

DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.) COM GRÃO TIPO CARIOCA

GIOVANI BENIN¹, FERNANDO IRAJÁ FÉLIX DE CARVALHO², ISIDORO CARLOS ASSMANN³, JEANPIERE CIGOLINI⁴, PEDRO JACINTO CRUZ⁵, VOLMIR SÉRGIO MARCHIORO⁵, CLAUDIR LORENCETTI⁵, SIMONE ALVES SILVA⁵

RESUMO - Medidas de dissimilaridade são artificios que os melhoristas de plantas dispõem para a identificação de genitores dissimilares na obtenção de populações segregantes desejadas. Com o objetivo de avaliar a dissimilaridade genética entre 53 genótipos de feijão carioca (*Phaseolus vulgaris* L.), foram utilizados dados de seis caracteres agronômicos avaliados em experimento conduzido em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. Foram empregadas análises por variáveis canônicas e técnicas de agrupamentos pelo método de Tocher e vizinho mais próximo, utilizando como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Os genótipos testados constituíram 26 grupos distintos pelo agrupamento de Tocher. O caráter peso de mil grãos apresentou a maior contribuição relativa para a dissimilaridade genética total. Os resultados obtidos permitiram a identificação de genótipos dissimilares para serem estrategicamente utilizados em hibridações artificiais dirigidas.

Palavras chave: melhoramento genético vegetal, seleção de genitores, análise multivariada, técnicas de agrupamento.

GENETIC DIVERGENCE IN BEAN (*Phaseolus vulgaris* L.) WITH GRAIN OF CARIOCA TYPE

ABSTRACT - Genetic dissimilarity measures are commonly used by plant breeders to identify dissimilar parents to get desired segregant populations. Multivariate techniques were utilized to evaluate the genetic dissimilarity among 53 genotypes of the carioca bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Six traits were evaluated in a field experiment using a randomized block design with four replications. Canonical variable analysis and cluster analysis using Tocher's agglomerative method and hierarchical method (nearest neighbor) were applied. Generalized Mahalanobis distance (D^2) was used to measure dissimilarity. Genotypes comprised twenty six distinct groups by Tocher's method. Thousand seed weight was the most important trait to the total genetic dissimilarity. The obtained results allowed to characterize dissimilar genotypes to be strategically used in artificial hybridizations.

Key words: plant breeding, choice of parents, multivariate techniques, cluster analyses.

¹ Eng.º Agr.º estudante do Curso de Doutorado em Agronomia (Fitomelhoramento) da Universidade Federal de Pelotas (UFPel). Pelotas/RS - Bolsista do CNPq. E-mail: gibn@ibest.com.br - bening@ufpel.tche.br

² Eng.º Agr.º (Ph.D.), Prof. do Depto de Fitotecnia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM/UFPel), Campus Universitário C. P: 354, Cep: 96001-970, Pelotas/RS.

³ Eng.º Agr.º (Dr), Prof. do CEFET-PR, Via do Conhecimento km 01, C. P: 571, CEP 85503-390, Pato Branco/PR.

⁴ Acadêmico do Curso de Agronomia do CEFET-PR.

⁵ Eng.º Agr.º, Estudante do Curso de Pós-Graduação em Agronomia (Fitomelhoramento) da UFPel.
Recebido para publicação em 11/12/2001

INTRODUÇÃO

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) desempenha um papel de destaque na dieta da população brasileira como importante fonte de proteína vegetal. É também um dos produtos agrícolas de maior relevância econômica e social, devido à mão-de-obra que emprega durante o ciclo da cultura.

Entre as principais decisões que os melhoristas de feijão tomam constantemente, merece destaque a escolha de genitores que darão origem às populações segregantes. A classificação de genótipos utilizando os recursos da análise multivariada têm oferecido contribuições efetivas no melhoramento genético de plantas (BENIN et al., 2002; BENIN et al., 2003; COIMBRA et al., 1999; COIMBRA e CARVALHO, 1999), pois fornecem parâmetros para a identificação de genitores que possibilitem maior efeito heterótico na progênie e maior possibilidade de recuperar recombinantes superiores nas gerações segregantes. Para MOURA et al. (1999), a determinação da dissimilaridade genética, onde diversos caracteres podem ser dimensionados simultaneamente, apresenta considerável vantagem na identificação da variabilidade genética.

