

PEDRO ANTONIO MOÇAMBIQUE

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE ACESSOS CRIoulos DE *Phaseolus vulgaris* L. DO TIPO CARIOCA BASEADA EM ANÁLISE MULTIVARIADA

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Agronomia, área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientadora:

Prof^a. Dr^a. Monalisa Sampaio Carneiro

Goiânia, GO-BRASIL

2010

PEDRO ANTONIO MOÇAMBIQUE

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE ACESSOS CRIoulos DE *Phaseolus vulgaris* L. DO TIPO CARIOCA BASEADA EM ANÁLISE MULTIVARIADA

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Agronomia, área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientadora:

Prof^a. Dr^a. Monalisa Sampaio Carneiro

Co-orientadores:

Dr. Jaison Pereira de Oliveira

Dr. Joaquim Geraldo Cáprio da Costa

Goiânia, GO-BRASIL

2010

Folha de aprovação

DEDICATÓRIA

À minha querida esposa, **Margarida Moçambique**,
pela compreensão,
paciência, dedicação e apoio durante os anos de pós-graduação.

Aos meus filhos,
Miro, Tânia, Nilton,
Pedro, e Marcos,
pela felicidade
e orgulho que me trazem.

AGRADECIMENTOS

Ao Governo Brasileiro através do Programa de Estudantes de Convênio de Pós Graduação (PEC-PG), e à CAPES, pela oportunidade da Bolsa, que me permitiu ter condições de concluir esse projeto.

Ao Ministério de Agricultura e de Desenvolvimento Rural de Angola, e ao Centro Nacional de Recursos Fitogenéticos, pelo apoio e oportunidade concedida na realização do curso de Pós-graduação.

À Universidade Federal de Goiás, através da Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos (EA-UFG), pela oportunidade de realização do curso de Pós-graduação e pelo apoio na realização deste trabalho.

À professora Dra. Monalisa Sampaio Carneiro, pela orientação, incentivo, compreensão e pelos conhecimentos partilhados na realização deste trabalho.

Ao professor Dr. Jaison Pereira de Oliveira, pela co-orientação paciência e pelos conhecimentos transmitidos na realização deste trabalho.

Ao Dr. Joaquim Cáprio da Costa, pela co-orientação e conhecimentos partilhados na realização deste trabalho.

Aos professores da Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos da Universidade Federal de Goiás, pelos muitos ensinamentos, destacando-se os professores: Dr. João Batista Duarte, Dr. Lázaro José Chaves, Dra. Patrícia Guimarães de Santos de Melo, Dr. Alexandre Siqueira Guedes Coelho e Dr. Sérgio Tadeu Sibov.

Aos Funcionários do Prograd/UFG, especialmente Alexandra e professoras Dra. Mara Rúbia e Dra. Dulce, pela atenção prestada durante o período de formação.

À Embrapa Arroz e Feijão, por oferecerem todas as condições para que este trabalho fosse realizado.

Aos funcionários da Embrapa Arroz e Feijão, Divino de Melo, Neidge, Andressa, Dayanne, Leandro, Joao Nanidzey, Vicente e Marcos, pela colaboração nos trabalhos de laboratório e de campo e da Bibliotecária Ana Lúcia pelo prestimoso apoio.

Aos amigos e colegas do curso de Pós-graduação na EA-UFG, Luís Cláudio, Luice, Keila, Paula, com os quais tive o prazer de conviver durante este período.

Ao grande amigo Welinton Barbosa, pela presteza, alegria e amizade.

Enfim, a todos os outros que, mesmo não tendo sido aqui citados, contribuíram de alguma forma para que eu alcançasse este objetivo, os meus mais sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

RESUMO	8
ABSTRACT	9
1	INTRODUÇÃO	10
2	REVISÃO DE LITERATURA	16
2.1	O GÊNERO <i>Phaseolus</i>	16
2.1.1	Origem, domesticação, dispersão e evolução do <i>Phaseolus vulgaris</i> L.	17
2.1.2	Morfologia de <i>Phaseolus vulgaris</i> L.	17
2.2	A EROSÃO GENÉTICA NAS CULTURAS ALIMENTARES... 23	23
2.3	HISTÓRIA DA ORIGEM DO CULTIVAR CARIOCA.....	25
2.4	A PROPORÇÃO DAS CULTIVARES E VARIEDADES CRIOULAS NA PRODUÇÃO DO FEIJÃO NO BRASIL.....	26
2.5	CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO EM BANCOS DE GERMOPLASMA.....	27
2.5.1	Aspetos gerais da caracterização de germoplasma	27
2.5.2	Caracterização morfoagronômica	30
2.5.3	Análise multivariada para dados de bancos de germoplasma	31
2.5.3.1	Análise de componentes principais.....	32
2.5.3.2	Análise de variáveis canônicas.....	33
2.5.3.3	Medidas de similaridade e dissimilaridade.....	34
2.5.3.4	Análise de agrupamento.....	35
2.5.4	Aplicação das técnicas de análise multivariadas	40
2.6	CAIXA FORTE DE SEMENTES DE SVALBARD.....	42
3	MATERIAL E MÉTODOS	44
3.1	CARACTERIZAÇÃO DO MATERIAL GENÉTICO.....	44
3.2	INSTALAÇÃO DO EXPERIMENTO.....	44
3.3	AVALIAÇÃO DOS DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS 47	47
3.4	ANÁLISE ESTATÍSTICA.....	55
3.4.1	Análise de variância univariada	55
3.4.2	Análise de agrupamento	55
3.4.3	Análise de variáveis canônicas	57
3.4.4	Análise de correlação das variáveis	57
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	58
4.1	ANÁLISE DE DADOS DE NATUREZA QUALITATIVA.....	58
4.2	ANÁLISE DE DADOS DE NATUREZA QUANTITATIVA.....	64
4.2.1	Análise da variabilidade dentro dos acessos	64
4.2.2	Análise de variância univariada dos descritores	64

4.2.3	Análise das correlações entre caracteres morfoagronômicas...	70
4.2.4	Análise de agrupamento.....	71
4.2.5	Análise de variáveis canônicas.....	78
5	CONCLUSÕES.....	83
6	REFERÊNCIAS.....	84
APÊNDICE	94

RESUMO

MOÇAMBIQUE, P. A. **Caracterização fenotípica de acessos crioulos de *Phaseolus vulgaris* L. do tipo carioca, baseado em análise multivariada.** 2010. 103 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2010.¹

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura amplamente difundida no Brasil, que é o maior produtor e consumidor mundial. A espécie *P.vulgaris* representa uma importante fonte protéica na dieta humana dos países em desenvolvimento das regiões tropicais e subtropicais, particularmente nas Américas e no leste e sul da África. O conhecimento da diversidade genética entre as cultivares comerciais e crioulas é útil aos melhoristas, por permitir melhor organização dos recursos genéticos e maior aproveitamento da diversidade genética disponível. O objetivo deste trabalho foi identificar a existência de diversidade entre e dentro dos acessos de feijão comum de tipo grão Carioca armazenados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com três repetições, e foi realizado na área experimental da Embrapa Arroz e Feijão, localizada no município de Santo Antônio de Goiás, com coordenadas geográficas 16,30'S, 49,17'W e 814 m. Os acessos foram avaliados com base em quinze descritores morfoagronômicos qualitativos e quinze quantitativos. Em nove, dos quinze descritores qualitativos foram uniformes em todos os acessos. Os descritores quantitativos foram analisados utilizando-se a análise de variáveis canônicas; o método de agrupamento aglomerativo de Ward; e a análise de variância univariada, associada ao teste de Tukey, para avaliar os efeitos dos grupos sobre as variáveis e comparar as médias dos grupos entre si. Pela análise de variáveis canônicas, foi possível descartar três variáveis que pouco contribuíram para a variabilidade fenotípica total entre os acessos. Considerando-se as doze variáveis restantes, foram necessários as três primeiras variáveis canônicas para explicar 68% da variância total. Mesmo assim, o gráfico de dispersão dos acessos em relação as duas primeiras variáveis canônicas (57%) evidenciou variabilidade fenotípica existente nos acessos. As variáveis dias de floração, número de lóculos por vagem e comprimento do dente apical, foram consideradas como os mais discriminantes. Os acessos CF870015 e CF830128 foram identificados como os mais divergentes entre si. Pela análise de agrupamento, utilizando-se os quinze descritores quantitativos, foram estabelecidos seis grupos de similaridade. Observando-se as médias das características fenotípicas de cada grupo, e a dispersão dos acessos, verificou-se concordância entre as análises de variáveis canônicas e de agrupamento. Pela análise de variância dos descritores quantitativos, os variáveis largura foliar, número de vagens por planta, largura da vagem, comprimento do dente apical, e número de lóculos por vagem, indicaram diferença não significativa, enquanto que as outras variáveis apresentaram diferença altamente significativa ao nível de significância 5%.

Palavras chave: recursos genéticos, *Phaseolus vulgaris* L., análise multivariada.

¹ Orientadora: Prof^a. Dr^a Monalisa Sampaio Carneiro. ICB-UFG/UFSCar.

Co-orientadores: Dr. Jaison Pereira de Oliveira. Embrapa Arroz e Feijão; Dr. Joaquim Cáprio da Costa. Embrapa Arroz e Feijão

ABSTRACT

MOÇAMBIQUE, P. A. **Phenotypic characterization creole accessions of *Phaseolus vulgaris* L. commercial type carioca based on multivariate analysis.** 2010. 103 f. Thesis (Doctorate in Agronomy: Genetics and Crop Improvement)-Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2010.¹

Common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) are widely cropped in Brazil, the largest world consumer. *P. Vulgaris* species is an important source of proteins in the human diet in developing countries in tropical and sub tropical regions, especially in the Americas and West Africa. To know the genetic diversity among commercial and Creole cultivars is very useful to breeders because it allows an adequate organization of the genetic resources and a better exploitation of the available genetic diversity. The objective of this work was to identify the genetic diversity among and into Carioca type common bean accesses stored in the Active Germplasm Bank at Embrapa Arroz e Feijão. The experimental design was a completely randomized bloc with three replicates and carried out at the same institution in the municipality of Santo Antônio de Goiás with the following geographical coordinates: 16.30°S; 49.17°W at 814 m altitude. The evaluation was performed based on fifteen morphoagronomic qualitative descriptors and fifteen quantitative descriptors as well. Nine out of fifteen descriptors were uniform in all accesses. The quantitative descriptors were analyzed using canonical variate analysis; the agglomerative clustering method of Ward, and the univariate variance analysis associated with the Tukey test to evaluate the effect of clustering on the variables and to compare the means of the groups among them. Through the canonical variate analysis it was possible to discard three variables with little contribution to the total phenotypic variability among the accesses. Taking in account the twelve variables left, it was necessary to consider the first five canonical variables to explain 68% of the total variance. Even though the dispersion plot of the accesses related to the two first canonical variables (57%) evidenced phenotypic variability in the accesses studied. Variables flowering days, number of locules per pods and pod beak length were considered the most discriminatory. Accesses CF870015 and CF 830128 were identified as the most diverging between themselves. Through cluster analysis, using the fifteen quantitative descriptors, six similar groups were established. Observing the average of the phenotypic characteristics of each group and the dispersion of the accessions, it was observed concordance between the canonical variate analysis and clustering. Based on the analysis of variance of the quantitative descriptors, the variables leaf width, number of pods per plant, pod beak length and number of locules per pods indicate non significant difference, while the other variables presented highly significant differences at the 5% level.

Key words: genetic resources, *Phaseolus vulgaris* L., multivariate analysis.

¹Adviser: Prof^a Dr^a. Monalisa Sampaio Carneiro. ICB-UFG/UFSCar.

Co- advisers: Dr. Jaison Pereira de Oliveira. Embrapa Arroz e Feijão; Dr. Joaquim Cáprio da Costa. Embrapa Arroz e Feijão

1 INTRODUÇÃO

Desde o começo da agricultura primitiva, os agricultores têm selecionado variedades de culturas alimentares para vários fins: rendimento, adaptabilidade, valor alimentar, resultando na acumulação de diversidade de recursos genéticos vegetais (Mwila & Muliokela, 1995). Essas variedades, sendo semeadas ao longo dos anos, vêm sofrendo seleção natural nos sucessivos plantios, e apresentam, via de regra, grande variação e adaptabilidade às condições de cultivo. Atualmente, com o surgimento de demandas por uma agricultura sustentável, tem havido crescente reconhecimento dos acervos genéticos mantidos pelos agricultores, especialmente por pequenos agricultores. Esta diversidade é matéria-prima e fonte de genes para tolerância à seca, resistência a determinados tipos de doenças e pragas, precocidade, bom sabor, entre outras características úteis para os programas de melhoramento. Por isso, é coletada e conservada em bancos de genes, evitando seu desaparecimento mediante a erosão genética. Tal fenômeno aconteceu no período da revolução verde, sendo visto como uma das causas principais para intensificar a criação dos bancos de germoplasma. Assim, numerosas instituições públicas e privadas vinculadas à conservação de recursos genéticos foram surgindo, em quase toda a parte do globo, quer em nível nacional, regional e internacional. Por outro lado, foram definidas estratégias de coleta, conservação (*ex-situ* e *in situ*) dos recursos genéticos e sua utilização nos programas de melhoramento.

