáveis canônicas obtidas de 12 caracteres avaliados em 20 acessos de feijão comum. Lages, SC, 2006.

Variáveis	Variâncias				Pr>F
	Variáveis canônicas	Diferença	Proporção	Cumulativa	
1	22,84	18,27	0,644	0,644	0,0001
2	4,57	2,54	0,129	0,773	0,0045
3	2,02	0,22	0,057	0,830	0,1227
4	1,81	0,11	0,051	0,881	0,3242
5	1,69	0,97	0,047	0,929	0,6572
6	0,72	0,11	0,020	0,949	0,9480
7	0,61	0,11	0,017	0,966	0,9705
8	0,50	0,16	0,014	0,981	0,9864
9	0,34	0,13	0,009	0,990	0,9958
10	0,21	0,11	0,006	0,996	0,9985
11	0,09	0,06	0,003	0,999	0,9998
12	0,04	0,00	0,001	1,000	0,9942

importância da análise multivariada em considerar determinados caracteres importantes quando analisados em conjunto (SINGH, 1981).

Ao analisar os escores canônicos padronizados para as três primeiras funções, notou-se que o caráter que apresentou maior valor positivo para a variável canônica 1 foi o peso de 100 sementes. Isto coincide com o coeficiente de TDP obtido para este caráter (Tabela 3), demonstrando que este caráter foi o de maior peso na separação dos acessos (0,9269). Coeficientes de TDP positivos, porém menores, em torno de 0,10, foram obtidos para espessura do legume, comprimento do legume e rendimento de grãos ($\pm 0,1$). Já os demais caracteres apresentaram um efeito de supressão na separação dos acessos avaliados. Destes, os menos discriminantes foram o número de racemos com legumes por plantas, sucedido por:

número de legumes por planta e espessura do caule. Tais caracteres são pouco relevantes em estudos de divergência genética e identificação de duplicidade na coleção de germoplasma avaliada. Outros autores também encontraram o peso de 100 sementes como o principal efeito de separação entre acessos de feijão (SINGH, 1981; FONSECA & SILVA 1999), possivelmente por ser um caráter de herança qualitativa, pouco influenciado pelo ambiente e controlado por poucos genes (RAMALHO et al., 1993).

A produtividade, apesar de se enquadrar como um caráter importante na separação dos acessos, teve baixo fator discriminante, o que pode ser explicado pela alta heterogeneidade produtiva observada entre os genótipos crioulos de uma maneira geral. Este caráter poderia ser um fator discriminante mais importante entre populações mais uniformes em termos de segregação

Tabela 3 - Escores canônicos padronizados para as três primeiras funções discriminantes canônicas (FDC) entre os 12 caracteres originais e as três principais variáveis canônicas e o coeficiente da taxa de discriminação paralela (TDP) para a função canônica discriminante 1, referente às análises dos acessos. Lages, SC, 2006.

Caracteres	Can1	Can2	Can3	TDP
Peso de cem sementes (g)	0,9469	0,1410	0,1042	0,9269
Rendimento grãos (kg ha ⁻¹)	0,1261	0,0288	-0,3910	0,1142
Espessura do caule (mm)	-0,4366	0,4042	-0,4052	-0,3572
Altura de inserção do primeiro legume (cm)	-0,1497	-0,0264	-0,2984	-0,1201
Número de racemos com legume por planta	-0,5177	0,3847	-0,3142	-0,4106
Número de legumes por planta	-0,6069	0,3852	-0,2517	-0,3927
Comprimento do legume (cm)	0,1692	-0,2402	0,4217	0,1040
Espessura do legume (mm)	0,2867	-0,0822	-0,1920	0,1653
Número de ramos com legume	-0,1582	0,3665	-0,2644	-0,0799
Número de nós	-0,4943	0,2314	-0,3241	-0,2062
Número de hastes	-0,2336	0,2601	-0,1472	-0,0693
Número de sementes por legume	-0,8319	0,1708	0,0737	-0,1585

genética relativa ao rendimento de grãos. Contudo, observaram-se produtividades elevadas e diferentes entre os acessos; por exemplo, BAF 42, BAF 46, BAF 47 e BAF 57 atingiram 3.500 a 4.000kg ha⁻¹, sendo que o rendimento médio de grãos entre os acessos foi de 2.707kg ha⁻¹. As produtividades médias encontradas nos acessos de feijão avaliados situaram-se acima da produtividade média alcançada no Brasil, em torno de 800kg ha⁻¹ (CONAB, 2006). Em parte, a obtenção desse elevado rendimento de grãos foi decorrente das condições favoráveis de ambiente na região durante a condução do experimento. Os dados de produtividade revelaram a existência de elevada variabilidade entre os acessos de feijão avaliados quanto ao potencial produtivo.

Entre os caracteres que apresentaram maior supressão na separação dos acessos, os três primeiros, ou seja, o número de racemos com legume por planta, o número de legumes por planta e a espessura do caule apresentaram valores semelhantes nos acessos avaliados, razão pela qual não contribuíram na discriminação dos genótipos.