As cultivares registradas e linhagens selecionadas em diversos programas de melhoramento, por possuírem características favoráveis, constituem importante fonte de variabilidade genética para a escolha de genitores em hibridações controladas de feijoeiro comum (EMYGDIO et al., 1998), sendo imprescindível a identificação dos melhores genótipos. Neste sentido, os objetivos deste trabalho foram: 1) promover o agrupamento de genótipos em função da dissimilaridade genética; 2) indicar a contribuição relativa dos caracteres avaliados para a dissimilaridade genética e; 3) apontar as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinações superiores.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado no sistema de plantio direto em fevereiro do ano agrícola 2000 (safrinha), no município de Pato Branco, localizado na região Sudoeste do estado do Paraná, sobre

Latossolo Bruno Roxo Álico. A área experimental está situada à latitude de 26° 07' S e longitude de 52° 41' W (IAPAR, 1994), com 700 metros de altitude e clima na fase de transição Cfb (clima temperado) e Cfa (clima subtropical).

A adubação de base, conforme análise do solo, constou de 15, 55 e 60 kg ha⁻¹ de NPK. Em cobertura, no estágio de duas folhas trifolioladas, procedeu-se a aplicação de 50 kg ha⁻¹ de N (uréia). Os tratamentos foram arranjados em delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições, com parcelas de duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,4 metros, com uma área útil de 3,2 m². Foram avaliados 53 genótipos de feijão carioca, sendo 50 linhagens e as cultivares padrão Pérola, Carioca e IAPAR 31. Não foi realizado tratamento para o controle de moléstias, a fim de se verificar a ocorrência de patógenos nos diferentes genótipos.

Os caracteres avaliados foram: rendimento de grãos (RG), corrigido para 13% umidade; peso de mil grãos (PMG); ciclo vegetativo (CV), obtido através do número de dias entre a emergência das plantas e a floração; e reação às moléstias antracnose (*Colletotrichum lindumuthianum*) (Ant), vírus do mosaico dourado do feijoeiro (VMDF) (VMD) e mancha angular (*Phaeoisariopsis griseola*) (MA). As avaliações de reação a moléstias foram baseadas nos estádios de crescimento da cultura, segundo a escala proposta pelo CIAT (CIAT, 1991).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância univariada, pela qual foram obtidos os arquivos de média e a matriz de variância e covariância residuais, sendo comparados pelo teste de Scott-Knott (SCOTT e KNOTT, 1974). Este teste pode ser de grande utilidade aos melhoristas, pois permite separar os subconjuntos de genótipos que diferem significativamente entre si. Nos demais procedimentos de comparação múltipla normalmente utilizados, há uma sobreposição dos grupos, criticados por JOLLIFFE et al. (1989). No estudo efetuado por FERREIRA et al. (1999) com o teste de Scott e Knott, os resultados evidenciaram uma clara diferenciação dos melhores tratamentos, por ter sido eliminado a ambigüidade, que é uma dificuldade adicional para a interpretação de resultados. Foram aplicados o método de agrupamentos de Tocher (RAO, 1952) e vizinho mais próximo, utilizando a

distância generalizada de Mahalanobis (D^2), como medida de dissimilaridade. A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética observada entre os genótipos foi realizada seguindo a metodologia empregada por MORAIS et al. (1998) e por meio da participação dos componentes de D^2 , relativos a cada característica, no total da dissimilaridade observada (SINGH, 1981).

Ao representar a dispersão dos escores dos 53 genótipos avaliados pela técnica das variáveis canônicas (CRUZ & REGAZZI, 1997), ocorreram sobreposições de genótipos, impossibilitando a visualização de detalhes das distâncias. Desta forma, foi necessário reunir os genótipos dos gru-

pos formados pelo agrupamento de Tocher em um mesmo tratamento, permitindo assim a visualização da dispersão dos escores em relação às duas primeiras variáveis canônicas, para os 26 grupos formados. As análises foram realizadas utilizando o programa computacional Genes (CRUZ, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com os resultados apresentados na Tabela 1, foi observado diferença estatística significativa ($P < 0,01$) pelo teste F para todos os caracteres avaliados, sendo uma evidência da presença de variabilidade entre os genótipos testados.