Entretanto, o germoplasma coletado ao ser encaminhado para as coleções ativas são submetidos a procedimentos diferentes daqueles encaminhados para a coleção de base.

Nos bancos ativos as coleções são preservadas para serem disponíveis à multiplicação e distribuição. Geralmente, nos bancos ativos, para a conservação do germoplasma, são recomendadas temperaturas abaixo dos 15°C. Assim, os acessos conservados nessas coleções são caracterizados morfoagronomicamente para serem utilizados nos programas de melhoramento genético.

Contrariamente à coleção de base que é destinada para ser preservada a longo

prazo deve ser conservada a temperaturas abaixo dos -18°C , com umidade de semente a 5% (FAO/IPGRI, 1994). Relativamente à quantidade de sementes por acessos, esta varia em função do tipo de culturas; isto é, se espécie alógama ou autógama. Hanson (1985) recomenda 1500 a 2000 sementes para acessos homogêneos e 4000 a 12000 sementes para acessos heterogêneos.

Hoje é sabido que grandes acervos genéticos existem nos centros de origem das plantas cultivadas. Este conhecimento resultou das expedições feitas por Vavilov em 1922, em várias partes do mundo, nomeadamente em África, Ásia, Europa, América do Sul, Mar mediterrâneo. Segundo Bueno et al. (2006), Vavilov reconheceu a existência de oito centros primários de origem: (I)-O Chinês; (II)-Indiano; (IIa)-Indo-Malaio; (III)- Asiático Central; (IV)-Oriente Próximo; (V)-Mediterrânico; (VI)-Abíssínio; (VII) Mexicano do Sul e Centro Americano; (VIII)-Sul-Americano; (VIIIa)-Chiloé; e (VIIIb)-Brasileiro-Paraguaio. Em muitos destes centros estão localizados os centros internacionais para a investigação agrícola, nomeadamente o *International Maize and Wheat Improvement Center* (CIMMYT) e o *International Rice Research Institute* (IRRI), com os respectivos bancos de germoplasma. Assim, o CIMMYT tem o banco de germoplasma para milho e trigo, enquanto o IRRI tem banco para arroz. O estabelecimento de bancos de germoplasma nos respectivos centros de diversidade contribuíram na estratégia de conservação do “pool” genético das plantas cultivadas e seus parentes silvestres.

Segundo Hawkes (1983), nos últimos cinquenta anos uma ampla base de diversidade genética tem sido cada vez mais exigida pelos melhoristas nos seus programas de melhoramento. Constata-se também que a necessidade em alimentos para satisfazer a população mundial é cada vez maior, face ao crescente déficit alimentar notável no frente ao crescimento populacional. Segundo Alcazar-José (2005), a fome e a má nutrição são hoje uma realidade para mais de 800 milhões de habitantes, dos quais 15 milhões morrem atualmente, sendo a maioria crianças. Com a expectativa do crescimento da população mundial para 8,3 bilhões em 2030, a Terra terá que alimentar mais 2 bilhões de habitantes em relação à atualidade, dos quais 90% estão em países em desenvolvimento.

A obtenção de variedades de culturas alimentares com alta produtividade e elevado teor nutricional, desenvolvidas pelos cientistas em seus respectivos programas de melhoramento, certamente será uma opção segura para a redução do déficit alimentar, face ao crescimento populacional. Por outro lado, é conhecido que muitas das variedades

melhoradas continuam a ser vulneráveis ao ataque de doenças e pragas, como resultado da elevada homogeneidade genética adquirida ao longo do processo de melhoramento.

A existência dessa vulnerabilidade deve-se especialmente a utilização de genótipos uniformes em áreas de cultivos, sendo vários os exemplos na literatura de problemas advindos dessa uniformidade genética. Em meados do século XIX, na Irlanda, as culturas da batata foram completamente destruídas pela ocorrência da mela da batata (*Phytophthora infestans*). Estima-se que mais de um milhão de pessoas morreram de fome. Outro acontecimento marcante ocorreu em 1970, quando híbridos de milho nos Estados Unidos da América, que dispunham de apenas uma fonte de macho-esterilidade, conhecida como citoplasma Texas (T), sucumbiram à ocorrência de severa epidemia causada pela raça T do fungo *Helminthosporium maydis*. A situação foi contornada com a introdução dos genes resistentes àquela doença nos híbridos comerciais, partindo-se da linhagem de milho africana chamada Mayorbella, detentora do gene. Portanto, a diversidade de culturas alimentares é crucial na alimentação humana e no desenvolvimento sustentável e ambiental. A produção e a segurança alimentar dependem do uso amplo e da conservação da biodiversidade agrícola e recursos genéticos (Alcazar-José, 2005). Esses acontecimentos consolidaram o reconhecimento de que as coleções de germoplasma e a conservação urgente da diversidade genética vegetal, sobretudo as de utilidade para alimentação e agricultura, que estão desaparecendo principalmente devido a erosão genética.

Presentemente, a disponibilidade dos recursos genéticos vegetais no âmbito internacional é baseado no Tratado Internacional de Recursos Genéticos Vegetais para a Agricultura e Alimentação. Este tratado está em harmonia com a Convenção Sobre a Biodiversidade. Entretanto, segundo Karia (2008), alguns autores consideram que o Tratado restringe a disponibilidade dos recursos genéticos. Porém segundo Bioversity International (2010), o respectivo Tratado tem como objetivo a conservação e utilização sustentável dos recursos genéticos vegetais e partilha justa e equitativa dos benefícios resultantes da sua utilização. Esta partilha justa e equitativa do germoplasma intercambiado é feita através de um documento designado Acordo de Transferência do Material (*Material Transfer Agreement-MTA*).

O artigo 9º do referido Tratado, segundo International Treaty (2008), é referente aos direitos dos agricultores. Tal documento reconhece a contribuição das comunidades locais, indígenas e agricultores de toda as regiões do mundo, particularmente aqueles dos

centros de origem e de diversidade, pelo que têm feito e continuam fazendo pela conservação e desenvolvimento dos recursos genéticos vegetais, que constituem a base alimentar e de produção agrícola no mundo.

É sabido que toda esta atividade de conservação *ex-situ* de recursos genéticos envolve também a multiplicação, regeneração, enriquecimento da coleção por meio do intercâmbio e coleta, a caracterização morfológica e molecular, a avaliação agronômica preliminar e, por fim a disponibilização do germoplasma e de todas as informações sobre os acessos. Essas atividades só se justificam se os recursos genéticos forem utilizados, ou ainda se houver uma expectativa futura de uso (Nass, 2001; Sakville-Hamilton et al., 2002).

Segundo Foschian et al. (2008), avaliação da diversidade nas plantas cultivadas é relevante para melhorar descrição das coleções existentes em banco de germoplasma. Esta descrição, baseada no estudo de características morfológicas e agronômicas, é importante para se conhecer a divergência genética do conjunto de germoplasma disponível para fins de utilização em programa de melhoramento genético. Essas características irão auxiliar na escolha dos acessos potencialmente interessantes para a utilização em programas de seleção e melhoramento genético (Idris & Saad, 2001). Por outro lado, o baixo uso dos acessos em conservação *ex-situ* nesse banco é considerado um problema mundial. As principais causas do problema são discutidas por Petters & Willians (1984); van Sloten (1987) e Humpherys (2003). Segundo Frankel (1989), a eficiência dos bancos de germoplasma depende da força dos programas de melhoramento genético. Assim, o trabalho de caracterização, avaliação, multiplicação, conservação e manutenção de bancos de dados são essenciais (Frankel, 1984), não somente para estimular a utilização desses acessos, mas também para orientar a tomada de decisões que otimizam as dispendiosas atividades em um banco de germoplasma (Sackville Hamilton et al., 2002).

A caracterização com enfoque na procura de genes resistentes a doenças e de outras características morfoagronômicas tem sido relatada não só para o feijão comum, mas também para outras culturas. Hajjar (2005) relatou uso de germoplasma nos programas de melhoramento de mandioca, para combater a doença de mosaico. No Brasil, a Embrapa Arroz e Feijão, vêm desenvolvendo pesquisas com a cultura do feijoeiro há três décadas (Canal Ciência, 2008). Neste período, a equipe de melhoramento genético lançou várias cultivares de feijão. Também a Embrapa Arroz e Feijão, em colaboração com a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, empresas estaduais de pesquisa e empresas

de assistência técnica e extensão rural, coordena um programa nacional de coleta de germoplasma de feijoeiro comum. Os acessos coletados e conservados no Banco Ativo de Germoplasma, (BAG) são caracterizados e avaliados para as principais doenças que ocorrem no Brasil (Fonseca et al., 2003). Como resultado dessas avaliações, várias fontes de resistência foram encontradas, as quais foram incorporadas no programa de melhoramento genético do feijoeiro comum, desenvolvido pela Embrapa Arroz e Feijão (Costa et al., 2003; Rava et al., 2003a; Rava et al., 2003b; Costa et al., 2004; Rava et al., 2004). O BAG da Embrapa Arroz e Feijão possui um número considerável de acessos de feijão do que de arroz.

Este material de grande variabilidade genética em uso na agricultura familiar, no Brasil, tem sido plenamente reconhecido pelos melhoristas. A variabilidade existente em populações de feijão sob cultivo nas pequenas propriedades é de fundamental importância na estratégia de sobrevivência dos pequenos agricultores, que selecionam os materiais adaptados às suas condições agroecológicas e socioeconômicas, diferentes das encontradas nos cultivos empresariais (Cordeiro & Marcatto, 1994). Por outro lado, nos programas de melhoramento de plantas, a informação quanto à diversidade e à divergência genética dentro de uma espécie é essencial para o uso racional dos recursos genéticos (Loarce et al., 1996). Assim, Moreira et al. (1994) mencionaram que os estudos sobre a diversidade genética poderiam ser realizados a partir de caracteres morfológicos de natureza qualitativa ou quantitativa.

A abordagem multivariada para análise dos dados obtidos nas avaliações dos acessos em bancos de germoplasma é a mais adequada, uma vez que são mensurados vários caracteres em uma mesma unidade amostral. Os métodos mais utilizados são as medidas de distâncias, análises por componentes principais, análise por variáveis canônicas e os métodos de agrupamento (Moreira et al., 1994; Cruz et al., 2004). No BAG, estão também acessos de trabalho dos melhoristas, nomeadamente materiais de elite, linhagens, progênies etc. Os acessos de *Phaseolus vulgaris* L. usados na caracterização no presente trabalho são materiais de coleta proveniente de distintas localidades das diferentes regiões ecogeográficas do Brasil. Basicamente consta de material coletado nas regiões do Centro-Oeste, Sudeste, Nordeste e Sul. Os dados de passaporte de coleta desse germoplasma indicam maioria vinda de campos de agricultores, outras em feira livre e nas margens de rodovias. Tais acessos são do grupo carioca. De um montante de 126 acessos tradicionais do grupo comercial carioca e com caracterização morfoagronômica e ecogeográfica, 49

acessos foram selecionados, baseando-se nos dendrogramas gerados de trabalho de caracterização morfoagronômico, com um número reduzido de descritores (Oliveira et al., 2008). Na escolha de tal grupo de cor, pesou o fato da popularidade do grupo comercial carioca, o mais plantado e difundido no mercado brasileiro de feijões.

Segundo Parella et al. (2008), no contexto econômico, a preferência do mercado consumidor é por cultivares de feijão com grãos semelhantes ao da cultivar carioca. Entretanto, a escolha do feijoeiro comum como material de estudo não foi apenas por esta cultura ser amplamente difundida no Brasil o maior produtor e consumidor mundial mas, ainda, porque esta leguminosa é também muito cultivada em Angola pelos camponeses ou pequenos agricultores, em distintas regiões do país, predominantemente nas regiões norte, centro, sul e litoral (Diniz, 1998). É também uma cultura de alto valor nutricional, que aparece muito na dieta das populações. Nas distintas regiões onde é cultivada observa-se sua considerável diversidade genética. A diversidade de solos e de clima existente nesses países justificam esta variabilidade nas culturas alimentares das populações.

O objetivo deste trabalho foi caracterizar acessos tradicionais de feijão comum, do grupo Carioca, e verificar a variabilidade genética existente intra e inter acessos, buscando promover uma melhor utilização desses acessos pelo programa de melhoramento do feijoeiro comum da Embrapa Arroz e Feijão.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O GÊNERO *Phaseolus*

Segundo Melchior (1964), o gênero *Phaseolus* pertence à ordem *Rosales*, subtribo *Phaseolinae*, tribo *Phaseoleae*, subfamília *Papilionoideae* e família *Leguminosae*. Cronquist (1988) classifica-o como pertencente à subclasse *Rosidae*, ordem *Fabales* e família *Fabaceae*. Suas espécies, especialmente o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), são amplamente distribuídas no mundo todo e, além de cultivadas nos trópicos, também se desenvolvem em zonas temperadas dos hemisférios Norte e Sul, no entanto, o seu número exato ainda é desconhecido. Revisões do gênero indicam que esse número pode variar de 31 a 52 espécies, todas originárias do Continente Americano, sendo que somente cinco são cultivadas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray e *P. polyanthus* Greeman (Debouck, 1991, 1999).

