

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E IMPORTÂNCIA RELATIVA DE CARACTERES EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM DO GRUPO CARIOCA

Paulo Henrique Moron Pereira Leite¹; Valvenarg Pereira da Silva²; Ronaldo Costa Lacerda¹; Bruno Wagner Zago²; Leonarda Grillo Neves¹ e Marco Antonio Aparecido Barelli¹

¹ Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Departamento de Agronomia, Campus de Cáceres. Av. Santos Dumont, s/n, CEP: 78200-000, Bairro: Santos Dumont, Cáceres, MT, Brasil. E-mail: pmmoron@gmail.com, lacerda_rc@hotmail.com, leonardaneves@unemat.br, mbarelli@unemat.br

² Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade Amazônica e Biotecnologia, Rede Bionorte - Av. Santos Dumont, s/n, CEP: 78200-000, Bairro: Santos Dumont, Cáceres, MT, Brasil. E-mail: silvabiologo@hotmail.com, brunowzago@hotmail.com

RESUMO: O melhoramento genético de feijoeiro baseia-se quase que exclusivamente na hibridação de genótipos divergentes. Neste sentido, a presente pesquisa teve como objetivo verificar a divergência genética em cultivares e linhagem de feijão comum do grupo carioca e avaliar a importância relativa de caracteres na determinação dessa diversidade. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições. Os dados foram submetidos a análise de variância, seguido pelo teste de comparação de média Tukey, foi utilizado o método aglomerativo de otimização de Tocher e variáveis canônicas fundamentados na distância generalizada de Mahalanobis e importância relativa dos caracteres. Houve diferenças significativas a 1% de probabilidade para as características FLORESC, ALTP, ALTINS, CLMV e a 5 % para as características NMSV, PMS, para as características CICLO, NMVP, NMSP e PG, não foram encontradas diferenças significativas pelo teste F. O método de Tocher ordenou os genótipos mais divergentes em seis grupos distintos. O caráter comprimento longitudinal médio das vagens apresentou a maior contribuição relativa para a dissimilaridade genética total. Os resultados obtidos permitiram identificar a existência de variabilidade quanto às características agrônomicas avaliadas, constituindo potenciais fontes de interesse para o uso em cruzamentos em programa de melhoramento.

PALAVRAS-CHAVE: Phaseolus vulgaris L., análise multivariada, variabilidade genética.

GENETIC DIVERGENCE AND IMPORTANCE RELATIVE OF CHARACTERS IN COMMON BEAN GENOTYPES OF THE CARIOCA GROUP

ABSTRACT: Genetic improvement of common bean is based almost exclusively on the hybridization of divergent genotypes. In this regard, this research aimed to verify the genetic divergence in cultivars and lineage of common bean group carioca, and to evaluate the relative importance of characters determining the diversity. The experiment was conducted in a randomized block design with three replicates. The data were submitted to analysis of variance, followed by the Tukey's test for comparing means, Tocher optimization method and canonical variables based on the generalized Mahalanobis distance and relative importance of characters. There were significant differences at 1% probability for the characteristics FLORESC, ALTP, ALTINS and CLMV and at 5% for NMSV and PMS. The characteristics CICLO, NMVP, NMSP and PG did not show significant difference by the F test. Tocher's method ordered the most divergent genotypes into six distinct groups. The characteristic longitudinal length of pods presented the highest relative contribution to total genetic dissimilarity. The results allowed to identify the existence of variability regarding the

agronomic characteristics evaluated, constituting potential sources of interest for cross-breeding in genetic improvement programs.

KEY WORDS: Phaseolus vulgaris L., multivariate analysis, genetic variability

INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de elevada expressão social, econômica e de grande importância alimentar, constituindo a principal fonte de proteína para a população brasileira, é uma cultura produzida em todo o território nacional (Tsutsumi et al., 2015). Entre os tipos de grãos cultivados e consumidos no Brasil destacam os feijões do grupo carioca, preto, vermelho, mulatinho e manteigão, com ênfase ao feijão do tipo carioca que ocupa o primeiro lugar em consumo acima de 70 % e área cultivada de aproximadamente 45 % em comparação aos demais tipos de feijão (Pereira et al., 2012; Conab, 2017).