Tabela 1. Resumo das análises de variância para os caracteres avaliados. Pato Branco - PR, 2001

Caracteres	Quadrado Médio		Média	CV (%)
	Tratamento	Erro		
Rendimento de grãos	449514,86**	63253,29	1336,9	18,8
Peso médio do grão	3231,44**	184,30	177,7	7,6
Ciclo vegetativo	24,52**	13,96	46,3	8,0
Antracnose	0,06**	0,02	1,1	12,8
Vírus do mosaico dourado	0,19**	0,04	1,5	13,5
Mancha angular	0,25**	0,03	5,3	3,4

**Significativo a 1% de probabilidade

Na Tabela 2 estão incluídos os resultados dos caracteres analisados, em que foi utilizado o teste de Scott e Knott para comparação de médias. O caráter rendimento de grãos (RG) variou de 662 kg/ha com o genótipo 53 (LP 97-23) a 2171 kg/ha com o genótipo 1 (CI 9633). As cultivares padrões Carioca e Pérola apresentaram rendimento de grãos estatisticamente similares. Somente os genótipos 1 (CI 9633), 2 (CI 9679), 3 (CNFC 8066), 4 (CNFC 8174), 5 (CNFC 8045) e 6 (CNFC 8074) foram significativamente mais produtivos, ao nível de probabilidade de 1%, em relação a cultivar padrão Pérola. Todos estes genótipos são linhagens recentemente desenvolvidas, sendo a

primeira e a segunda do Centro Federal de Educação Tecnológica da Paraná – Unidade de Pato Branco (CEFET-PR/UNED-PB) e as demais do Centro de Pesquisa de Arroz e Feijão - EMBRAPA. A variável que apresentou a maior estratificação dos resultados foi o caráter peso de mil grãos, permitindo a formação de seis classes distintas. A linhagem 2 (CI 9679), com 250 gramas, foi o genótipo de maior peso de mil grãos. Os menores peso de mil grãos foram do genótipo 53 (LP 97-23) e da cultivar padrão 52 (IAPAR 31), com 112 e 123 gramas, respectivamente, sendo estes os genótipos de menor rendimento de grãos.

Tabela 2. Média dos caracteres rendimento de grãos (RG), peso de mil grãos (PMG), ciclo vegetativo (CV), antracnose (Ant), vírus do mosaico dourado (VMD) e mancha angular (MA) de 53 genótipos de feijão carioca. Pato Branco - PR, 2001