Formas e espécies silvestres de feijão apresentam grande variabilidade e, segundo Toro et al. (1990), a importância de conhecer esse germoplasma reside no fato de poder ser utilizado como fonte de resistência ou tolerância a doenças, pragas e estresses abióticos. Segundo Vanderborgh (1988), a variabilidade genética só pode ser eficientemente utilizada se for devidamente avaliada e quantificada; a descrição das introduções ou acessos é uma necessidade para a manutenção e o potencial de exploração das coleções. Podem-se distinguir duas espécies de material biológico: cultivados e formas silvestres, entre essas, ancestrais silvestres de espécies cultivadas e algumas espécies silvestres verdadeiras, completamente distintas e intocáveis pelo processo de domesticação.

O feijoeiro comum cultivado na África é de origem da América do Sul e América Central. Desde a sua chegada na África têm se adaptado em diferentes condições de cultivo e ambiente. Assim, a África é hoje considerada o segundo centro de diversidade genética desta cultura. Na África são as mulheres que cultivam o feijoeiro. Presentemente, o feijoeiro é cultivado em pelo menos 117 países do Mundo (Global Crop Diversity, 2006).

2.1.1 Origem, domesticação, dispersão e evolução do *Phaseolus vulgaris* L.

Segundo Duran et al. (2005), o feijão comum tem sido domesticado a partir de dois centros de origem: um no Centro da América e outro na América do Sul. Assim, apareceram os dois tipos de *pool* gênicos, o Mesoamericano e o Andino, que se diferenciam em nível morfológico, fisiológico e molecular (incluindo faseolina, proteína, izoenzimas e polimorfismos de DNA).

Segundo Evans (1976), citado por Gepts & Debouck (1991), depois do período da domesticação, o feijão comum foi introduzido noutras regiões do mundo. Dados genéticos baseados na diversidade de faseolina forneceram provável vias de disseminação. Nesse caso, as faseolinas dos dois centros de domesticação, Mesoamerica (cultivares com faseolina “S”) e Sul dos Andes (cultivares com a faseolina “T”) foram disseminadas. Por exemplo, cultivares com faseolina “S” e cultivares com faseolina “T” foram disseminados nas terras baixas da América do Sul e África. Cultivares com faseolina “S” tornaram-se predominantes nas terras baixas da América do Sul (Brasil) e na região sudoeste dos Estados Unidos, enquanto cultivares “T” tornaram-se predominantes na África, Europa e nas regiões do nordeste dos Estados Unidos. Segundo Purseglove (1976), citado por Gepts & Debouck (1991), a via para a introdução na África ainda não é clara. Provavelmente esses feijões tenham sido introduzidos directamente dos Andes (pela zona Sul do Brasil), indirectamente através da Península Ibérica, ou através da zona ocidental da Europa durante o período colonial. Das cinquenta espécies de *Phaseolus*, apenas quatro são cultivadas *P. Vulgaris* L, *P. lunatus*, *P. coccineus*, e *P. Acutifolius*.

2.1.2 Morfologia de *Phaseolus vulgaris* L.

Segundo Vilhordo et al. (1996), a descrição dos caracteres morfológicos do feijoeiro visa a identificação de cultivares para utilização em estudos genéticos e evolutivos, que se realizam, principalmente, em bancos de germoplasma. A informação gerada na descrição dos caracteres morfológicos é útil ao melhorista pois constitui uma fonte significativa de dados a analisar para cruzamentos, seleção e obtenção de novos génotipos promissores. Também útil para controlar a pureza genética e física das cultivares recomendadas. No âmbito da interação génotipo ambiente, os caracteres morfológicos distinguem-se em fixos e variáveis. Os caracteres fixos, identificam o cultivar ou a espécie e são de alta herdabilidade dependendo de um ou poucos genes, como a cor da flor, cor de

cotilédones, entre outros. Os caracteres considerados variáveis, dependem de poucos ou muito genes, e bastante influenciado pelo ambiente.

No estudo da morfologia do feijoeiro comum (*Paseolus vulgaris* L), considera-se no corpo da planta os seguintes órgãos:plântula, raíz, caule, folha, inflorescência, flor, fruto e semente.

A plântula, fase compreendida desde a germinação até ao aparecimento da folhas primárias. Em certas cultivares ocorre uma pigmentação antocianínica que pode estar presente no hipocótilo, cotilédones, epicótilo e nervuras das folhas primarias. As folhas primárias ou primordiais são simples, opostas, in terias, de forma ovalada, cordada ou orbicular, com pecíolos glabros ou ligeiramente pubescentes. O tamanho do limbo foliar é expresso pelo comprimento, medido desde o ponto de inserção até o ápice e pela largura da parte mais larga. Portanto o feijoeiro apresenta dois tipos de folhas: simples e compostas. As únicas folhas simples são as folhas primárias enquanto que as demais folhas são compostas e características desta espécie, inserindo-se nos nós dos caules e das ramificações. As folhas compostas têm três folíolos de tamanho variável segundo a cultivar. O folíolo central é simétrico e acuminado, com pecíolo contendo duas estípelas. Entretanto os folíolos laterais são assimétricos, acuminados, geralmente com pecíolos glabros, com uma estípela linear cada um. Na atividade de caracterização considera-se o folíolo central de folhas completamente desenvolvidas. Segundo Vilhordo et al. (1996), os folíolos são classificados em acuminada, bruscamente acuminada e longamente acuminada. Em relação a cor das folhas, é verde e a tonalidade é característica da cultivar. Assim na determinação deste parâmetro é recomendado o uso de tabelas padronizadas de cores, levando-se em conta que a cor pode ser alterada em condições ambientais adversas.

Segundo Puerta Romero (1961), citado por Vilhordo et al. (1996), o tamanho foliar é calculado apenas no folíolo central, é expresso pelo comprimento medido ao longo da nervura central, desde a base do folíolo até o ápice do mesmo, e pela largura do folíolo no ponto mais largo, tomada perpendicular à nervura central. Este caracter embora variável, mas é específico da cultivar.

Relativamente ao sistema radicular, é ramificado havendo uma raíz principal que no seu colo se derivam as raízes secundárias. Outras raízes secundárias desenvolvem-se mais abaixo sobre a raíz principal e, lateralmente, formam-se raízes terciárias sobre as secundárias e novas ramificações sugem sucessivamente. Interessa referir que nas partes jovens dessas ramificações encontram-se pêlos absoventes que aumentam a capacidade de

absorção da raiz. Quanto à amplitude do sistema radicular varia segundo as condições físicas do solo, tais como estrutura, porosidade, aeração, capacidade de retenção de umidade, temperatura, entre outras. Em condições muito favoráveis, as raízes podem alcançar mais de um metro de comprimento.

Relativamente ao caule, tem origem a partir do meristema apical do embrião, situado no ápice do epicótilo. Entretanto uma sucessão de nós e entre nós originam-se acima das folhas primárias, de forma dinâmica e ascendente. Os nós constituem os pontos de inserção das folhas no caule e os entrenós são os espaços entre dois nós. Contudo nas axilas das folhas encontram-se as gemas que darão origem às ramificações laterais ou às inflorescências. Ao primeiro nó do caule é designado nó cotiledonar, onde se inserem os cotilédones que são opostos. Estes, ao caírem deixam cicatrizes. Os demais são de disposição alterna. Segundo Vilhordo et al. (1996), o número de nós no caule principal está relacionado com o tipo de hábito de crescimento. Vilhordo et al. (1980), propuseram a seguinte classificação, baseada principalmente no tipo de orientação de suas ramificações:

Tipo I- determinado arbustivo, com ramificação erecta e fechada

Tipo II- indeterminado, com ramificação erecta e fechada

Tipo III- indeterminado, com ramificação aberta

Tipo IV- indeterminado, prostrado ou trepador

Os autores concluíram mediante observações realizadas que o número de nós não era ideal para a identificação dos tipos de crescimento, devido a variação de cinco a oito no tipo de crescimento determinado e de oito a treze nas do tipo indeterminado. Refiriram-se também ser impróprio pelo comprimento do guia (parte do caule que se sobressai tendendo a enrolar-se nas plantas vizinhas), devido a existência de uma possibilidade modificadora sobre o fenótipo.

Referindo-se a relação entre número de nós e rendimento de grãos, Portes (1996) afirmou que, como as flores (estruturas reprodutivas) se originam dos nós, se esperaria que quanto maior o número de nós, maior seria o rendimento, porém Davis & Evans (1977), citado por Portes (1996), demonstraram existir correlação fenotípica negativa entre o rendimento e o número de nós por planta.

Segundo Portes (1996), os nós distinguem-se em reprodutivos, quando possuem a estrutura reprodutiva, e vegetativos quando não os possuem. Considerou o Índice Reprodutivo (IR) como sendo a relação entre o número de nós reprodutivos divididos pelo número total de nós.

Na relação entre produção de grãos procedentes da haste principal e dos ramos laterais, Andrews & Hardwick (1981) mostraram que houve correlação inversa entre o rendimento obtido dos ramos e o rendimento obtido da haste principal ($r = -0,61$). A relação entre o rendimento dos ramos (R_r) e o rendimento da haste (R_h) (ambos expressos em g/planta) pode ser expressa aproximadamente pela equação: $R_r = 8,32 - 0,53R_h$. Além disso, foram encontradas variabilidades genéticas para esta relação.

Relacionando-se ao padrão de floração do feijoeiro, Portes (1996), afirma que o feijoeiro tem a capacidade de produzir quantidade de flores bastante superior à quantidade final de vagens fixadas. Considerou que a diferença entre a quantidade de flores produzidas e a quantidade final de vagens maduras representa o percentual de flores e vagens pequenas (menor que 2,0 centímetros) abortadas, podendo ser calculado pela equação: $\% F = \frac{n^{\circ} \text{ flores abertas} - n^{\circ} \text{ vagens maduras}}{n^{\circ} \text{ flores abertas}} \times 100$. Afirou que esta porcentagem varia de genótipo para genótipo, e com fatores ambientais. Entretanto, Mariot (1976), Subhabrabandhu et al. (1978) e Silveira et al. (1980), citado por Portes (1996), consideram que a porcentagem de abortamento natural ser alta.

Sobre a área foliar e rendimento dos grãos, Portes (1996) mencionou que o rendimento de *Phaseolus* dependia do índice da área foliar no florescimento. Mencionou caso a haste principal e os ramos laterais funcionassem de maneira autônoma (nesta etapa de crescimento), maior crescimento dos ramos resultaria em aumento da área foliar, e assim maior interceptação de luz e conseqüentemente maior produtividade de matéria seca e de grãos. Brandes et al. (1971) também se referiram que o índice de área foliar cresce com a densidade de plantio, esperando-se portanto, maior produtividade em densidades maiores. Contudo, nem sempre estes parâmetros funcionam conforme acima relatado. Davis (1945), citado por Portes (1996), verificou que a correlação entre a área foliar e o rendimento pudesse ser positiva ou negativa, dependendo das condições climáticas na fase das vagens.

Sobre a morfologia floral, é formado pelo cálice e pela corola. O cálice é verde e coberto por bractéolas grandes. A corola é composta de cinco pétalas que podem ser brancas, rosadas ou violáceas. A pétala maior é a estandarte, as pétalas medianas são as duas asas, e as duas últimas, soldadas uma a outra, formam a quilha. No seu interior estão os órgãos masculino (androceu), e feminino (gineceu). É sabido que o androceu compõe-se de dez estames sendo nove aderentes pelo filete e um livre. O gineceu é unicarpelar, com

ovário estreito e alongado. Os óvulos se encontram distribuídos em linha dentro do ovário. Contudo na extremidade superior do estilete se encontra o estigma que possui pêlos na face inferior, úteis para reter os grãos de pólen, por ocasião da polinização.

Segundo Weinstein (1927), citado por Portes (1966), sendo o feijoeiro uma planta autógama, no momento da abertura da flor os grãos de pólen caem sobre o estigma, iniciando o processo de fertilização com duração de oito a nove horas. No estigma os grãos de pólen iniciam a emissão do tubo polínico por onde passarão os núcleos sexuais. Assim o tubo polínico penetra no estilete, se alongando até alcançar os óvulos dentro do ovário. Atravessa a micrópila, permitindo assim, no interior do óvulo, a fusão dos núcleos sexuais masculino e feminino, completando a fertilização.

Relativamente ao fruto (vagem), segundo Vilhordo et al. (1996), é constituído de duas valvas, unidas por duas suturas sendo uma dorsal (placentária) e outra ventral. As sementes prendem-se à sutura ventral, em disposição alterna. Entretanto a forma da vagem é usada na identificação de cultivares sendo arqueado, semi-arqueado, ou recurvado. A classificação é baseada no grau de curvatura do eixo central do fruto. Contudo, Steinmetz & Arny (1932), citado por Vilhordo et al. (1996), a extremidade apical da vagem também é considerada, diferenciando as seguintes partes: ápice e dente apical. Assim o ápice distingue-se em abrupto, quando a largura diminui bruscamente, e afilado, quando a diminuição é gradual enquanto que o dente apical, quanto à forma é reto ou arqueado, e quanto à posição é marginal (estando em alinhamento com a sutura ventral do fruto) e não-marginal (não estando em alinhamento com a sutura ventral).

Segundo Puerta Romero (1961), o tamanho da vagem, é determinado pelo comprimento e largura da vagem. Assim o comprimento (cm) do eixo central da vagem é medido excluindo-se o dente apical. A largura em (mm) é medida com auxílio de um paquímetro na altura do segundo grão a partir do ápice.