Em função da grande aceitação do feijão do tipo carioca no cenário nacional, os programas de melhoramento de feijão concentram seus esforços, principalmente no desenvolvimento de cultivares com grãos deste tipo (Ribeiro e Storck, 2003; Barili, 2015). Sendo que até meados da década de 90 a cultivar “Carioca” e posteriormente a cultivar “Pérola” foram amplamente utilizadas como genitoras nos programas de melhoramento, gerando germoplasma aparentado (Abreu et al., 1994; Ribeiro e Storck, 2003).

Como o melhoramento genético de feijoeiro se baseia quase que exclusivamente na hibridação de cultivares e linhagens divergentes, o estudo da divergência genética tem sido de grande importância em programas de melhoramento, uma vez, que fornecem informações e identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitam maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes (Elias et al., 2007; Rocha et al., 2014).

Dentre as formas de se estimar a divergência genética o uso de métodos preditivos como a análise multivariada é uma opção viável para a escolha de genitores contrastantes para a formação de populações segregantes (Moreira et al., 1994). Sendo que o conhecimento da diversidade genética entre as cultivares é importante para subsidiar programas de melhoramento genético de feijoeiro, possibilitando explorar a variabilidade existente. A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética tem se tornado comum, e utilizada por diversos pesquisadores (Bonett et al., 2006; Ceolin et al., 2007; Barelli

et al., 2009; Morales et al., 2013; Hegay et al., 2014; Poletine et al 2016; Gonçalves et al 2016).

Em vista do exposto, e sabendo que a utilização de genitores não divergentes ou similares reduzem as chances de obtenção de progressos na geração de híbridos e populações segregantes a presente pesquisa teve como objetivo verificar a divergência genética em cultivares e linhagem de feijão comum do grupo carioca e avaliar a importância relativa de caracteres na determinação dessa diversidade.

MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na unidade experimental da Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (EMPAER), no município de Cáceres-Mato Grosso (16°13'42"S e 57°40'05"W), com altitude de 118 m. O solo é classificado como Argissolo Vermelho Amarelo Eutrófico Chernossólico (Arantes et al., 2012). Segundo a classificação de Köppen, a região apresenta clima tropical quente e úmido (Awa), com duas estações bem distintas, período de chuva de outubro a março e regime de seca de abril a novembro (Neves et al., 2011).

Foram avaliados 14 cultivares e linhagens de feijão comum do grupo carioca: Pérola, Magnífico, BRS Pontal, Iapar 81, CNFC 10408, CNFC 10410, CNFC 10429, CNFC 10431, CNFC 10432, CNFC 10438, CNFC 10444, CNFC 10455, CNFC 10467, CNFC 10470. Todas oriundos do ensaio de Valor de Uso e Cultivo (VCU) do Centro Nacional de Pesquisa Arroz e Feijão (CNPAP/EMBRAPA).

O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso, com três repetições, e a unidade experimental composta por quatro fileiras de 4 m de comprimento, espaçadas de 0,50 m e com densidade de 8 sementes por metro linear, como área útil foram avaliadas as plantas das linhas centrais. Durante a condução do experimento foram efetuados os tratamentos culturais indicados para a cultura do feijão.

Os dez caracteres agronômicos avaliados foram: número de dias para o florescimento (FLORESC): obtido pela contagem do número de dias, desde a semeadura até à abertura completa da primeira flor em 50% das plantas em cada tratamento; Ciclo da planta (CICLO): obtido pela razão entre o número de dias da semeadura até o período final da cultura, das plantas em cada tratamento; Altura média final das plantas (ALTP): expressa em cm, obtido pela razão entre a medição, com uma trena, da base do solo até a parte mais alta da planta, em uma amostra aleatória de cinco plantas por tratamento; Altura média da inserção da primeira