Os quatro descritores que apresentaram maior coeficiente da TDP na função canônica discriminante 1 (peso de 100 sementes, espessura do

legume, comprimento do legume e rendimento de grãos) foram utilizados para realizar a análise de agrupamento e a construção do dendrograma, visando à avaliação da divergência genética (Figura 1).

Os acessos foram separados em dois grandes grupos, considerando o coeficiente médio de dissimilaridade de 16,8 e o coeficiente de correlação cofenética (r) foi de 0,83, o que indica confiabilidade entre a matriz de dissimilaridade e a representação gráfica obtida (SOKAL & ROHLF, 1962). Os acessos do primeiro grupo (BAF 03, 110, 51, 58, 04, 39, 64, 57, 63, 47, 23, 33 e 46), com exceção do BAF 03, 110, 51, 58 e 64, apresentaram peso médio de 100 sementes igual ou superior a 37g, e BAF 04, 39, 36, 47, 23, 33, 46 com peso superior a 40g. Já os acessos do segundo grupo (BAF 10, 56, 40, 44, 13, 19, 42) foram bem distintos dos demais, com peso médio de cem sementes igual ou inferior a 20g. Estes resultados concordam com SINGH (1981) e FONSECA & SILVA (1999), os quais utilizaram o tamanho de grãos como principal característica para agrupar o feijoeiro em conjuntos gênicos. Além disso, os genótipos discriminados no presente trabalho fornecem indicativos da presença de genótipos de diferentes centros de origem. Genótipos com peso de 100 sementes inferior a 25g pertencem possivelmente

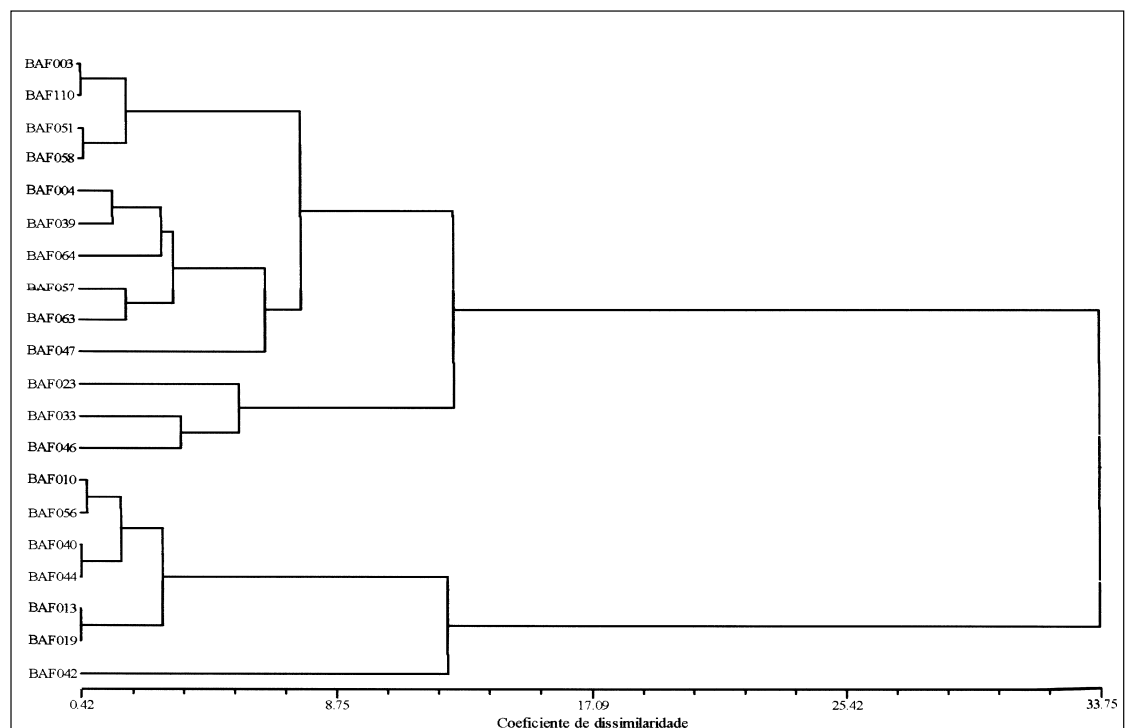


Figura 1 - Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 20 acessos de feijão comum, obtido pelo método hierárquico aglomerativo da distância média entre acessos, utilizando Mahalanobis como medidas de dissimilaridade. Lages, SC, 2006.

ao centro Mesoamericano e com peso superior a 37g ao Andino (GEPTS & BLISS, 1986). Em adição, em trabalhos conduzidos em paralelo, verificou-se a presença da faseolina do tipo "T", característica do centro Andino, nos acessos com maior peso de 100 sementes, e o tipo "S", que caracteriza o centro Mesoamericano, nos acessos de menor peso (PEREIRA et al., 2006).

Outro indicativo da diversidade genética encontrada é a comparação entre os acessos e as variedades comerciais para o peso de 100 sementes, por exemplo, a variedade Guará (BAF 110) apresentou em média 28g e, nos acessos, este caráter foi altamente variável (19 a 47g).