A classificação do dente apical segundo o tamanho foi o seguinte: longo, (com mais de 10 mm de comprimento); médio (entre 6 a 10 mm) e curto (menor do que 6 mm). Relativamente a cor das vagens, segundo Vilhordo et al. (1996) recomendam o uso de tabelas de cor-padrão. A cor do fruto (vagem) é típica de cada cultivar podendo ser uniforme ou não, e aconselha-se a observar em três etapas: ao atingir o tamanho máximo, fase de enchimento de grãos e após colheita qdo as vagens estiverem secas.

Em relação ao número de vagens por planta, Vilhordo & Muller (1981), observaram ocorrer menor número de vagens por planta, em cultivares com hábito de

crescimento do tipo I do que nos tipos II e III. Por sua vez, nas cultivares de tipo III, o número de vagens por planta pode ser menor ou maior do que nas pertencentes ao tipo II.

Segundo Vilhordo et al. (1996), o número de sementes por vagem varia de quatro a sete, segundo a cultivar. Entretanto, Vilhordo & Muller (1981) constataram que as cultivares do grupo manteigão, apesar de terem legumes maiores do que as demais grupos comerciais, exceto a cultivar Turrialba 4 (grupo Preto), apresentaram menor número de sementes por vagem.

Vilhordo et al. (1996) definiram a constituição da semente do feijoeiro pelas seguintes partes: testa, que corresponde à membrana secundária do óvulo; é a parte protetora da semente, onde se localizam os pigmentos; rafe, é uma sutura formada pela soldadura do funículo com os tegumentos externos do óvulo (na vagem a rafe se posiciona em direção ao pedúnculo); hilo, corresponde à cicatriz deixada pelo funículo que conecta a semente com a placenta; micrópila, é a abertura próxima ao hilo através da qual se realiza a absorção de água. Dentro das vagens as micrópilas estão dispostas em direção ao ápice. Contudo, a parte interna da semente é formada pelo embrião constituído das seguintes partes: plúmula, hipocótilo, radícula e dois cotilédones. A plúmula, compõe-se de um meristema apical e de duas folhas mais ou menos desenvolvidas, que são as folhas primárias. O hipocótilo corresponde à região de transição entre a plúmula e a radícula. Esta, por sua vez, é a raiz do embrião que origina o sistema radicular. Cotilédone corresponde à folha seminal ou embrionária que contém as reservas necessárias à germinação e ao desenvolvimento inicial da plântula.

Relativamente ao tamanho da semente, Mateo Box (1961), citado por Vilhordo et al. (1996), classificou o tamanho da semente baseado no peso de cem sementes, sendo em: muito pequenas (< 20 g), pequena (20 g a 30 g), média (30 a 40 g), normal (30 g a 50 g), grande (> 50 g). Entretanto, Puerta Romero (1961), procedeu a classificação com base na forma da semente, considerando dois coeficientes: J, referindo-se ao comprimento da semente, e H, para a espessura também da semente. Assim obtinha-se o $J = \text{comprimento/largura}$, e o $H = \text{espessura/largura}$. Dependendo dos valores de J em milímetros, as sementes poderiam ser classificadas em : esférica (1,16 a 1,42); elíptica (1,43 a 1,65); oblonga ou reniforme curta (1,66 a 1,85); oblonga ou reniforme média (1,86 a 2); oblonga ou reniforme longa (maior que 2). Em relação ao coeficiente H (mm) poderiam ser classificadas em achatadas (< 0,69); semi-cheia (0,7 a 0,79), e Cheia (> 0,80). Referente a cor da semente, segundo Vilhordo et al.(1996) foi objeto de vários estudos

devido a importância para aceitação no mercado como na identificação botânica. Entretanto, Moh & Alan (1971) afirmaram existir uma estreita relação entre a das plântulas. Portanto sementes brancas possuíam cotilédones, hipocótilo, e nervura das folhas primárias verdes, enquanto que sementes pretas possuíam estas partes da plântula avermelhadas. Abrahão (1960), também citado por Vilhordo et al. (1996), classificou cultivares e linhagens de feijoeiro em grupos comerciais com base nas observações sobre o tipo de planta e a cor das sementes. Entretanto, Vilhordo (1978) concluiu a classificação em grupos comerciais com base na cor das sementes fossem feitas logo após a colheita para ter validade, pois este carácter muda com o tempo de armazenamento. Relativamente ao brilho da semente, segundo Vilhordo et al. (1996), é um carácter usado para identificação das cultivares, podendo-se adotar a classificação do CIAT (1976), que classifica as sementes em opaco, intermediário e brilhoso.

2.2 EROÇÃO GENÉTICA DE CULTURAS ALIMENTARES

A diversidade genética das espécies é crucial para manter a capacidade natural de responder às mudanças climáticas e a todos os tipos de estresses bióticos e abióticos, mas o que se observa recentemente é uma perda acentuada da diversidade genética, sobretudo, devido à ação do homem, substituindo de forma avassaladora as variedades locais por variedades modernas, híbridos e, mais recentemente, pelos transgênicos. Interessa referir aqui o predomínio da uniformidade gênica em que esses organismos estão inseridos, comprometendo muitas vezes a sua resistência às mudanças climáticas e a resistência/e ou tolerância a diferentes tipos de estresses, provocando, assim, o que chamamos de erosão genética (Machado, 2010).

Hawkes (1983) afirma que nos princípios dos anos de 1950 começou-se a ser manifestada a preocupação quanto ao desaparecimento da variabilidade genética das plantas cultivadas nos centros de diversidade. Esta situação ficou evidenciada pois, com o surgimento de melhores variedades devido ao sucesso dos trabalhos de melhoramento, estas foram substituindo gradualmente formas de populações primitivas e landraces, em regiões onde existia diversidade genética. Assim, a revolução verde mereceu elogios ao trazer variedades modernas e produtivas que foram introduzidas nos países do terceiro mundo, ajudando a resolver problemas alimentares. Por outro lado, foi criticada, pois causou uma catastrófica erosão genética especialmente nos países da Turquia, Iraque,

Afeganistão, Paquistão, e Índia. Devido a estes acontecimentos, a Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO), juntamente com a Comissão Internacional de Recursos Genéticos Vegetais (*International Board for Plant Genetic Resources – IBPGR*) tomaram ações nesta matéria de erosão genética, que se difundiam em várias partes do Mundo. Desta forma, a preservação da diversidade, quer em reserva natural e em coleção de germoplasma ou banco de genes, iniciou-se com prioridade na conservação do património genético.

Hawkes (1983) afirma que H.V. Harlan foi, talvez, o primeiro a comentar a redução dos recursos genéticos quando disse em 1936 o seguinte: “Em certas terras costeiras da Ásia provavelmente ocorreram campos de cevada quando o homem era jovem. A progênie desses campos com todas as suas variações de sobrevivência constitui uma inestimável reserva de germoplasma mundial. Infelizmente, sob ponto de vista dos melhoristas, está agora em perigo. Quando novas cevadas substituïrem aquelas cultivadas pelos agricultores da Etiópia ou Tibet, o Mundo terá perdido qualquer coisa insubstituível.” Apesar deste retrato ocorrer nos anos de 1950, a verdade é que segundo White (1958), citado por Hawkes (1983), o interesse da FAO nos recursos genéticos iniciou-se em 1947, quando o Subcomite em Plantas e Pecuária recomendou o intercâmbio livre deste material vegetal em nível mundial. Em 1961, a Divisão da FAO para a Proteção e Produção Vegetal, realizou uma reunião técnica sobre a Introdução e Exploração Vegetal. Neste encontro, sugeriu-se o estabelecimento de “Centros de exploração” em várias partes do Mundo, viabilizando que materiais importantes fossem colhidos e estudados em Centros de Diversidade com eficiência. É assim que o Centro de Pesquisa e Introdução de Plantas Cultivadas da FAO foi estabelecido em Izmir, Turquia. Por outro lado, informações sobre coleções a serem realizadas, assim como listas das plantas cultivadas, já foram divulgadas pela revista publicada pela FAO em 1957, designada *Plant Introduction Newsletter*. Esta foi aperfeiçoada e em 1971 passou a designar-se *Plant Genetic Resources Newsletter*. Neste mesmo ano (1971) foi criado o Grupo Consultivo para Investigação Agrícola Internacional (*The Consultative Group on International Agricultural Research - CGIAR*). Pistorius (1997) afirma que a primeira reunião preparatória do estabelecimento do CGIAR ocorreu em 1969. Nesta reunião estiveram presentes vários institutos internacionais, FAO, Programa das Nações Unidas para o Desenvolvimento (*United Nations Development Programme- UNDP*), Banco Mundial, e as Fundações Ford e Rockefeller. O motivo

principal desta reunião foi estruturar uma rede internacional de investigação para promover e consolidar os avanços da Revolução Verde.

Após o estabelecimento do CGIAR, realizou-se uma reunião em 1972 com peritos em recursos fitogenéticos sendo a FAO representado por Otto Frankel, e Jorge León. Estiveram ainda presentes John Creech, Jack Harlan da Universidade de Illinois e Jack Wakes da Universidade de Birmingham. Fizeram parte também do grupo, T.T. Chang do IRRI, M. Gutierrez do CIMMYT e Dieter Bommer do banco de germoplasma da Alemanha em Braunschweig. Neste encontrou emergiu o projeto de estabelecimento da rede mundial dos centros de recursos genéticos (Pistorius, 1997) cujo plano constava de quatro elementos principais, sendo:

- a) Um centro de coordenação, (que mais tarde deu origem ao Conselho Internacional para os Recursos Fitogenéticos (*International Board for Plant Genetic Resources- IBPGR*)).
- b) Estimular o estabelecimento de banco de germoplasma em centros internacionais já existentes nos países em vias de desenvolvimento. Estes centros são: IRRI, estabelecido em 1960; CIMMYT em 1966; CIAT em 1967 e IITA em 1968.
- c) Estabelecer bancos de germoplasma em novos centros internacionais, (*West African Rice Development Association -WARDA* em 1971; *International Potato Centre, CIP* em 1971; e *International Crops Research Institute for Semi-Arid Tropics, ICRISAT*, em 1972).
- d) Estabelecimento de novos centros regionais, isto é, centros de diversidade de culturas alimentares.

Em 1973, o CGIAR juntamente com a FAO acordaram em estabelecer uma instituição para estimular e coordenar as atividades dos recursos genéticos no mundo. Assim foi estabelecido a Comissão Internacional de Recursos Genéticos Vegetais (*International Board for Plant Genetic Resources – IBPGR*), em que primeiro encontro realizou-se em Junho de 1974. A partir daí, começou-se a desenvolver toda a atividade da área de recursos genéticos vegetais, mediante elaboração de programas regionais em várias partes do mundo.

2.3 HISTÓRIA DA ORIGEM DA CULTIVAR CARIOCA

Segundo Globo Rural (2007), na resenha histórica da origem da cultivar carioca, o cultivar foi lançado em 1969 por Agrônomo Luiz D'Artagnam de Almeida, no Instituto Agronômico de Campinas (IAC) em São Paulo. Entretanto, antes de D'Artagnam

no IAC como pesquisador, o coletor de material foi o Doutor Valdimir Coronaldo Antunes, em 1962, na sua lavoura de feijão chumbinho que então ele tinha plantado para seu consumo, e observou o aparecimento desta planta com características diferentes ficando sem saber se fosse resultado de uma mutação ou cruzamento natural, para surgimento desta variedade. O Doutor Valdimir multiplicou o feijão mutante e mandou a amostra que foi parar nas mãos de D'Artagnam.

Segundo Bulsani (2010), a atenção pelo carioca foi devido esta cultura ter demonstrado maior vigor, resistência a doenças, observado em cultivo com outras variedades. Por esta razão foi selecionada, multiplicada, e distribuída para várias regiões ecogeográficas do Brasil.

Quanto ao nome de Carioca, pensava-se que o nome fosse uma homenagem a calçada de Copacabana, pois a ondulação das pedras lembram o rajadinho do feijão. Na realidade o nome se deveu à semelhança com o porco carioca que é todo pintado (Globo Rural 2007).

Durante quarenta anos, o material tem mostrado adaptação em diversas regiões ecogeográficas. A adaptação à diversidade ecogeográfica é o resultado da ampla variabilidade genética existente no carioca original, cultivado em sistema de cultivo tradicional, onde se verifica o cultivo de várias cultivares no mesmo campo de cultivo. É precisamente esta variabilidade genética que constitui interesse nos programas de melhoramento, que, segundo Bulsani (2010), inúmeros programas de melhoramento genético vegetal brasileiros, usaram o cultivar carioca como um dos parentais, e disponibilizaram aos produtores e ao mercado consumidor algumas dezenas de novos cultivares “carioca” que foram substituindo o genoma inicial, cada qual com peculiaridades próprias, especialmente de produtividade, resistência a pragas e moléstias, e arquitetura de planta mais adequada à colheita mecanizada, porém mantendo os grãos a forma, cor e qualidade culinárias do material original.