Nº	Genótipos	Caracteres avaliados ¹					
		RG (kg /ha)	PMG (mg)	CV (dias)	Ant (nota) ²	VMD (nota) ²	MA (nota) ²
1	CI 9633	2171 a	177 c	46 a	1,2 b	1,4 c	4,2 b
2	CI 9679	1975 a	250 a	44 b	1,0 b	1,1 d	6,2 a
3	CNFC 8066	1946 a	186 c	47 a	1,0 b	1,3 d	4,7 b
4	CNFC 8174	1901 a	183 c	47 a	1,5 b	1,2 d	5,5 a
5	CNFC 8045	1897 a	182 c	44 b	1,2 b	1,3 d	6,1 a
6	CNFC 8074	1791 a	159 d	46 b	1,0 b	1,4 c	5,2 a
7	LP 97-28	1725 b	210 b	43 b	1,0 b	1,7 b	5,5 a
8	GENC 14-6	1700 b	188 c	50 a	1,0 b	1,7 b	2,7 c
9	Pérola *	1666 b	189 c	46 b	1,2 b	1,4 c	4,2 b
10	CNFC 8076	1664 b	180 c	45 b	1,2 b	1,5 c	5,1 b
11	CNFC 8063	1664 b	188 c	46 b	3,5 a	1,4 c	4,7 b
12	Carioca *	1635 b	141 e	44 b	1,2 b	1,5 c	6,5 a
13	VI 4599	1548 b	170 d	44 b	1,0 b	1,4 c	4,2 b
14	CNFC 8173	1526 b	202 b	44 b	1,0 b	1,5 c	5,7 a
15	GENC 97-10	1499 b	213 b	50 a	1,0 b	1,5 c	4,2 b
16	LP 97-4	1491 b	154 d	44 b	1,0 b	1,4 c	6,7 a
17	CNFC 8047	1490 b	155 d	46 b	1,0 b	1,4 c	5,5 a
18	GENC 97-15	1484 b	151 d	44 b	1,0 b	1,5 c	6,1 a
19	CNFC 8064	1480 b	180 c	45 b	1,2 b	1,4 c	5,2 a
20	LP 97-58	1452 b	222 b	45 b	1,0 b	1,7 b	6,2 a
21	GENC 97-17	1449 b	215 b	44 b	1,0 b	1,7 b	6,2 a
22	CI 128	1425 b	212 b	44 b	1,0 b	1,3 b	7,1 a
23	CNFC 7569	1415 b	162 d	43 b	1,0 b	1,7 b	5,7 a
24	CNFC 8044	1398 b	184 c	47 a	2,0 b	1,4 c	5,2 a
25	LP 96-153	1361 b	174 c	47 a	1,0 b	1,6 b	6,1 a
26	GENC 97-3	1320 c	171 d	49 a	1,0 b	1,6 b	4,2 b
27	VI 4899	1281 c	163 d	49 a	1,0 b	1,2 d	4,5 b
28	LH 11	1247 c	180 c	44 b	1,0 b	1,4 c	6,5 a
29	CNFC 8056	1220 c	211 b	45 b	1,0 b	1,6 b	5,1 b
30	GENC 97-19	1216 c	183 c	47 a	1,0 b	1,7 b	5,5 a
31	GENC 97-8	1214 c	159 d	49 a	1,0 b	1,7 b	4,7 b
32	GENC 97-14	1197 c	191 c	44 b	1,0 b	1,6 b	4,7 b
33	CI 164	1193 c	241 a	43 b	1,0 b	1,7 b	6,5 a
34	CI 9661	1184 c	136 e	47 a	1,0 b	2,7 a	4,2 b
35	CNFC 8062	1182 c	153 d	44 b	1,0 b	1,6 b	6,5 a
36	VI 0699	1162 c	158 d	49 a	1,2 b	1,4 c	4,7 b
37	GENC 97-18	1158 c	170 d	49 a	1,0 b	1,5 c	4,2 b
38	GENC 12-2	1146 c	217 b	50 a	1,0 b	1,4 c	2,5 c
39	CII 102	1112 c	203 b	43 b	1,0 b	1,4 c	6,1 a
40	CII 175	1004 c	191 c	43 b	1,0 b	1,5 c	6,1 a
41	FEB 204	1071 c	154 d	46 a	1,0 b	1,7 b	5,1 b
42	GENC 97-2	1038 d	191 c	50 a	1,0 b	1,6 b	5,7 a
43	CNFC 8046	1001 d	136 e	46 a	1,0 b	1,7 b	5,2 a
44	CNFC 8065	996 d	137 e	49 a	1,0 b	1,5 c	5,5 a
45	CI 9654	990 d	182 c	49 a	1,0 b	1,3 d	7,5 a
46	ANPT 8-12	985 d	149 d	44 b	1,2 b	1,6 b	5,7 a
47	LH 10	971 d	191 c	48 a	1,2 b	1,6 b	6,2 a
48	CII 244	963 d	154 d	46 b	1,0 b	2,5 a	6,2 a
49	CII 348	921 d	150 d	46 b	1,0 b	1,7 b	6,2 a
50	LH 9	897 d	179 c	48 a	1,0 b	1,4 c	6,7 a
51	GENC 97-1	872 d	185 c	49 a	1,0 b	1,8 b	5,7 a
52	IAPAR 31 *	780 d	123 f	37 b	1,0 b	1,2 d	3,2 c
53	LP 97-23	662 d	112 f	48 a	1,0 b	2,7 a	4,2 b

¹Médias seguidas pela mesma letra não diferem significativamente (5%) pelo teste de Scott-Knott.

²1= Resistente; 3= Moderadamente resistente; 5= Moderadamente suscetível; 7= Suscetível.