vagem (ALTINS): expressa em cm, obtido pela razão entre a medição, com uma trena, da base do solo até a inserção da primeira vagem, em uma amostra aleatória de cinco plantas por tratamento; Comprimento longitudinal médio das vagens (CLMV): expresso em cm, obtido pela medição, com uma fita métrica, de uma extremidade longitudinal a outra da vagem, em uma amostra aleatória de dez vagens de cada tratamento; Número médio de vagens por planta (NMVP): obtida pela média de vagens por planta, em uma amostra aleatória de cinco plantas, em cada tratamento; Número médio de sementes por planta (NMSP): obtido pela razão entre o número total de sementes produzidas em uma amostra aleatória de cinco plantas, por unidade experimental; Número médio de sementes por vagem (NMSV): obtido pela razão entre o número total de sementes e o número total de vagens produzidas por planta, em uma amostra aleatória de cinco plantas, em cada tratamento; Peso médio de sementes (PMS): expresso em gramas, obtido pela pesagem de uma amostra de 100 grãos de cada tratamento e Produção de grão (PG): expresso em gramas, obtido pela pesagem da produção total de uma amostra aleatória de cinco plantas, por unidade experimental.

Os dados foram submetidos à análise de variância univariada para constatar a existência de variabilidade entre as cultivares, pelo teste de F. No estudo da divergência genética, a medida de dissimilaridade foi estimada por meio da distância generalizada de *Mahalanobis* (D^2). Com base nesta matriz de dissimilaridade genética, foi gerado o método de otimização de Tocher e análises de variáveis canônicas. Utilizou-se, também, o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa das características para a divergência genética. Todas as análises foram realizados com o auxílio do aplicativo computacional estatístico GENES (Cruz, 2013).

RESULTADO E DISCUSSÃO

Na tabela 1, são apresentados os quadrados médios para efeitos de blocos, genótipos e de resíduos provenientes da análise de variâncias para as 10 características avaliadas. Os quadrados médios indicam diferenças significativas entre os genótipos avaliados, ao nível de 1 % para os caracteres FLORESC, ALTP, ALTINS, CLMV e a 5 % para os caracteres NMSV, PMS pelo teste F, este fato indica que existe variabilidade genética entre os genótipos avaliadas. Para os caracteres CICLO, NMVP, NMSP e PG não foram encontradas diferenças estatísticas. Resultados semelhantes foram encontrados por Ribeiro e Storck (2003), para os caracteres ciclo, número médio de vagens e número de sementes por plantas.

Observou-se precisão experimental baixa a média segundo Pimentel Gomes (2009), para a influência ambientais no experimento, tendo em vista que o (CV), foi inferior a 20%, excetuando as características NMSP E PG (Tabela 1). Resultados semelhantes com altos valores do coeficiente de variação para as características NMSP E PG, também foram demonstrando em outras pesquisas, conforme pode ser observado em trabalho realizado por Elias et al. (2007) e Barelli, et al. (2009), para a característica número médio de sementes por plantas e por Santos et al. (2015), para a característica PG. O fato de valores altos para estas características é explicado devido essas características serem fortemente influenciadas pelo meio ambiente.

Na tabela 2 são apresentadas as médias obtidas pelos genótipos para os caracteres avaliados. Observa-se que os genótipos analisados apresentaram florescimento médio entre 44,00 a 47,66 dias, em que a cultivar FTS Magnífico se apresentou como a cultivar com florescimento mais tardio, no entanto não diferenciando estatisticamente dos genótipos Pérola, BRS Pontal, IAPAR 81, CNFC 10432, CNFC 10438, CNFC 10444, CNFC 10455 e CNFC 10467. Resultados semelhantes foram obtidos por Correa et al. (2015), para os genótipos BRS Pontal, IAPAR 81, CNFC 10467, CNFC 10408 em que valores circundaram entre 46.70 a 48.70 dias.

Em relação à altura de plantas os genótipos avaliados apresentaram altura variando de 49,26 cm (linhagem CNFC 10408) à 66,06 cm (cultivar IAPAR 81). Esses resultados assemelham-se com obtidos Sulzbacher et al. (2017), em que a altura das cultivares e linhagens analisadas variaram entre 58,07 a 67,00 cm e com resultados de Gonçalves et al. (2016) com altura de plantas variando de 40,53 a 61,7 cm avaliando acessos tradicionais de feijão comum, ambos trabalhos realizados na mesma região da presente pesquisa.