2.4 A PROPORÇÃO DAS CULTIVARES E VARIEDADES CRIOULAS NA PRODUÇÃO DO FEIJÃO NO BRASIL

O feijoeiro comum (*P. vulgaris*) é uma cultura amplamente difundida no Brasil, que é o maior produtor e consumidor mundial. Assume um grande valor social uma

vez que se constitui na base da alimentação da população brasileira. Segundo Couto et al (2005), o feijoeiro é cultivado em, praticamente, todos os estados brasileiros, principalmente no Paraná, Minas Gerais, Bahia, São Paulo, e Goiás representando, conjuntamente, mais de 50% da produção. A produção total de feijão no Brasil, em 2009 foi de 3,504313 milhões de toneladas (IBGE 2010).

Relato histórico de Hoehene (1937), citado por Burle (2008), destaca que diferentes tipos de feijões cultivado pelos nativos brasileiros eram feijões de diversas cores, que variaram de preto ao vermelho e multicolor branco-preto. Este relato foi sustentado por Vieira (1972), referindo-se que muito provavelmente durante centena de anos, imensa variedades de feijão comum, foram cultivados no Brasil.

Referindo-se à produção total de feijão no Brasil, segundo Vieira (1972) reafirmado por Yokoyama (2000), a maior proporção era produzida pelos pequenos agricultores, mediante uso das suas próprias sementes ou variedades crioulas. Uma menor proporção vinha do uso de variedades melhoradas. Entretanto, este quadro mudou nos anos 2001-2008. A indicação da produtividade do feijão no Brasil, aumentou consideravelmente, que comparado com os anos anteriores, aumentou o uso das variedades melhoradas, e diminuiu o uso das variedades tradicionais. Segundo Costa (2009) (comunicação pessoal), um dos fatores que estiveram na diminuição do uso das variedades crioulas foram o fatores sócio-económicos, nomeadamente a migração para outros estados, a procura de maior área de cultivo, e pórem praticando uma outra cultura. Muitos destes pequenos agricultores, transformaram-se em médios agricultores, com outro tipo de culturas.

Segundo dados do IBGE (2008) a produtividade total de feijões no Brasil é de 3.500.000 t/ano. Desse montante, aproximadamente 2.500.000 t/ano são de feijão comum e o restante são de outros tipos de feijões como os feijões caupi. Tal sucesso de produtividade é o resultado de maior uso das variedades melhoradas, em detrimento das variedades crioulas, quer a nível da agricultura familiar ou agricultura empresarial. A mudança de tecnologia também contribuiu muito para esta cifra, pois a prática de cultivo na terceira época é por irrigação e veio contribuir bastante.

2.5 CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO EM BANCOS DE GERMOPLASMA

2.5.1 Aspetos gerais de caracterização de germoplasma

Os acessos conservados nos bancos de germoplasma devem ser caracterizados e avaliados, pois de contrário, terão pouca utilidade. A caracterização e avaliação geram informações relacionadas às características morfológicas, fisiológicas, agronômicas, assim como outros atributos importantes nomeadamente tolerância ao estresses biótico e abiótico. Essas características irão auxiliar na escolha dos acessos potencialmente interessantes para a utilização em programas de seleção e melhoramento genético (Idris & Saad, 2001). A caracterização e a avaliação, além de gerarem informações sobre cada acesso, também têm como objetivos, mensurar a variabilidade genética e fenotípica presente na coleção, e identificar genes especiais e ou alelos raros. Os resultados desses estudos poderão ser utilizados para identificar a necessidade ou não de se agregar mais materiais ao banco de germoplasma, selecionar materiais ou grupos de materiais interessantes para o melhoramento genético, identificar duplicatas e, ou, materiais muito semelhantes (Engels & Visser, 2003).

Os descritores geralmente utilizados neste estudo são baseados aos do *International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI)*.

Entretanto, combinando-se com os dados dos sítios de coleta dos acessos, também é possível identificar locais de grande diversidade (*hot pots*), que são locais em que a coleta deve ser intensificada e aqueles cuja amostragem realizada já foi suficiente, além de possibilitar a investigação da influência ambiental sobre a variabilidade genética e fenotípica (Hidalgo, 2003).

Segundo Valls (1988), no processo de caracterização e avaliação de acessos, destacam-se cinco etapas subsequentes e correlacionadas: a correta identificação botânica, a elaboração de cadastro, a caracterização, a avaliação agronômica preliminar e a avaliação complementar. O responsável por essas atividades é o curador do germoplasma, que além de coordenar todas as ações pertinentes ao produto, deve agregar uma equipe multidisciplinar para conduzir as avaliações e, também, organizar e disponibilizar as informações sobre os acessos (Valls, 1988; Idris & Saad, 2001; Nass, 2001).

A avaliação agronômica preliminar é feita baseada em caracteres quantitativos, e estes são controlados por muitos genes e também fortemente influenciados pelas condições ambientais. Neste caso, são tomados dados básicos sobre o potencial agronômico de cada acesso, como, por exemplo, diâmetro e altura da planta, ciclo, resistência a pragas e doenças (Valls, 1988; Nass, 2001; Hidalgo, 2003; Valls, 2007). O

ideal, entretanto, seria que os dados desse tipo de avaliação estivessem disponíveis para todos os acessos, considerando serem dados primordiais para a definição dos acessos potenciais a serem incorporados aos programas de melhoramento genético. Contudo estima-se que 90% de todos os acessos armazenados em bancos de germoplasma não possuem dados de avaliação preliminar (Peeters & Williams, 1984).

Após a avaliação agronômica preliminar, selecionam-se os acessos com maior potencial, que devem ser avaliados mais detalhadamente, em avaliações complementares. Os caracteres devem, então, ser escolhidos de acordo com o interesse de utilização da espécie (Valls, 1988; Hidalgo, 2003). Além disso, recomenda-se que essa avaliação seja feita nos mesmos locais onde se espera que os genótipos possam ser aproveitados, devido à influência ambiental sobre os caracteres. Nesse caso, também pode ser inserido nos procedimentos de avaliação, algum tipo de controle para se estimarem os efeitos ambientais sobre os caracteres (Valls, 1988; Nass, 2001; Hidalgo, 2003), uma vez que nesta fase se espera maior disponibilidade de sementes e menor número de acessos a serem avaliados.

Presentemente, conforme discutido por Allem (2003), existe grande polêmica sobre a prática de se armazenar a longo prazo materiais não adaptados ou de baixo valor agronômico. Os defensores desta visão designada de utilitária, acreditam que somente deveriam ser armazenados os acessos que tenham valor agronomico, e não todos os acessos coletados, como defendem os chamados generalistas ou conservacionistas. Os primeiros ainda defendem que a caracterização deveria ser feita apenas para a identificação de duplicações e para auxiliar no estabelecimento de coleções nucleares. Outros, mais radicais, ainda preconizam que a caracterização teria menor importância do que a avaliação agronômica, de modo que somente os materiais aprovados agronomicamente deveriam ser submetidos à caracterização (Goodman, 1990). Entretanto, os generalistas ou conservacionistas, por sua vez, defendem que esse tipo de estratégia provocaria redução da variabilidade, pela seleção de acessos semelhantes às cultivares utilizadas, principalmente nas coleções de culturas tradicionais. Além disso, considerando-se as espécies silvestres, o grande processo de erosão genética causado pela ação antrópica nos centros de origem e de diversidade, levaria à perda de alelos importantes para o futuro da agricultura, que poderiam ser conservados *ex situ* nos bancos de germoplasma (Allem, 2003). Um outro factor importante é a possibilidade de demandas futuras por mudanças no padrão agrônomico de espécies cultivadas, em que a existência da variabilidade morfológica seria

fundamental para o processo de melhoramento. Contudo, a mesmo raciocínio vale para a introdução de espécies em outras regiões, não tradicionais, em que outros alelos poderiam conferir maior vantagem para o cultivo.

2.5.2 Caracterização morfoagronômica

Hidalgo (2003) destaca que as caracterizações morfológicas são diretamente influenciadas por três fatores limitantes, comuns na maioria dos bancos de germoplasma em todo o mundo, que devem ser considerados no planejamento das atividades. O primeiro fator é a limitação do material disponível, em quantidade e qualidade, que restringe o número de plantas, o número de repetições e a escolha de caracteres para a avaliação. Um segundo factor é a carência dos dados de passaporte dos acessos, que, muitas vezes, são coletados de forma oportunista, em razão do bom aspecto agrônomico da planta, sem que se tenha o cuidado de tomar os dados de forma adequada, isto é mencionando a localização geográfica, tipo de solo, utilidade etc etc. Ainda sobre os dados de passaporte, muitas vezes é feita a introdução do germoplasma, sem os dados de passaporte, que ainda estão sendo organizados pelo coletor e, com o passar do tempo, esses dados podem não ser enviados. O terceiro factor é a baixa disponibilidade e qualidade da infra estrutura, aliada à falta de recursos financeiros e humanos, disponíveis nas instituições.

Em regra as plantas utilizadas para a avaliação são as mesmas que se utilizam para a multiplicação do germoplasma. Entretanto para a condução dos ensaios de avaliação e caracterização é preciso que se tenha profundo conhecimento sobre a biologia da espécie, sobretudo em seus aspectos reprodutivos, pois permite determinar maneira mais adequada para, por exemplo, se multiplicarem as sementes (Valls, 1988). Além disso, somente com o conhecimento sobre a espécie o curador poderá colaborar na elaboração da lista de descritores ou dos caracteres agronômicos a serem aplicados nas avaliações. Esse conhecimento, sobretudo para as espécies silvestres, também é importante na condução dos ensaios, para se evitarem perdas de acessos (Nass, 2001; Hidalgo, 2003; Valls, 2007).

A escolha dos caracteres a serem avaliados na caracterização morfoagronômica deve ser feita, de preferência, por uma equipe multidisciplinar, incluindo, necessariamente, o curador e o melhorista local (Nass, 2001). Neste caso, sempre se deve ter em relevância, o poder do carácter em discriminar os acessos, a complexidade ou não da sua mensuração,

o número de acessos a serem testados, a estrutura e os recursos disponíveis (Idris & Saad, 2001). Deve-se evitar, ainda, escolher caracteres muito correlacionados, pois estes são pouco informativos e aumentarão o trabalho da pesquisa (Cruz et al., 2004).

Para se ter maior representatividade e confiabilidade nos dados, recomenda-se que a avaliação seja feita em três a cinco plantas por acessos e em duas ou mais repetições, se possível (Valls, 1988; Nass, 2001; Hidalgo, 2003). Caso não seja possível incluir repetições, é necessário que se escolha uma área bastante homogênea e que se faça rigorosa padronização na correção e adubação do solo. Um a prática bastante difundida, nesse tipo de avaliação, é a subdivisão da área em maior número possível de sub-áreas (talhões). Nesse caso, amostra-se o solo separadamente nestes talhões, fazendo-se, posteriormente, a recomendação e aplicação de adubos e correctivos de forma específica para cada sub-área.

Com enfoque na seleção dos descritores morfoagronômicos para caracterizar acessos de cupuaçu (*Theobroma grandiflorum*), Alves (2002) testou 53 descritores, quatorze associados a características de folhas, dezoito à flor, dezasseis ao fruto e cinco descritores agronômicos. Com os dezanove descritores restantes, foram caracterizados 31 acessos, concluindo-se que a coleção possuía ampla variabilidade fenotípica.

Netto et al. (2004) utilizaram caracteres morfoagronômicos, quantitativos e qualitativos, para avaliar uma coleção núcleo de milho, do tipo endosperma duro, contendo 58 acessos. Dez plantas de cada acesso foram utilizadas para a coleta de dados em 32 caracteres, entre eles, floração masculina e feminina, ramificação do pendão, altura da planta, diâmetro da espiga, cor do endosperma, forma da primeira folha, altura de inserção da espiga, peso de mil sementes. Destes, os três últimos foram identificados como os caracteres de maior importância para discriminar os acessos da coleção.

2.5.3 Análise multivariada para dados de banco de germoplasma

Segundo Kendall (1980), citado por Silva (1999), a análise multivariada é um ramo da estatística que trata das relações entre grupo de variáveis dependentes e os indivíduos nas quais elas se apresentam. Esta análise se considera um grande número de caracteres simultaneamente.

Contudo as metodologias aplicadas ao estudo das coleções de germoplasma, baseam-se em estatísticas uni ou multivariadas. Os métodos mais utilizados são as análises por componentes principais e de variáveis canônicas, e os métodos de agrupamento

(Moreira et al., 1994; Cruz et al., 2004). Segundo Moreira et al. (1994), o enfoque de estudo destaca-se na análise da diversidade genética, no estudo de divergência genética, e na classificação dos acessos de coleção.

2.5.3.1 Análise de componentes principais

A análise de componentes principais (ACP), segundo Cruz & Carneiro (2006), é uma das técnicas multivariadas de maior aplicação no melhoramento genético, por permitir a simplificação do conjunto de dados, resumindo as informações, originalmente em um grupo de n variáveis, em poucos componentes, que apresentam as propriedades de reterem o máximo da variação originalmente disponível e serem independentes entre si. A técnica de ACP, baseia-se apenas nas informações individuais de cada acesso, sem haver necessidade de dados com repetição. Em estudos sobre divergência genética entre grupos de cultivares é desejável que a variância acumulada nos dois primeiros componentes principais exceda 80%. Assim, a distorção das coordenadas de cada cultivar ou acesso, no gráfico de dispersão em que os eixos são os componentes principais, será considerada aceitável e as inferências no estudo da diversidade genética, satisfatórias. Entretanto, nos casos em que este limite não é atingido nos dois primeiros componentes, a análise pode ser complementada com a dispersão gráfica em relação ao terceiro e quarto componentes (Cruz et al., 2004).