*Cultivar Padrão

Na Tabela 3, estão incluídos os dados para identificar as contribuições relativas de cada caráter para a dissimilaridade genética (S_v). O caráter peso de mil grãos (PMG) foi realmente eficiente para explicar a dissimilaridade genética entre os 53 genótipos de feijão carioca, contribuindo com 58,2% para a dissimilaridade total, dando um indicativo que deve ser priorizado em programas de melhoramento. Avaliando um conjunto de 58 genótipos de feijoeiro do grupo comercial preto, BENIN et al. (2002), ob-

servou que o caráter PMG contribuiu com 65% para a dissimilaridade genética total. Estes resultados estão de acordo com COIMBRA et al. (1999) e COIMBRA e CARVALHO (1999), onde destacam que o caráter peso de mil grãos foi o que mais contribuiu para a dissimilaridade genética total. Os caracteres restantes apresentaram estimativas de S_v de pequena magnitude, não se revelando, por conseguinte, de grande importância para a avaliação da dissimilaridade.

Tabela 3. Contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade genética (S_v) baseada na estatística S de Singh (SINGH, 1981). Pato Branco - PR, 2001

Caracteres avaliados	Abreviatura	Dissimilaridade genética		
		S_v	%	% acumulada
Rendimento de grãos (kg ha ⁻¹)	RG	5338,9	9,4	9,4
Peso de mil grãos (gramas)	CV	32900,8	58,2	67,6
Ciclo vegetativo (dias)	MA	3371,9	5,9	73,5
Antracnose (nota)	Ant	1701,3	3,0	76,5
Vírus do mosaico dourado (nota)	VMD	4667,3	8,2	84,7
Mancha angular (nota)	PMG	8518,1	15,3	100

Na Tabela 4 pode ser visualizado que o método de agrupamento de Tocher possibilitou reunir os 53 genótipos de feijão em 26 grupos distintos. A formação destes grupos é de fundamental importância para a escolha de genitores, pois as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridade e no potencial per se dos genitores. Os genótipos reunidos em diferentes grupos ,dão um indicativo

de serem dissimilares, podendo ser considerados como promissores em cruzamentos artificiais. Entretanto, a única e simples formação destes grupos não possibilita quantificar a dissimilaridade de um genótipo reunido em um determinado grupo em relação aos genótipos reunidos nos demais grupos. Neste sentido, os métodos hierárquicos são extremamente úteis.

Tabela 4. Agrupamento dos 53 genótipos de feijão carioca, pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis. Pato Branco - PR, 2001

Grupos	Agrupamento	Grupos	Agrupamento
1	46, 44, 11	14	31, 15
2	18, 16	15	21, 27
3	49, 41, 30	16	29, 20
4	38, 26, 32	17	6, 50
5	42, 53	18	7, 36
6	33, 40	19	28
7	1, 24	20	34
8	39, 8, 47	21	45
9	43, 9	22	5
10	3, 10	23	17
11	12, 48, 37, 4	24	2
12	19, 14,	25	25
13	35, 51, 52, 22	26	23, 13

O critério de agrupamento adotado pelo método hierárquico vizinho mais próximo, representado na Figura 1, estabelece que primeiramente é formado um grupo de genótipos similares, e as distâncias dos demais são calculadas em relação aos grupos formados (CRUZ e REGAZZI, 1997). Por esta técnica, os genótipos 21 (GENC 97-17) e 20 (LP 97-58) foram os mais similares,

e o genótipo 2 (CI 9679) apresentou dissimilaridade total em relação aos demais genótipos avaliados, sendo um excelente genitor para a obtenção de populações segregantes de variabilidade superior, pois, além de ser dissimilar, apresentou elevado rendimento de grãos e o maior peso médio de grãos, dentre o conjunto de genótipos avaliados.