Para a características altura da inserção da primeira vagem (Tabela 2), a cultivar IAPAR 81 apresentou o melhor resultado com altura média de inserção da primeira vagem ocorrendo a 16,73 cm do solo, enquanto que, a linhagem CNFC 10410 obteve a menor inserção de primeira vagem à 11,46 cm do solo, apenas esta linhagem não apresentou resultados satisfatório para esta características, tendo em vista que, Oliveira et al. (2014), destaca que valores satisfatórios devem estar acima de 12 cm, uma vez que facilita a colheita mecanizada, neste sentido, como os demais materiais não difeririam estatisticamente da cultivar com melhor resultados os demais genótipos avaliados apresentam resultados aceitáveis para esta característica. Gonçalves et al., (2016), enfatiza ainda que quanto mais alto estiverem inseridas as primeiras vagens, menores serão as perdas causadas, além de

estarem menos susceptíveis a ocorrências de doenças fúngicas, por reduzir o contato delas com a umidade do solo.

Quanto à característica comprimento longitudinal médio das vagens os valores médios ficaram entre 9,25 a 11,91 cm, em que cultivar PÉROLA apresentou o melhor resultado, no entanto não diferindo estatisticamente das cultivares BRS Pontal, IAPAR 81 e das linhagens CNFC 10467 e CNFC 10470 (Tabela 2). No que tange o número médio de sementes por vagem (Tabela 2), a linhagem CNFC 10438 apresentou melhor desempenho, apesar de não diferir significativamente das demais genótipos que apresentaram média superior a 5,40 sementes por vagem, apenas a linhagem CNFC 10444 obteve média inferior à citada acima.

Tabela 1 – Significância dos Quadrados Médios (QM) e coeficientes percentuais da variação experimental, para as dez características avaliadas em 14 genótipos de feijoeiro do grupo carioca, Cáceres-Mato Grosso

Quadrados Médios ^{1/}											
FV	GL	FLORESC	CICLO	ALTP	ALTINS	CLMV	NMVP	NMSP	NMSV	PMS	PG
Blocos	2	0,92	0,30	210,50	6,26	0,35	8,46	596,35	1,69	6,03	279,66
Genótipos	13	2,51**	0,69 ^{ns}	67,70**	10,06**	2,32**	39,84 ^{ns}	1706,03 ^{ns}	0,36*	6,04*	1213,60 ^{ns}
Resíduo	26	0,44	1,02	15,57	3,05	0,14	30,49	1245,46	0,12	2,41	1153,02
Média		46,00	76,55	58,09	14,33	10,41	29,07	167,72	5,77	21,72	145,19
CV (%)		1,44	1,32	6,79	12,20	3,60	19,00	21,04	6,16	7,16	23,38

^{1/} FLORESC= número de dias para florescimento; CICLO: número de dias para colheita; ALTP= altura média da planta; ALTINS= altura média de inserção da primeira vagem; CLMV= comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP= número médio de vagens por planta; NMSP= número médio de sementes por planta; NMSV= número médio de sementes por vagem; PMS= peso médio de 100 sementes; PG= produção de grão.

** , * significativos, respectivamente nos níveis de 1% e 5% de probabilidade, pelo teste F.

^{ns} não significativo pelo teste F.

Tabela 2 – Análise comparativa de médias dos 14 genótipos de feijão comum do grupo carioca, em relação às nove características avaliadas