Segundo Philippeau (1986), citado por Karia (2008), a técnica ACP permite a identificação das variáveis que estão mais associadas entre si ou não, a visualização da distribuição dos indivíduos e identificação dos acessos mais semelhantes e mais divergentes uns dos outros, e também a identificação das variáveis que mais contribuem para a diferenciação dos acessos. Entretanto, Chiorato et al. (2005) relataram que o ACP na área dos recursos genéticos vegetais tem sido empregada para estimar a variabilidade total disponível em um grupo de genótipos, identificar genitores divergentes para hibridação, estabelecer relação entre diversidade genética e geográfica, avaliar a uniformidade dos cultivos, verificar a importância relativa dos caracteres em avaliações da divergência genética, e para se reduzir o número de descritores utilizados na caracterização e avaliação das coleções de germoplasma.

Na realização da análise geralmente é feita com dados padronizados e a matriz de covariâncias ou de correlação entre esses caracteres ou ainda da matriz de correlação

fenotípica entre caracteres baseados nos dados originais. Entretanto na obtenção dos ACP, é preciso decompor a matriz de covariâncias e determinar os seus autovalores e correspondentes autovetores. Segundo Philippeau (1986), citado por Karia (2008), neste processo de decomposição parte-se da matriz de covariâncias, é visível que a ordem de grandeza das variáveis originais influencia o resultado do ACP. Assim para se evitar esta situação, é recomendável a padronização das variáveis, pelas respectivas médias e desvios padrão obtendo-se novas variáveis centradas em zero e com variâncias iguais a um. Nesta conformidade os resultados do ACP a partir das variáveis padronizadas seriam equivalentes aos do ACP gerado a partir da matriz de correlações das variáveis originais.

Relativamente à importância dos caracteres na divergência genética, segundo recomendações de Jolliffe (1972, 1973) e Mardia et al. (1979), citados por Cruz et al. (2004), tem sido comum descartar o caráter de maior coeficiente (em valor absoluto) a partir do último componente até aquele cujo autovalor não exceda 0,70. Entretanto, no caso de um componente de menor variância e que o maior coeficiente de ponderação for associado a um caráter já previamente descartado, decide-se em não fazer outro descarte com base nos coeficientes daquele componente, mas prosseguir a identificação da importância relativa do caráter no outro componente de variância imediatamente superior.

A técnica de ACP no estudo de avaliação da importância de cada caráter estudado sobre a variação total disponível permite descartar os caracteres que contribuem pouco para a discriminação do material avaliado, permitindo assim o seu descarte em estudos futuros. Isto reduz a mão-de-obra, o tempo e o custo despendidos na experimentação agrícola (Cruz et al., 2004).

2.5.3.2 Análise de variáveis canônicas

A técnica de variáveis canônicas (VC) é similar à de componentes principais. Também permite a simplificação do conjunto de dados, resumindo as informações originalmente contidas em um grupo de n variáveis, em poucas variáveis. Contudo, o grupo de poucas variáveis apresenta as propriedades de reterem o máximo da variação originalmente disponível e serem independentes entre si. Entretanto, na avaliação de acessos em bancos de germoplasma, segundo Cruz et al. (2006), a técnica de variáveis canônicas baseia-se nas informações entre e dentro dos acessos (ou entre indivíduos de cada acesso), havendo, portanto, necessidade de dados com repetições, em nível de

acessos. Nesta técnica leva-se em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados. Esta técnica tem vantagem adicional, pois o princípio do processo de agrupamento baseia-se na distância de Mahalanobis, que é uma medida de dissimilaridade que leva em conta as correlações residuais existentes entre as médias dos tratamentos (acessos, cultivares, progeneitores, dentre outros). No entanto, a distância de Mahalanobis é a distância euclidiana generalizada, calculada num sistema de coordenadas ortogonais. Num gráfico de dispersão de ACP, as distâncias entre acessos têm essa propriedade.

2.5.3.3. Medidas de similaridade e dissimilaridade

As medidas de similaridade ou dissimilaridades mais utilizados para dados quantitativos são a distância euclidiana, a distância euclidiana média, e a distância generalizada de Mahalanobis. A distância euclidiana é dada por :

$$d_{ii} = \sqrt{\sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

Em que x_{ij} e $x_{i'j}$ são as médias dos indivíduos i e i' para a variável j ($j=1,2,\dots,p$ variáveis). Segundo Cruz et al. (2004), o valor da distância euclidiana é alterada com a mudança da escala de medição, é também alterada com o número de caracteres a estudar, acrescido das quantificações em diferentes medidas (peso, comprimento, porcentagens etc); e, finalmente, não leva em consideração a correlação entre os caracteres. Para contornar o problema da escala, recomenda-se a padronização dos dados enquanto para contornar-se a influência do número de caracteres usa-se a distância euclidiana média que é dada por:

$$d_{ii} = \sqrt{\frac{1}{p} \sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2},$$

Outra forma de expressar a dissimilaridade entre dois genótipos, quando ocorre avaliação de características quantitativas, é por meio do quadrado da distância euclidiana média, que é dada por: $d^2 = \frac{1}{p} \sum (x_{ij} - x_{i'j})^2$.

Entretanto a distância euclidiana média padronizada não leva em consideração as correlações residuais, nem correlações das médias ou qualquer outra entre os caracteres mensurados, possíveis de serem quantificados quando as avaliações são realizadas em delineamentos experimentais. Assim, a melhor alternativa é a distância generalizada de

Mahalanobis (D^2). As estimativas das distâncias de Mahalanobis obtêm-se por meio da seguinte expressão:

$$D^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta,$$

em que:

D_{ii}^2 : é a distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' .

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais.

$\delta' = [d_1 \ d_2 \ \dots \ d_j]$, sendo $d_j = x_{ij} - x_{i'j}$

x_{ij} : é a média do i -ésimo genótipo em relação à j -ésimo caracter.

Outra forma de se estimar a distância de Mahalanobis é mediante o cálculo da distância euclidiana, partindo-se de variáveis normalizadas e ortogonalizadas:

$$D_{ii}^2 = \sum_j (z_{ij} - z_{i'j})^2$$

em que: $z_{ij} = \frac{1}{r} \sum_k z_{ijk}$, sendo z_{ijk} a observação do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima variável, na k -ésima repetição, e r é o número de repetições. Interessa referir que, em caso da correlação dos caracteres for nula, a distância euclidiana é igual a distância de Mahalanobis. Entretanto, em caso de não haver repetições, situação bastante comum nas caracterizações e avaliações de acessos em bancos de germoplasma, deve-se fazer uso da distância euclidiana.

2.5.3.4. Análise de agrupamento

A análise de agrupamento, também conhecida por *cluster analysis*, consiste em dividir os elementos da amostra ou população, em grupos, de forma que os elementos pertencentes a um mesmo grupo sejam similares entre si relativamente às características avaliadas, e os elementos de grupos diferentes, heterogêneos em relação a estas mesmas características (Mingoti, 2007).

São conhecidos vários métodos de agrupamento, dos quais os mais comumente utilizados no melhoramento das plantas são os hierárquicos e os de otimização. Entretanto, o método de agrupamento não hierárquico tem como objetivo encontrar diretamente uma partição de n elementos em k grupos, para que a partição satisfaça os requisitos de coesão interna, portanto dentro dos grupos, e o isolamento dos grupos formados. A aquisição da melhor partição de ordem k acontecerá desde que utilize um critério que meça a qualidade dos requisitos anteriores. Como se tem verificado de forma geral ser inexecutável a criação de todas as partições possíveis de ordem k e tomar a decisão em qual delas ser a mais

adequada, são utilizados processos que investigam algumas das partições, com o objetivo de se encontrar uma que seja “quase ótima”. O número de grupos nos métodos não hierárquicos deve ser previamente definido e em cada fase de agrupamento, se poderão formar novos grupos através da divisão ou junção dos grupos já formados nas etapas anteriores e, assim torna impossível gerar dendrogramas (Mingoti, 2007). Geralmente os algoritmos utilizados nesse tipo de método são interativos e têm maior capacidade para analisar conjuntos de dados de maior tamanho (Jonhson & Wichern, 1992; Mingoti, 2007). Entre as técnicas mais populares cita-se o método de Tocher e o das k -médias.

O métodos hierárquicos são caracterizados em manter uma hierarquia entre as sucessivas configurações de agrupamentos. O método divide-se em aglomerativo e divisivo. Nos métodos divisivos à partida considera-se que os n elementos formam um grande e único grupo. Depois, ocorre a separação em dois grupos mais homogêneos internamente e que mais difrem entre si. Posteriormente, cada grupo é novamente dividido, observando-se os mesmos critérios e, assim, sucessivamente, até a formação de n grupos, com um elemento em cada grupo.

Entretanto, os métodos hierárquicos aglomerativos, inversamente, à partida considera-se a existência de n grupos, cada um com um elemento. Depois procura-se, então, pelos dois grupos mais semelhantes, os quais são unidos para formar um novo grupo, gerando assim a melhor configuração com $(n-1)$ grupos. Porém o processo continua, sempre sempre pela união dos dois grupos mais similares, até a formação de um único grupo, com n elementos (Milligan & Cooper, 1987).

Dentre os métodos aglomerativos citam-se o do vizinho mais próximo (*Single Linkage Method*), o do vizinho mais distante (*Complete linkage method*), o da ligação média (*Average Linkage*) e o método de Ward.

O método do vizinho mais próximo tem sido amplamente utilizado no melhoramento genético, embora apontado como desvantagem a incapacidade de não discernir grupos pobremente separados. Entretanto é considerado como um dos poucos métodos com capacidade de delinear grupos não-elipsóides, ou seja evita-se estabelecer grupos únicos, quando os genótipos se dispõem numa estrutura filamentos conhecida por encadeamento. O dendrograma, neste método, é estabelecido por genótipos com maior similaridade, sendo a distância entre um indivíduo k e um grupo, formado pelos indivíduos i e j , dada por: $d_{(ij)k} = \min\{d_{ik}; d_{jk}\}$ em que: $d_{(ij)k}$ é dada pelo menor elemento do conjunto das distâncias dos pares dos indivíduos (i e k) (j e k).

A distância entre os dois grupos é dada por: $d_{(ij)(kl)} = \min\{d_{ik}; d_{il}; d_{jk}; d_{jl}\}$ ou seja, a distância entre os dois grupos formados, respectivamente, pelos indivíduos $(i e j)$ e $(k e l)$ é dada pelo menor elemento do conjunto, cujos elementos são as distâncias entre os pares de indivíduos $(i e k)$, $(i e l)$, $(j e k)$ e $(j e l)$.

Relativamente ao método do vizinho mais distante, o dendrograma é estabelecido com base nos genótipos de menor similaridade e a distância entre um indivíduo k e um grupo formado pelos indivíduos i e j é dada por: $d_{(ij)k} = \max\{d_{ik}; d_{jk}\}$ em que: $d_{(ij)k}$ é dada pelo maior elemento do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos $(i e k)$ e $(j e k)$.

A distância entre dois grupos é dada por: $d_{(ij)(kl)} = \max\{d_{ik}; d_{il}; d_{jk}; d_{jl}\}$ ou seja, a distância entre dois grupos formados, respectivamente, pelos indivíduos $(i e j)$ e $(k e l)$ é dada pelo maior elemento do conjunto, cujos elementos são as distâncias entre os pares de indivíduos $(i e k)$, $(i e l)$, $(j e k)$ e $(j e l)$.

O método do Ward é atualmente o mais usado em programas de melhoramento. Rodrigues et al. (2002) usaram esse método no estudo de divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. Karia (2008) também o utilizou no estudo de caracterização morfoagronômica dos acessos de *Stylosanthes guianensis*. Segundo Cruz & Carneiro (2006), neste método se consideram para formação inicial do grupo, os indivíduos que proporcionarem a menor soma de quadrados dos desvios. Entretanto, em cada etapa de agrupamento ocorre perda de informação que pode ser quantificado, sendo pela razão entre a soma de quadrados dos desvios dentro do grupo em formação e a soma de quadrado total dos desvios. Interessa destacar que no cálculo da soma de quadrados dos desvios dentro apenas se considera os acessos dentro do grupo em formação, enquanto que no cálculo da soma de quadrados dos desvios total, se considera todos os indivíduos presentes para análise de agrupamento.

O processo de agrupamento poderá ser feito a partir das somas de quadrados dos desvios entre acessos ou a partir do quadrado da distância euclidiana, tendo em conta a existência da seguinte relação:

$$SQD_{ii'} = \frac{1}{2} d_{ii'}^2$$

em que: $SQD_{ii'} = \sum_{j=1}^n SQD_{j(ii')}$ sendo $SQD_{j(ii')}$ a soma de quadrados dos desvios, para o j -ésima variável, considerando os acessos i e i' , e $d_{ii'}^2 = \sum_{j=1}^n (x_{ij} - x_{i'j})^2$

em que:

$d_{ii'}^2$: corresponde ao quadrado da distância euclidiana entre os genótipos i e i'

n : corresponde ao número de caracteres avaliados.

x_{ij} : valor do carácter j para o genótipo i .