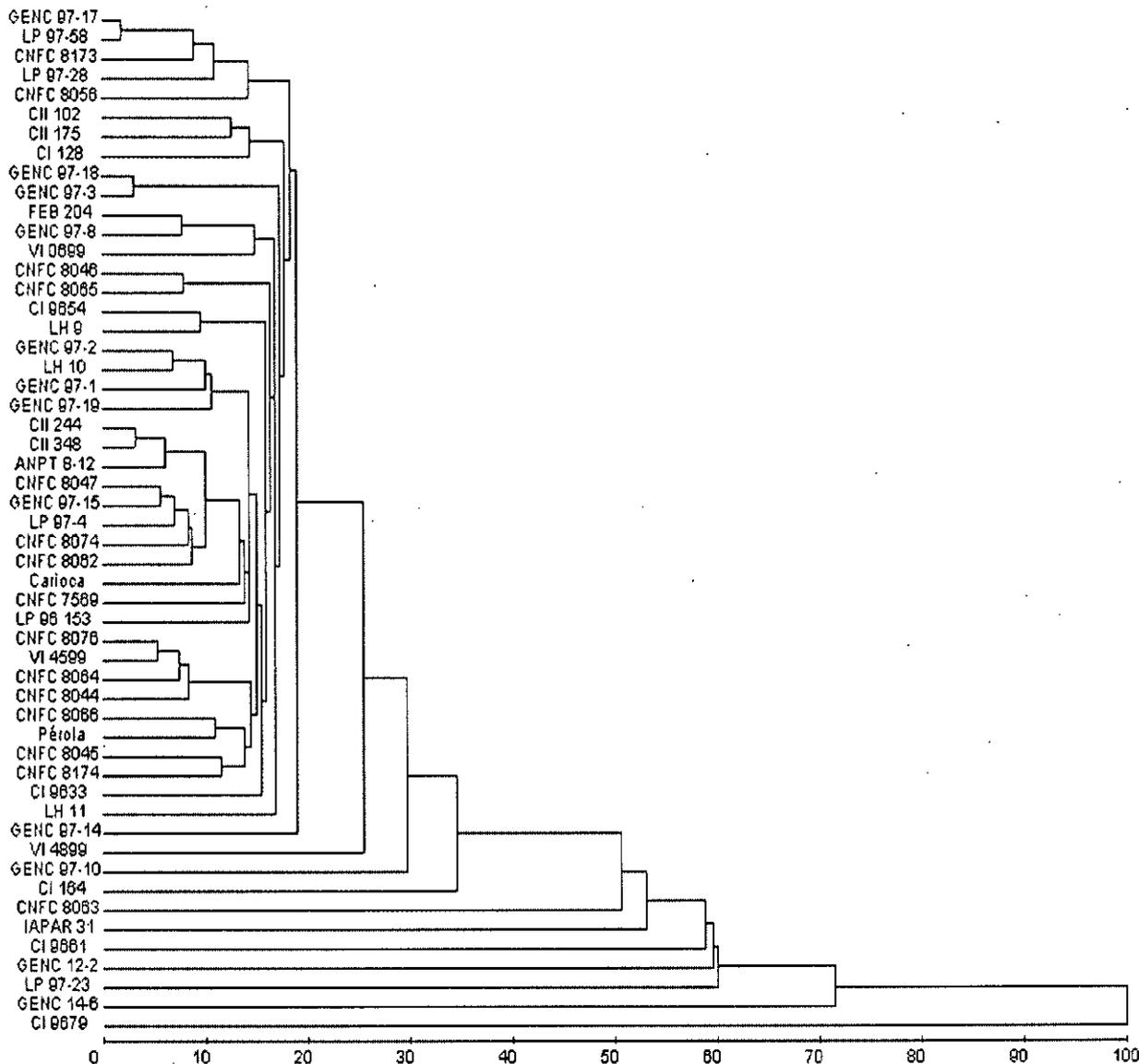


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 53 genótipos de feijão carioca, obtido pela técnica do vizinho mais próximo, utilizando a distância generalizada de mahalanobis como medida de dissimilaridade. Pato Branco - PR, 2001

As variâncias (autovetores), as variâncias percentuais e as variâncias acumuladas das variáveis canônicas, relativas aos 26 grupos estabelecidos pelo método de Tocher, podem ser visualizadas na Tabela

5. Pelo fato das duas primeiras variáveis canônicas terem explicado mais do que 80% da variância total contida no conjunto total de caracteres analisados (66,1% relativo a primeira e