<i>Médias^{1/} das características^{2/} avaliadas</i>										
<i>Genótipos^{3/}</i>	FLORESC	CICLO	ALTP	ALTINS	CLMV	NMVP	NMSP	NMSV	PMS	PG
PÉROLA	46,00 abc	76,66 a	62,25 ab	14,26 ab	11,91 a	27,95 a	159,10 a	5,66 ab	23,13 ab	135,13 a
MAGNÍFICO	47,66 a	77,33 a	61,06 abc	16,00 ab	10,41 bcde	22,33 a	123,76 a	5,60 ab	21,51 ab	98,55 a
BRS PONTAL	46,66 ab	76,66 a	53,80 bc	13,20 ab	10,86 abcd	27,93 a	177,42 a	6,40 a	22,25 ab	152,16 a
IAPAR 81	46,66 ab	76,00 a	66,06 a	16,73 a	11,18 abc	33,20 a	195,05 a	5,86 ab	22,18 ab	159,78 a
CNFC 10408	44,00 d	77,33 a	49,26 c	16,33 ab	9,86 def	28,26 a	163,84 a	5,76 ab	22,00 ab	152,18 a
CNFC 10410	44,66 cd	76,00 a	51,46 bc	11,46 b	9,80 def	32,20 a	176,55 a	5,46 ab	22,13 ab	161,20 a
CNFC 10429	45,33 bcd	76,66 a	63,26 ab	14,80 ab	10,30 bcdef	22,33 a	125,77 a	5,63 ab	20,93 ab	116,51 a
CNFC 10431	45,66 bcd	76,00 a	61,00 abc	11,93 ab	9,40 ef	29,20 a	159,10 a	5,46 ab	20,55 ab	123,85 a
CNFC 10432	46,00 abc	77,00 a	59,20 abc	13,23 ab	9,63 ef	31,60 a	189,04 a	6,00 ab	20,08 b	158,13 a
CNFC 10438	46,33 abc	76,66 a	57,93 abc	16,46 ab	10,16 cdef	29,20 a	189,04 a	6,50 a	20,11 b	159,93 a
CNFC 10444	46,66 ab	76,00 a	53,40 bc	12,56 ab	9,25 f	31,93 a	169,91 a	5,26 b	22,73 ab	140,38 a
CNFC 10455	46,33 abc	76,66 a	59,80 abc	12,46 ab	9,86 def	31,00 a	177,05 a	5,73 ab	21,43 ab	152,00 a
CNFC 10467	46,33 ab	76,66 a	58,13 abc	15,26 ab	11,30 ab	33,93 a	199,40 a	5,90 ab	19,86 b	170,26 a
CNFC 10470	45,66 bcd	76,00 a	56,66 abc	15,86 ab	11,90 a	25,93 a	142,96 a	5,53 ab	25,13 a	152,60 a

^{1/}Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente a 1% de probabilidade pelo teste Tukey. ^{2/}FLORESC= número de dias para florescimento; CICLO: número de dias para colheita; ALTP= altura média da planta; ALTINS= altura média de inserção da primeira vagem; CLMV= comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP= número médio de vagens por planta; NMSP= número médio de sementes por planta; NMSV= número médio de sementes por vagem; PMS= peso médio de 100 sementes; PG= produção de grão.

Estes resultados assemelham-se aos obtidos por Correa e Gonçalves (2012), em pesquisa realizada no município de Aquidauana em Mato Grosso do Sul, no cultivo “da seca”, na avaliação de linhagem e cultivares em que os valores médios de semente por vagem foram de 4,67 para a cultivar IAPAR 14 e 6,33 para linhagem CNFv 8025.

Os genótipos avaliados apresentaram valores muito próximos em relação a características peso de 100 sementes com valores variando de 25,13 a 19,86 g, com peso médio geral de 21,72 g, com apenas as linhagens CNFC 10432, CNFC 10438 e CNFC 10467 se diferenciando estatisticamente do material com melhor resultado. Tais resultados são superiores aos obtidos por Ribeiro e Storck (2002), tendo em vista que o seu conjunto de genótipos avaliados apresentou média geral de 100 sementes de 19,86 g, com o peso variando de 16,16 a 25,68 g.

De acordo com os resultados da análise de agrupamento dos genótipos pelo método de otimização de Tocher, observou-se que houve formação de seis grupos (Tabela 3). Verificou-se que o maior número de genótipos pertenceu ao grupo I, com cinco dos 14 genótipos avaliados. Os grupos II, III IV e V foram formados por dois genótipos cada, o grupo VI foi composto por apenas um genótipo. Pesquisas realizadas por Bonett et al. (2006), avaliando a divergência genética entre 63 cultivares crioulas de feijão comum coletadas no Estado do Paraná, o método de agrupamento de Tocher também apresentou grande variabilidade dos genótipos avaliados, formando grupos distintos, onde a grande maioria dos genótipos foram inseridas no primeiro grupo e alguns genótipos isolados nos demais grupos distintos.