A soma de quadrados dos desvios total é dada por : $SQD_{Total} = \frac{1}{g} \sum_{i < i'}^g \sum_{i'}^g d_{ii'}^2$

sendo g o número de acessos. Assim, no processo de agrupamento considera-se o par de acessos com menor soma de quadrados dos desvios que poderá ser obtido a partir da matriz D , constituído pelos quadrados das distâncias euclidianas, $d_{ii'}^2$, ou pela matriz S , constituída pela soma dos quadrados dos desvios $SQD_{ii'}$. Uma vez agrupado estes acessos, uma nova matriz de dissimilaridade, de menor dimensão é recalculada e assim sucessivamente.

Nos métodos hierárquicos, uma questão fundamental é sobre qual é o número de grupos mais adequado e que representa a provável estruturação natural do conjunto de elementos, em relação aos dados tomados. Nesse contexto, existem basicamente dois tipos de erros que podem ocorrer quando se toma a decisão de parar o algoritmo de agrupamento. O primeiro é quando o número de grupos formados é maior do que o verdadeiro (estruturação natural dos elementos), e o segundo, quando o número de grupos é menor do que o verdadeiro. Embora a severidade dos dois tipos de erros possa mudar, dependendo do contexto do problema, o segundo tipo de erro pode ser considerado como mais certo sério na maioria dos casos, devido à perda de informação pela fusão de grupos distintos (Milligan & Cooper, 1985).

Existem vários critérios disponíveis que auxiliam a tomada de decisão sobre quando se parar o algoritmo. Esses critérios podem variar de métodos baseados em pesadas teorias estatísticas e computacionais, até métodos bastante subjetivos, sujeitos à interpretação de cada pesquisador ou usuário.

Milligan & Cooper (1985), utilizando o algoritmo de Monte Carlo, testaram trinta critérios usados em técnicas hierárquicas de agrupamento. Foram empregados quatro conjuntos de dados artificiais, com cinquenta pontos cada, quatro métodos hierárquicos de agrupamento, três dimensões euclidianas, três diferentes distribuições de indivíduos dentro de cada grupo e três repetições, gerando-se 432 simulações por critério. Os trinta critérios foram selecionados por serem pouco dependentes da subjetividade, ou seja, o procedimento deveria fornecer uma regra automática de decisão. Entre os melhores métodos estiveram os propostos por Calinski & Harabasz, em 1974, conhecido como estatística Pseudo F (PSF) e o desenvolvido por Duda & Hart, em 1973, chamado de CCC

(*cubic clustering criterion*) (Sarle, 1983), também mereceu destaque. Este ficou em sexto lugar quando se considerou o número de acertos totais, embora seus erros, quando ocorriam, eram para aumentar o número de grupos, e a diferença entre o real e o encontrado, em geral, era de apenas um grupo.

Na estatística Pseudo F, cada passo do algoritmo de agrupamento, é como se estivesse sendo feito um teste F de análise de variância, para a comparação dos vetores de médias dos grupos foram formados no respectivo passo. Busca-se, então o maior valor de Pseudo-F, ou seja, aquele que estaria relacionado com a menor probabilidade de significância do teste e, assim, estaria rejeitando-se a igualdade de vetores de médias populacionais com maior significância (Mingoti, 2007). Quando se observa um aumento monotônico do valor de Pseudo F, com o aumento do número de grupos, os dados sugerem que não existe qualquer estrutura natural de partição dos dados. Se, no entanto, isso não ocorrer e a função F apresentar um valor máximo (pico), o número de conglomerados referente a esse valor corresponderá à partição ideal dos indivíduos (Crossa & Franco, 2004; Mingoti, 2007).

A idéia do critério Pseudo T2 (PST2) se assemelha à da estatística Pseudo F e está relacionada com o uso de um teste de hipótese. É como se, em cada passo do algoritmo de agrupamento, estivesse sendo feito um teste de comparação dos vetores de médias dos dois grupos que se uniram para formar um novo grupo. Em cada passo é calculado em valor da estatística PST2 e, então, um gráfico do tipo passos *versus* PST2 pode ser traçado. Busca-se o maior valor de PST2, ou seja, aquele que estaria relacionado com a menor probabilidade de significância do teste, rejeitando-se, portanto, a igualdade dos vetores de médias, com maior significância. Como resultado, se a igualdade entre os vetores de médias é rejeitada, os dois conglomerados não deveriam se unir para formar um único grupo (Mingoti, 2007). Segundo SAS-Institute Inc. (2008), citado por Karia (2008), para definir o número ideal de grupos, observa-se o gráfico, acompanhando-se o eixo do número de grupos, do maior valor para o menor; quando se encontrar um pico, ou seja, um valor substancialmente maior do que o anterior, volta-se um passo; o valor correspondente observado no eixo dos grupos é o número de grupos ideal.

O método CCC é exclusivo do programa SAS e não é usualmente abordado na literatura disponível sobre análise de agrupamentos (Mingoti, 2007). Esse método não funciona muito bem quando o número de observações por grupo é menor do que dez. A melhor maneira de usar este critério é construindo-se um gráfico, semelhante ao usado para

a estatística PST2, ou seja, plota-se o valor de CCC *versus* o número de grupos. Algumas interpretações dos resultados possíveis de serem observados são: picos de CCC maiores do que 2,0 ou 3,0 indicam bons grupos; picos de CCC entre 0,0 e 2,0 indicam possíveis grupos, mas devem ser interpretados com cautela; se houver vários picos é uma indicação de que os dados possuem uma estrutura hierárquica; valores abaixo de -30, podem indicar a presença de dados discrepantes; e se o valor de CCC cresce continuamente com o aumento do número de grupos, a distribuição pode ser muito particulada (Searle, 1993).

Outro critério bastante utilizado é a análise da soma de quadrados entre grupos, ou coeficientes R^2 . Define-se o coeficiente R^2 de uma partição pela relação entre a soma de quadrados total entre os g grupos e a soma de quadrados total corrigida para a média global em cada variável. Observa-se que, quanto maior o valor de g , menor será a variabilidade interna dos grupos e, portanto, maior será o valor de R^2 , atingindo-se o valor máximo quando $g = n = 1$, em que n é o número de indivíduos. Da mesma forma que os critérios anteriores, recomenda-se a construção de um gráfico, buscando pontos de saltos relativamente grandes, os quais indicam possíveis momentos de parada do algoritmo de agrupamento (Mingoti, 2007).

2.5.4 Aplicações das técnicas de análise multivariada

São conhecidos vários trabalhos em que se utilizou análise multivariada para a caracterização de acessos de bancos de germoplasma. Segundo Kendall (1980), a análise multivariada trata das relações entre um grupo de variáveis dependentes e os indivíduos nos quais elas se apresentam. Este modelo permite analisar um grande número de caracteres simultaneamente. A análise multivariada, especialmente as análises de agrupamento, de componentes principais e de variáveis canônicas, tem sido aplicada com êxito no estudo da variação morfológica, tanto em níveis interespecíficos como intraespecíficos.

Bisht et al. (2005) aplicaram-nos no estudo da diversidade de caracteres morfológicos de 206 acessos de 14 espécies de *Vigna silvestre* da Índia, e estabeleceu o relacionamento entre as espécies e também avaliou as variações intraespecíficas. Os caracteres valiosos observados nos parentes silvestres, (resistência ao stress biótico e abiótico, plantas com elevado número de vagens ,etc) considerou-os como prioridade nos programas de melhoramentos desta cultura. Por outro lado, Manyasa et al. (2007),

realizaram um estudo da diversidade de *Cajanus cajan* landraces na Tanzânia e sua resposta aos ambientes. Concluíram dois grupos diferentes em diversidade, sendo um grupo composto por landraces das regiões leste e sul e outro apenas com landraces da região norte. Concluíram ainda que este agrupamento de diversidade estabelecia um grupo potencial heterótico com possível uso em cruzamentos para gerar novos cultivares, adaptados aos diferentes ambientes de cultivo de *Cajanus cajan*. Constituem também uma base para a formação de uma coleção nuclear deste germoplasma pela variabilidade exibida. Fazendo uso de análise multivariada, Hailu et al. (2006) estudaram a diversidade do germoplasma do trigo tetraploide da Etiópia em 121 acessos. Baseados nos padrões de variação concluíram existir grande variabilidade no germoplasma, possibilitando assim serem utilizados nos programas de melhoramento genético.

Cruz (1990) relatou que a utilização da análise em componentes principais para estudos sobre divergência genética é aplicada em várias espécies de plantas, apresentando grande utilidade na identificação de progenitores para cruzamentos, na manipulação de acessos de bancos de germoplasma, no estabelecimento da relação entre divergência genética e geográfica, na avaliação em grupos geneticamente relacionados, entre outros. Montagnon & Bouhartmont (1966), citado por Silva (1999), analisaram, por meio da análise de componentes principais, uma coleção de 148 acessos de *Coffea arabica*, em relação a dezoito características morfológicas e agronômicas e, pela primeira vez, observaram uma estrutura fenotípica clara de espécie. Identificaram dois grupos principais, permitindo sugerir, juntamente com evidências históricas, que um desses grupos não esteve envolvido no processo de domesticação da espécie. Silva (1999) identificou os descritores mais importantes para a descrição e reconhecimento das duplicidades em germoplasma de feijão, oriundo de coletas realizadas em regiões produtoras de vários estados brasileiros, por meio da análise de variáveis canônicas.

Segundo Vanderborght (1988), a variabilidade genética do germoplasma só pode ser eficientemente utilizada se for devidamente avaliada e quantificada. Atualmente, a tendência não é somente caracterizar a variabilidade do *pool* gênico primário, mas também, considerar as relações com outras espécies. Espécies estreitamente relacionadas podem ser usadas para melhorar aquelas em estudo, e, conseqüentemente, expandir os limites da variabilidade genética (Hidalgo, 1991). A caracterização, segundo Valls (1988), consiste idealmente na anotação de caracteres botânicos de alta herdabilidade, facilmente visíveis ou mensuráveis e que se expressam consistentemente em todos os ambientes. Fixa-

se, basicamente, em aspectos morfológicos e fenológicos, observados de forma sistemática nos acessos, através do confronto com descritores. O termo descritor, em recursos genéticos, é definido como atributo ou carácter observado nos acessos de um banco de germoplasma (Howes, 1981), é uma particularidade que permite a distinção entre acessos diferentes de uma mesma cultura. Deve ser bem definido para todos os usuários da espécie ou cultivo, levando-se em consideração os seus diferentes usos, objetivos de programas de melhoramento, métodos de medir a mesma característica, assim como a diversidade genética.

2.6 CAIXA FORTE DE SEMENTES DE SVALBARD

Svalbard é um dos arquipélagos da Noruega localizada no pólo norte, onde foi construída uma estrutura de grande dimensão designada de caixa forte, para a conservação de sementes de toda a parte do mundo. Segundo Nordic Gene Bank (2004), se as sementes forem perdidas por várias razões (catástrofe natural, guerras) as coleções de sementes podem ser restabelecidas usando sementes da caixa forte de Svalbard. Portanto, é um *backup* de sementes de culturas alimentares conservadas na rede mundial dos bancos de germoplasma.

Segundo Global Seed Vault (2008), a Caixa Forte de Sementes de Svalbard (*Svalbard Global Seed Vault*) começou a operar em fevereiro de 2008. Esta estrutura tem capacidade de conservar 4,5 milhões de acessos. Os primeiros acessos deram entrada em janeiro de 2008. Aproximadamente 1,5 milhões de acessos de culturas alimentares estarão acondicionados na caixa forte. A variedade e o volume dos acessos conservados dependerá do número de países participantes. Segundo Svalbard Global Seed Vault (2010), atualmente estão armazenados 526.129 acessos coletados em várias regiões do mundo (Figura 1) e vinte e nove institutos depositores de acessos estão registrados (Tabela 1).

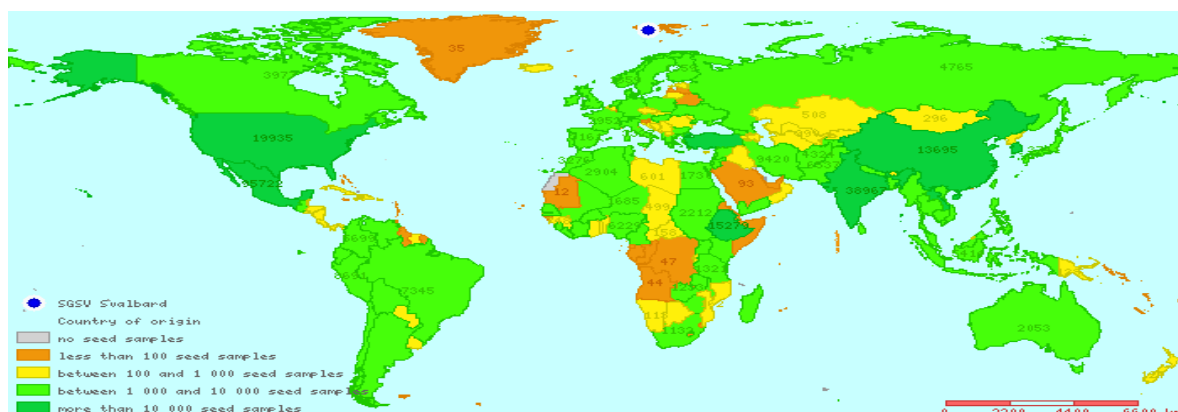


Figura 1. Mapa mostrando o número de amostras de sementes nos países onde foram coletados e que estão depositados na Caixa Forte de Sementes de Svalbard (Svalbard Global Seed Vault, 2010).