16,4% relativo a segunda variável canônica), é possível explicar satisfatoriamente a variabilidade manifestada entre os genótipos avaliados (CRUZ, 1987), permitindo sua utilização em gráficos de dispersão bidimensional, o qual pode ser visualizado na Figura 2. Pode ser observado que os grupos 24 e 20 distanciaram nitidamente, constituindo grupos unitários bem característicos. No grupo 24 consta o genótipo o genótipo 2 (CI 9679), que apresentou alto rendimento de grãos, genótipo este que demonstrou o maior peso médio do grão e apresentou dissimilaridade total em relação aos demais genótipos avaliados, pela técnica vizinho mais próximo. En-

tretanto, pode ser observado que alguns genótipos reunidos em grupos diferentes pelo método de Tocher, estão representados graficamente muito próximos pela técnica de variáveis canônicas. Logicamente, a separação destes genótipos no gráfico é dependente da escala utilizada, o que evidencia um dos aspectos subjetivos deste tipo de análise, comentada por CRUZ (1990). Também não é desprezível a importância da terceira variável canônica, que responde por 9,4% da dispersão total, ou por 54,9% da variação restante (excluída a porção explicada pelas duas primeiras variáveis canônicas).

Tabela 5. Variâncias (autovalores), variâncias percentuais e variâncias acumuladas (%) das variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade entre 53 genótipos de feijão carioca. Pato Branco - PR, 2001

Variáveis Canônicas	Variâncias (autovalores)	Variâncias Percentuais	Variâncias Acumuladas (%)
1	17,3	66,1	66,1
2	4,3	16,4	82,6
3	2,4	9,4	92,1
4	1,4	5,4	97,5
5	0,3	1,3	98,9
6	0,2	1,0	100,0

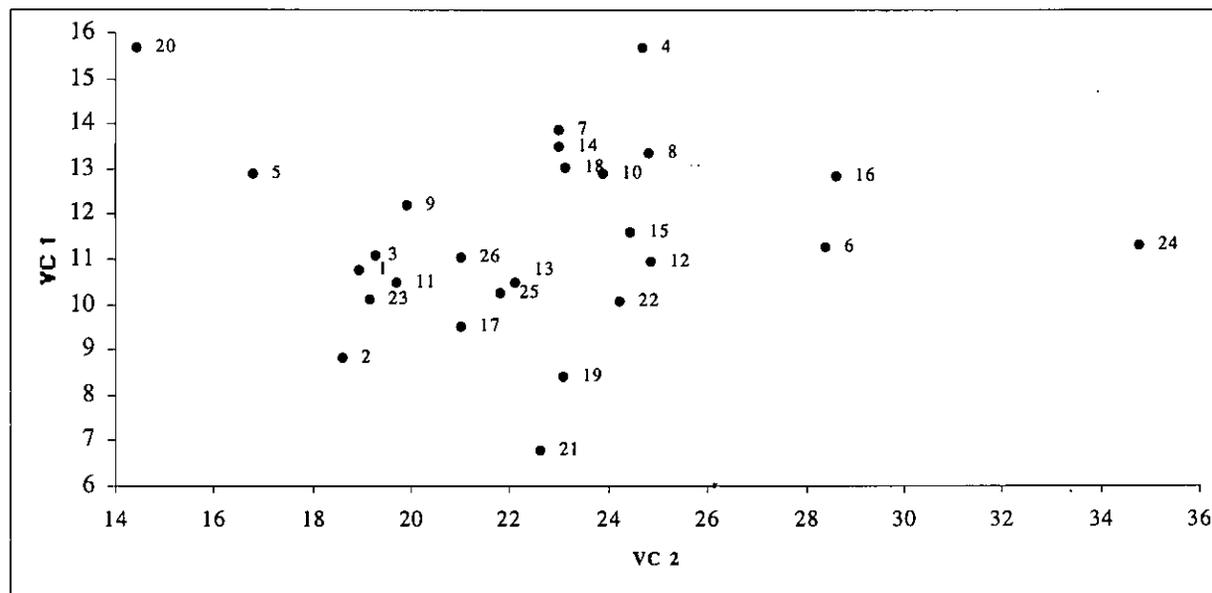


Figura 2. Dispersão gráfica dos escores do componente 1 (variável canônica 1) e do componente 2 (variável canônica 2) relativo aos 26 grupos estabelecidos pelo método de agrupamento de Tocher. Pato Branco - PR, 2001