Tabela 3 - Grupo de genótipos de feijão comum com padrões de comportamento similar, estabelecido pelo método de Tocher, Cáceres-Mato Grosso

Grupos	Genótipos
I	CNFC 10431, CNFC 10444, CNFC 10432, CNFC 10455, CNFC 10438
II	PÉROLA e CNFC 10470.
III	MAGNÍFICO e CNFC 10429.
IV	CNFC 10408 e CNFC 10410.
V	IAPAR 81 e CNFC 10467.
VI	BRS PONTAL.

Quanto à análise por variáveis canônicas, as duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) foram suficientes para explicar 85,01% da variância genética dos cultivares (Tabela 4). Krause et al. (2009) também observaram que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram aproximadamente 80% da variação total. Coelho et al. (2007), avaliando a diversidade genética entre genótipos de feijão através de variáveis canônicas observaram que

as três primeiras variáveis explicaram 83 % da variação total. Cruz et al. (2014), enfatizam que as variáveis canônicas são satisfatórias no estudo da divergência genética e deve ser utilizada, apenas quando, em duas ou três variáveis canônicas, é explicado mais de 80% da variação total.

Tabela 4 - Autovalores (λ_i) correspondentes às percentagens de variação, explicadas pelas Variáveis Canônicas (VCi)

VCi	Autovalores	
	Autovalores (λ_i)	Acumulado (%)
VC 1	72,08	72,08
VC 2	12,93	85,01
VC 3	6,33	91,35
VC 4	4,07	95,42
VC 5	1,78	97,21
VC 6	1,32	98,53
VC 7	0,82	99,36
VC 8	0,48	99,84
VC 9	0,13	99,97
VC 10	0,02	100,0

Com referência à importância relativa dos caracteres (S_{ij}) na dissimilaridade genética dos genótipos avaliados, segundo a metodologia de Singh (1981), a características que mais contribuiu foi comprimento longitudinal médio das vagens (41,62%), seguindo das características número médio de sementes por planta e número médio de vagens por planta com 16,96 e 14,32%, respectivamente (Tabela 5). Resultados divergentes foram obtidos por Cabral et al. (2011) que em estudos de 57 acessos de feijoeiros as características número de vagem por plantas e número de sementes de plantas contribuíram apenas 0,392 e 0,624%, respectivamente para explicar a diversidade genética em seu conjunto de acessos.

Os caracteres que menos contribuíram para a distinção dos genótipos foram ciclo da cultura e altura média de inserção da primeira vagem, tais caracteres apresentaram valores semelhantes nos genótipos avaliados, desta maneira não contribuindo para o estudo da diversidade genética. Diferentemente dos resultados da presente pesquisa o caractere ciclo da cultura apresentou grande relevância no estudo da diversidade genética em pesquisa realizado por Bonett, et al. (2006) e Cabral et al. (2011). Esta diferença entre os resultados desta pesquisa aos encontrados pelos autores supracitados acima para o caractere ciclo da cultura está relacionado a dois fatores, o primeiro que estes autores realizaram suas pesquisas com acessos e o segundo que os genótipos da presente pesquisa são linhagem e cultivares, ou seja,

sendo que neste caso está característica esta mais homogênea no processo de melhoramento genético destes genótipos estudados.

Tabela 5 - Contribuição relativa dos dez caracteres agrônômicos para a divergência genética entre 14 cultivares de feijão comum do grupo carioca, Cáceres-Mato Grosso

Caracteres Avaliados ^{1/}	S.j	Contribuição (%)
CLMV	4312.833259	41,62
NMSP	1757.457631	16,96
NMVP	1484.073494	14,32
NMSV	819.017576	7,90
ALTP	476.923385	4,60
FLORESC	416.262635	4,01
PG	394.40079	3,80
PMS	344.656081	3,32
ALTINS	285.402844	2,75
CICLO	69.490042	0,67

^{1/}FLORESC= número de dias para florescimento; CICLO: número de dias para colheita; ALTP= altura média da planta; ALTINS= altura média de inserção da primeira vagem; CLMV= comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP= número médio de vagens por planta; NMSP= número médio de sementes por planta; NMSV= número médio de sementes por vagem; PMS= peso médio de 100 sementes; PG= produção de grão.