Para os demais caracteres, espessura do legume, comprimento do legume e rendimento de grãos, não se observou uma discriminação tão acentuada como foi observado com o peso de 100 sementes. No primeiro grupo, a espessura do legume mostrou variações de 6,53 a 8,81mm (BAF 63 e BAF 33) e, no segundo grupo, de 5,3 a 7,8mm (BAF 56 e BAF 13); comprimento do legume foi de 8,9 a 12cm (BAF 58 e BAF 23) no primeiro grupo, e, no segundo grupo, de 8,65 a 10,3cm (BAF 42 e BAF 13). Com o rendimento de grãos a amplitude de valores foi elevada; no primeiro grupo, foi de 1.251 a 4.000 kg ha⁻¹ (BAF 64 e BAF 47) e no tendo sido, portanto, segundo de 1344 a 3990kg ha⁻¹ (BAF 44 e BAF 42), mas semelhante em ambos os grupos. Tais resultados podem ser explicados pelo baixo coeficiente de TDP, que foi observado para cada um destes caracteres (Tabela 3).

CONCLUSÕES

Uma significativa divergência foi observada entre os 20 acessos avaliados, na qual o peso de 100 sementes foi o caráter de maior relevância na separação dos acessos.

Os acessos BAF 42, BAF 46, BAF 47 e BAF 57 apresentaram elevada produtividade, o que potencializa a incorporação de tais acessos em programas de melhoramento da cultura do feijão. Contudo, esses acessos necessitam de caracterizações quanto à estabilidade de produção, à resistência a doenças, e à qualidade tecnológica e nutricional dos grãos.

AGRADECIMENTO

Os autores agradecem a CAPES (Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pelo apoio

financeiro via PRODOC (Programa de apoio a Projetos Institucionais), concedido ao primeiro autor (C.M.M. Coelho).

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgard Blucher, 1971. 381p.
- ANUÁRIO ABRASEM 2003. **Associação Brasileira de Sementes e Mudanças**. Brasília, 2003. 164p.
- CARBONELL, S.A.M. et al. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantia**, Campinas, v.62, n.3, p.369-379, 2003.
- COELHO, C.M.M. et al. Dynamics of inositol phosphate pools (tris-, tetrakis- and pentakisphosphate) in relation to the rate of phytate synthesis during seed development in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Plant Physiology**, Leipzig, v.162, n.1, p.1-9, 2005.
- CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). **Série histórica de grãos de 1976/77 a 2005/06. Capturado em 25 de ago. 2006**. Online. Disponível na Internet <http://www.conab.gov.br/download/safra/FeijaoTotalSerieHist.xls>.
- COMISSÃO DE QUÍMICA E FERTILIDADE DO SOLO - RS/SC. **Manual de adubação e calagem para os Estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina**. 10.ed. Porto Alegre: SBRS - Núcleo Regional Sul/UFRGS, 2004. 400p.
- CORDEIRO, A.; MARCATTO, C. Milho: a volta das variedades crioulas. In: GAIFANI, A.; CORDEIRO, A. (Org). **Cultivando a diversidade: recursos genéticos e segurança alimentar**. Rio de Janeiro: Assessoria e Serviços a Projetos em Agricultura Alternativa, 1994. 205p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 579p.
- CRUZ-CASTILLO, J.G. et al. Applications of canonical discriminant analysis in horticultural research. **Hortscience**, Alexandria, v.29, p.1115-1119, 1994.
- EPAGRI. **Atlas climatológico do Estado de Santa Catarina**. Capturado em 20 Set. 2006. Online. Disponível na Internet <http://ciram.epagri.rct-sc.br>.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivars development**. New York: Macmillan, 1987. 536p.
- FONSECA, J.R.; SILVA, H.T. da. Identificação de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.3, p.409-414, 1999.
- GEPTS, P.; BLISS, F.A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from Colombia. **Economic Botany**, New York, v.40, p.469-478, 1986.
- IPGRI. **Descritores para Phaseolus vulgaris** L. Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 2001. 45p.

LOARCE, Y. et al. A comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, Wageningen, v.88, p.107-115, 1996.

PEREIRA, T. et al. Variabilidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) associada ao perfil total de proteínas de reserva. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA 52.; CONGRESSO DE LA ASOCIACION LATINOAMERICANA DE GENÉTICA 12., 2006, Foz do Iguaçu, PR. **Anais...** Foz do Iguaçu: Sociedade Brasileira de Genética, 2006. 1CD.

RAMALHO, M.A.P. et al. **Genética quantitativa de plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

RODRIGUES, J.A. et al. Correlação entre absorção de água e tempo de cozimento em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.1, p.209-214, 2005.

RODRIGUES, L.S. et al. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.9, p.1275-1284, 2002.

ROHLF, F.J. **NTSYS-pc**: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. New York: Exeter Software, 2000. 38p.

SAS Institute. **SAS certification prep guide: base programming**. Cary, NC, 2004. v.6, 836p.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, New Delhi, v.41, n.2, p.237-245, 1981.

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