A análise de comparação de médias, juntamente com os agrupamentos estabelecidos pelo método de Tocher, vizinho mais próximo e variáveis canônicas, permitem a identificação de quais serão os cruzamentos promissores, bem como aqueles que poderão resultar em variabilidade restrita nas gera-

ções segregantes, como aqueles realizados entre genitores de um mesmo grupo. Neste sentido, podem ser indicadas as hibridações entre: CI 9679 com os genótipos CI 9633, CNFC 8066, CNFC 8174, CNFC 8045, CNFC 8074, LP 9728 e VI 4599 pois, além de serem dissimilares (Figura 1), apresentam

médias elevadas para os caracteres avaliados (Tabela 2), sugerindo que, quando utilizados em hibridações dirigidas em programas de melhoramento genético, possibilitarão ampliar o número de recombinantes desejáveis, a fim de que possam ser utilizados como fontes de obtenção de constituições genéticas superiores.

CONCLUSÕES

O caráter peso de mil grãos foi o que mais contribuiu para a dissimilaridade genética total en-

tre os 53 genótipos de feijão do tipo carioca testados. A presença de variabilidade possibilitou a identificação de genótipos dissimilares e com média elevada para os caracteres analisados. As combinações (CI 9679 X CI 9633), (CI 9679 X CNFC 8066), (CI 9679 X CNFC 8174), (CI 9679 X CNFC 8045), (CI 9679 X CNFC 8074), (CI 9679 X LP 9728) e (CI 9679 X VI 4599) são promissoras para cruzamentos e obtenção de populações segregantes com variabilidade superior.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F. de; ASSMANN, I.C. et al. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 8, n. 3, p. 179-184, 2002.
- BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C. et al. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.4, 2003 (No Prelo).
- CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). **Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de fríjol**. 2 ed. Cali:CIAT, 1991. 56p.
- COIMBRA, J.L.M.; CARVALHO, F.I.F. Divergência genética em linhagens de feijão preto (*Phaseolus vulgaris* L.) preditas através de variáveis quantitativas. **Revista Científica Rural**, Bagé, v.4, n.1, p.47-53, 1999.
- COIMBRA, J.L.M.; CARVALHO, F.I.F.; HEMP, S. et al. Divergência genética em feijão preto. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.29, n.3, p.427-431, 1999.
- CRUZ, C.D. **Algumas técnicas de análise multivariada no melhoramento de plantas**. Piracicaba: ESALQ, 1987. 75p.
- CRUZ C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba, 1990. 188 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz.
- EMYGDIO, B.M.; ANTUNES, I.F. SILVEIRA, E.P. et al. Capacidade combinatória para rendimento de grãos de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) recomendadas para o Sul do Brasil. **Agropecuária de Clima Temperado**, Pelotas, v.1, n.1, p.83-89, 1998.
- FERREIRA, D.F.; MUNIZ, J.A.; AQUINO, L.H. Comparações múltiplas em experimentos com grande número de tratamentos - utilização do teste de Scott-Knott. **Ciência Agrotécnica**. Lavras, v.23, n3. p.745-752, 1999.
- IAPAR (Instituto Agrônomo do Paraná). **Cartas climáticas do Estado do Paraná 1994**. Londrina, 1994. 49p. (IAPAR-Documento, 18).
- JOLLIFFE, I.T.; ALLEN, O.B.; CHRISTIE, B.R. Comparison of variety means using cluster analysis and dendrograms. **Experimental Agriculture**, Great Britain, n.25, p.259-269, 1989.
- MORAIS, O.P.; SILVA, J.C.; CRUZ, C.D. et al. Divergência genética entre os genitores da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, p.150-158, 1998.
- MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D. et al. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação a eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.2, p.217-224, 1999.
- Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, Editora UFV, 2001. 648p.
- RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952. 390p.
- REGAZZI, A.J. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV; Imprensa Universitária, 1997. 390p.
- SANTOS, R.C.; MOREIRA, J.A.N.; FARIAS, R.H.; et al. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.55-59, 2000.
- SCOTT, A. J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington D.C., v.30 p.507-512, 1974.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, New Delhi, v.41, p.237-245, 1981.