Fato recorrente na literatura como pode ser observado em trabalhos de Coelho et al. (2010), Cabral et al. (2011) e Correa e Gonçalves (2012) é que variável peso de 100 sementes contribuía significativamente na separação dos genótipos de feijão comum, no entanto na presente pesquisa o valor de contribuição relativa do caractere mostrou-se baixo, os autores elencam tal valores que o conjunto de genótipos avaliados se tratam de cultivares e linhagem e que estas podem apresentar proximidade genética. Correa e Gonçalves (2012), enfatizam que a contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética é de grande importância para se identificar os caracteres de maior contribuição e, também, para auxiliar no descarte daqueles que contribuem pouco para a discriminação dos genótipos.

CONCLUSÃO

Os genótipos avaliados apresentam variabilidade genética quanto às características agrônômicas estudadas, híbridos com maior efeito heterótico podem ser obtidos dos cruzamentos entre os genótipos CNFC 10408, CNFC 10470, CNFC 10429 e CNFC 10431.

Os caracteres comprimento longitudinal médio das vagens, número médio de sementes por planta, e número médio de vagens por planta e número médio de sementes por vagem são os que mais contribuíram para a dissimilaridade genética nos genótipos avaliados de feijão carioca

REFERÊNCIAS

ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; MARTINS, L.A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta, nas regiões sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.1, p.105-112, 1994.

ARANTES, E. M.; CREMON, C.; LUIZ, M. A. C. Alterações dos atributos químicos do solo cultivado no sistema orgânico com plantio direto sob diferentes coberturas vegetais. **Revista Agrarian**, v. 5, n. 15. p.47-54, 2012.

BARELLI, M. A. B.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; NEVES, L. G.; SILVA, H. T. da. Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato Grosso do Sul State. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, supl.1, p.1061-1072, 2009.

BARILI, L.D. **Evolução do melhoramento genético do feijão carioca no Brasil**. 2015. 50p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2015.

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

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; LIMA, A. B. P.; ALVES, D. S.; Y NUNES, J. A. Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres Agronômicos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n.4, p. 898-905, 2011.

CEOLIN, A.C.G., GONÇALVES-VIDIGAL, M. C., VIDIGAL FILHO, P. S., KVITSCHAL, M. V., GONELA, A.; SCAPIM, C. A. Genetic divergence of *Phaseolus vulgaris* L. using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, v. 144, p.1-9. 2006.

COELHO, C. M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. A.; BOGO, A. GUIDOLIN, A. F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n.5, p. 1241-1247, 2007.

COELHO, C.M.M.; ZILIO, M.; SOUZA, C.A.; GUIDOLIN, A.F.; MIQUELLUTI, D. J. Características morfo-agronômicas de cultivares crioulas de feijão comum em dois anos de cultivo. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 31, n.4, supl.1, p. 1177-1186, 2010.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento - v. 4 - SAFRA 2016/17 - n. 12 - Décimo segundo levantamento. Julho 2017. Disponível em <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_07_12_11_17_01_boletim_graos_julho_2017.pdf> Acesso em 20 de julho de 2017.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, A. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n.2, p.206-212, 2012.

CORREA, A. M.; LIMA, A. R. S.; BRAGA, D. C.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; SILVA JUNIOR, C. A. da.; SILVA, F. A. da. Agronomic Performance and Genetic Variability among Common Bean Genotypes in Savanna/Pantanal Ecotone. **Journal of Agronomy**, v. 14, n.3, p.175-179, 2015.

CRUZ, C. D. CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Editora UFV, Universidade Federal de Viçosa. v. 2, 3ª ed. 2014, 668p.

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

ELIAS, H.T.; VIDIGAL, M.C.G.; GONELA, A.; VOGT, G.A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.10, p.1443-1449, 2007.

GONÇALVES, D. L.; BARELLI, M. A. A.; SANTOS, P. R. J. dos.; OLIVEIRA, T, C.; SILVA, C. R. da ; NEVES, L. G.; POLETINE, J. P.; LUZ, P. B. da. Variabilidade genética de germoplasma tradicional de feijoeiro comum na região de Cáceres-MT. **Ciência Rural**, v.46, n.1, p.100-107, 2016.

HEGAY, S.; MULATU GELETA, M.; BRYNGELSSON, T.; ASANALIEV, A.; GARKAVA-GUSTAVSSON, L.; PERSSON HOVMALM, H. P.; ORTIZ, R. Genetic diversity analysis in *Phaseolus vulgaris* L. using morphological traits. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 61, n.3, p. 555–566, 2014.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A.; BEZERRA NETO, F. V. LEAL, N, R. Genetic divergence in snap bean based on agronomic traits and resistance to bacterial wilt. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p.246-252, 2009.

MORALES, R.G.F.; RESENDE, J.T.V.; RESENDE, F.V.; DELATORRE, C.A.; FIGUEIREDO, A.S.T. DA-SILVA, P.R. Genetic divergence among Brazilian garlic cultivars based on morphological characters and AFLP markers. **Genetics and Molecular Research**, v.12, n. 1, p.270-281, 2013.

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

NEVES, S. M. A. DA.; NUNES, M. C. M.; NEVES, R. J. Caracterização das condições climáticas de Cáceres/MT-Brasil, no período de 1971 a 2009: subsídio às atividades agropecuárias e turísticas municipais. **Boletim Goiano de Geografia**, v. 31, n. 2, p. 55-68, 2011.

OLIVEIRA, A. C.; SILVA, J.; SANTOS, M. M.; CANCELLIER, E. L.; FIDELIES, R, R. Desempenho agrônomo de cultivares de feijão em função da adubação fosfatada no sul do Estado do Tocantins. **Revista Caatinga**, v. 27, n. 1, p. 50–59. 2014.

PEREIRA, H.S.; ALMEIDA, V.M.; MELO, L.C.; WENDLAND, A.; FARIA, L.C.; PELOSO, M. J. D.; MAGALDI, M.C.S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, Campinas, v.71, n.2, p.165-172, 2012.

POLETINE, J. P.; SÁBIO, G.; BARELLI, M. A. A.; SEVERINO, J. J.; AUGUSTO, J.; SILVA, G. C. M.; BORÁZIO, R. F. Caracterização morfoagronômica e divergência genética de acessos de feijão comum coletados no estado do mato grosso e avaliados na região do arenito caiuíá. **Journal of Agronomic Sciences**, Umuarama, v.5, n.1, p.83-96, 2016.

RIBEIRO, N.D.; STORCK, L. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da dissimilaridade Genética. **Revista brasileira de agrociência**, v. 8, n. 2, p. 89-95, 2002.

RIBEIRO, N.D.; STORCK, L. Genitores potenciais para hibridações identificados por divergência genética em feijão carioca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.3, p.413-421, 2003.

ROCHA, F. da.; STINGHEN, J. C.; GEMELI, M. S.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Análise dialéctica como ferramenta na seleção de genitores em feijão. **Revista Ciência Agronômica**, v.45, n.1, p.74-81, 2014.

SANTOS, A. dos.; BRAGA, D. C.; CORREA, A. M.; MELO, C. L. P. DE.; SILVA, J. A. dos.; LIMA, A. R. S.; RODRIGUES, E. V. Escolha de genitores de feijão-comum baseado na divergência genética. **Revista Agrarian**, v. 8, n.29, p.235-245, 2015.

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

SULZBACHER, L. J.; SILVA, V. P.; ZAGO, B. W.; CORRÊA, C. L.; DUARTE, A. V. M.; BARELLI, M. A. A. Análise da divergência genética através de caracteres agronômicos em genótipos de feijão comum. **Revista Espacios**, v. 38, n.23, p. 26-38, 2017.

TSUTSUMI, C. Y.; BULEGON, L. G.; PIANO, J. T. Melhoramento genético do feijoeiro: avanços, perspectivas e novos estudos, no âmbito nacional. **Nativa**, v. 3, n. 3, p. 217-223, 2015