Tabela 1. Vinte e nove institutos depositores de acessos registrados no *Svalbard Global Seed Vault*

Instituto depositador	Sigla	Código do instituto	Duplicados de amostras de sementes conservados no *SGSV (acessos)	Numero de taxa
<i>Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo</i>	CIMMYT	MEX002	95 963 acessos	15 taxa
<i>International Centre for Agricultural Research in Dry Areas</i>	ICARDA	SYR002	94 354 acessos	705 taxa
<i>International Rice Research Institute</i>	IRRI	PHL001	70 180 acessos	50 taxa
<i>International Crop Research Institute for the Semi-Arid Tropics</i>	ICRISAT	IND002	44 003 acessos	9 taxa
<i>National Plant Germplasm System</i>	NPGS	USA996	41 390 acessos	1 234 taxa
<i>Centro Internacional de Agricultura Tropical</i>	CIAT	COL003	37 948 acessos	528 taxa
<i>Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research</i>	IPK	DEU146	22 350 acessos	2 298 taxa
<i>Centre for Genetic Resources</i>	CGN	NLD037	18 212 acessos	224 taxa
<i>National Agrobiodiversity Center</i>	NAC	KOR043	13 185 acessos	36 taxa
<i>Nordic Genetic Resource Center</i>	NORDGEN	SWE054	12 698 acessos	289 taxa
<i>International Institute of Tropical Agriculture</i>	IITA	NGA057	11 414 acessos	50 taxa
<i>Africa Rice Center</i>	WARDA	CIV039	9 939 acessos	7 taxa
<i>Station Fédérale de Recherches en Production Végétale de Changins</i>	RAC	CHE001	9 665 acessos	7 taxa
<i>Canadian Genetic Resources Program, Saskatoon Research Centre</i>	PGRC	CAN004	9 233 acessos	191 taxa
<i>The World Vegetable Center</i>	AVRDC	TWN001	9 102 acessos	113 taxa
<i>Taiwan Agricultural Research Institute</i>	TARI	TWN006	7 278 acessos	2 taxa
<i>Centro Internacional de la Papa</i>	CIP	PER001	6 825 acessos	296 taxa
<i>International Livestock Research Institute</i>	ILRI	ETH013	4 008 acessos	515 taxa
<i>Plant Genetic Resources Institute, National Agricultural Research Centre</i>	PGRI-NARC	PAK001	1 597 acessos	13 taxa
<i>Seed Savers Exchange</i>	SSE	USA974	1 389 acessos	42 taxa
<i>National Genebank of Kenya</i>	NGBK	KEN015	1 314 acessos	6 taxa
<i>N.I. Vavilov All-Russian Scientific Research Institute of Plant Industry</i>	VIR	RUS001	945 acessos	111 taxa
<i>Institute of Plant Production n.a. V.Y. Yurjev of UAAS</i>	UAAS	UKR001	885 acessos	36 taxa
<i>Oak Park Research Centre</i>	AFT	IRL001	577 acessos	7 taxa
<i>World Agroforestry Centre</i>	ICRAF	KEN023	508 acessos	130 taxa
<i>National Plant Genetic Resources Laboratory</i>	NPGRL	PHL005	500 acessos	4 taxa
<i>I.Lomouri Institute of Farming</i>		GEO001	305 acessos	84 taxa
<i>National Agricultural Research Organization</i>	NARO	UGA031	262 acessos	1 taxa
<i>Department of Agriculture, Food and Rural Development</i>	DAFF	IRL029	100 acessos	4 taxa

Fonte: Svalbard Global Seed Vault (2010)

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 CARACTERIZAÇÃO DO MATERIAL GENÉTICO

Os acessos utilizados foram oriundos do Banco de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antonio de Goiás, Goiás. Esses genótipos fazem parte da coleção de acessos tradicionais de feijão do grupo comercial carioca, da Embrapa, normalmente coletados em feiras livres ou propriedades de pequenos produtores rurais.

Oliveira et al. (2008) realizaram a caracterização morfoagronômica de 126 acessos de feijoeiro comum, com dois descritores morfológicos (hábito de crescimento e tamanho da semente) e quatro descritores ecogeográficos (região geográfica, Estado da federação, classe de solo e altitude). Com base nesses resultados, os 49 acessos com maior divergência foram escolhidos para a presente pesquisa.

Esses acessos foram coletados em quatro regiões ecogeográficas do Brasil: Centro-Oeste, com 15 representantes; Sudeste com 18; Nordeste com 5; e Sul com 11. Os dados gerais de passaporte de coleta dos 49 acessos encontram-se na Tabela 2. Os dados do passaporte de coleta disponibilizaram ainda informação suplementar sobre a cultura, relativamente ao local de coleta (região/estado; latitude/longitude/altitude; tipo do solo). Esses dados demonstram que a maioria destes acessos foram coletados em campos dos agricultores, salvo os acessos CF200077, coletado em feira livre de Viçosa-Minas Gerais, e CF870067, coletado na beira de estrada. Esses dados são também indicadores da variação em altitude, e tipo de solos entre as regiões de coleta do germoplasma.

3.2 INSTALAÇÃO DO EXPERIMENTO

As caracterizações morfoagronômicas foram realizadas em junho de 2008, na área experimental da Embrapa Arroz e Feijão (Figura 2), localizada no município de Santo

Tabela 2. Dados de passaporte de coleta de acessos de *Phaseolus vulgaris*: número do acesso depositado na coleção da Embrapa Arroz e Feijão, nome vulgar, regiões ecogeográficas, altitude e municípios e tipo de solo.

Ordem	Acessos	Ano coleta	Nome vulgar	Regiões	UF	Municípios	Latitude	Longitude	Altitude	Solo
a1	CF200007	2000	CARIOCA CANELUDO	CENTRO-OESTE	GO	MONTIVIDIU	S 17 17 33	O 51 13 31	821	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO VERMELHO
a2	CF200077*	2000	CAJURI ANTIGO	SUDESTE	MG	VIÇOSA	S 20 43 06	O 42 58 58	648	LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a3	CF240005	b)	CARIOCA ANTIGO	SUDESTE	ES	DOMINGOS MARTINS	S 20 22 31	O 40 49 04	620	LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO, CAMBISSOLO HÁPLICO
a4	CF240008	b)	CARIOCA ANTIGO	SUDESTE	ES	DOMINGOS MARTINS	S 20 22 12	O 40 42 11	620	LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO, CAMBISSOLO HÁPLICO
a5	CF810122	1981	ZEBRINHA	CENTRO-OESTE	GO	SANTA CRUZ DE GOIÁS	S 17 22 12	O 48 38 29	754	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO VERMELHO
a6	CF810371	1981	CARIOCA	NORDESTE	BA	NOVA SOURE	S 12 04 37	O 38 19 24	169	ARGILOSSOLO VERMELHO-AMARELO,LATOSSOLO AMARELO
a7	CF830076	1983	CARIOQUINHA CARIOCA	SUL	SC	RIO DAS ANTAS	S 26 54 31	O 51 04 18	830	CAMBISSOLO HÁPLICO,CAMBISSOLO HÚMICO
a8	CF830084		(PRODUTOR)	SUL	SC	RIO DAS ANTAS	S 26 54 31	O 51 05 40	830	CAMBISSOLO HÁPLICO,CAMBISSOLO HÚMICO
a9	CF830119	1983	CARIOCA	SUL	SC	JOAÇABA	S 27 07 14	O 51 36 43	522	CAMBISSOLO HÁPLICO
a10	CF830124	1983	CARIOCA	SUL	SC	JOAÇABA	S 27 07 44	O 51 35 01	522	CAMBISSOLO HÁPLICO
a11	CF830128	1983	CARIOCA 80	SUL	SC	CHAPECÓ	S 27 07 53	O 52 36 23	674	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO BRUNO,NEOSSOLO LITÓLICO
a12	CF830149	1983	CARIOQUINHA	SUL	SC	CHAPECÓ	S 27 07 52	O 52 41 22	674	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO BRUNO,NEOSSOLO LITÓLICO
a13	CF840009	1984	CARIOCA	SUL	RS	NOVA PRATA	S 28 44 30	O 51 35 14	662	CHERNOSSOLO ARGILÚVICO,LATOSSOLO BRUNO,LITOSSOLO HÁPLICO
a14	CF840072	1984	CARIOCA	SUL	RS	PAIM FILHO	S 27 43 22	O 51 47 27	576	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO BRUNO
a15	CF840101	1984	CARIOQUINHA CARIOCA DE	SUL	RS	ARATIBA	S 27 24 55	O 52 15 24	420	CAMBISSOLO HÁPLICO
a16	CF840287	1984	PRODUTOR MULATINHO	SUL	RS	PAIM FILHO	S 27 43 15	O 51 47 58	576	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO BRUNO
a17	CF840451	1984	MISTURADO	NORDESTE	BA	IRECÊ	S 11 21 00	O 41 55 44	721	CAMBISSOLO HÁPLICO
a18	CF840590	1984	CARIOCA COMUM	SUDESTE	SP	CAPÃO BONITO	S 23 59 43	O 48 22 09	705	ARGILOSSOLO VERMELHO-AMARELO,LATOSSOLO VERMELHO,CAMBISSOLO HÁPLICO
a19	CF840718	1984	CARIOCA	SUDESTE	MG	ESPERA FELIZ	S 20 33 38	O 42 02 27	772	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a20	CF860027	1986	CARIOCA	CENTRO-OESTE	MT	UIABÁ	S 15 14 36	O 56 14 19	176	NEOSSOLO QUARTZÊNICO,PINTOSSOLO PÉTRICO
a21	CF860038	1986	CARIOCA	CENTRO-OESTE	MT	UIABÁ	S 15 43 22	O 56 05 06	176	NEOSSOLO QUARTZÊNICO,PINTOSSOLO PÉTRICO
a22	CF860039	1986	CARIOCA	CENTRO-OESTE	MT	UIABÁ	S 15 41 14	O 55 58 32	176	NEOSSOLO QUARTZÊNICO,PINTOSSOLO PÉTRICO
a23	CF860041	1986	CARIOCA	CENTRO-OESTE	MT	UIABÁ	S 15 40 12	O 55 50 55	176	NEOSSOLO QUARTZÊNICO,PINTOSSOLO PÉTRICO
a24	CF860048	1986	CARIOCA	CENTRO-OESTE	MT	UIABÁ	S 15 30 05	O 55 34 57	176	NEOSSOLO QUARTZÊNICO,PINTOSSOLO PÉTRICO
a25	CF860052	1986	CARIOCA	CENTRO-OESTE	MT	UIABÁ	S 15 22 57	O 55 49 22	176	NEOSSOLO QUARTZÊNICO,PINTOSSOLO PÉTRICO
a26	CF860061	1986	CARIOCA	CENTRO-OESTE	MT	UIABÁ	S 15 12 35	O 56 08 45	176	NEOSSOLO QUARTZÊNICO,PINTOSSOLO PÉTRICO
a27	CF860066	1986	CARIOCA	CENTRO-OESTE	MT	UIABÁ	S 15 32 29	O 56 02 28	176	NEOSSOLO QUARTZÊNICO,PINTOSSOLO PÉTRICO
a28	CF870015	1987	GRAÚDO	SUDESTE	MG	PASSA TEMPO	S 20 39 28	O 44 26 33	980	ARGILOSSOLO VERMELHO,LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a29	CF870067**	1987	CARIOCA	SUDESTE	MG	ITAPEÇERICA	S 20 23 28	O 44 57 57	835	ARGILOSSOLO VERMELHO-AMARELO,LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a30	CF870074	1987	CARIOQUINHA	SUDESTE	MG	CRUCILÂNDIA	S 20 21 47	O 44 19 37	908	ARGILOSSOLO VERMELHO,LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a31	CF870083	1987	CARIOCA	SUDESTE	MG	ITAGUARA	S 20 17 49	O 44 27 44	839	ARGILOSSOLO VERMELHO,ARGILOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a32	CF870170	1987	CARIOCA	SUDESTE	MG	ITAGUARA	S 20 19 54	O 44 32 13	839	ARGILOSSOLO VERMELHO,ARGILOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a33	CF870348	1987	CARIOCA	SUDESTE	MG	PEDRA DO INDAIÁ	S 20 19 30	O 45 09 01	837	ARGILOSSOLO VERMELHO-AMARELO,LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a34	CF871179	1987	CARIOCA COM MISTURA	SUDESTE	MG	PATROCÍNIO	S 19 05 21	O 47 19 59	965	ARGILOSSOLO VERMELHO-AMARELO,CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO VERMELHO
a35	CF871184	1987	CARIOCA DE PRODUTOR	SUDESTE	MG	COROMANDEL LAGOA BONITA	S 18 41 05	O 47 13 40	976	ARG. VER.-AMR.,CAMB. HÁPLICO,LATOS. VER.,NEOSSOLO LITÓLICO
a36	CF871259	1987	MANTEIGUINHA CARIOCA	CENTRO-OESTE	MS	(LADÁRIO) LAGOA BONITA	S 19 05 00	O 57 36 54	114	CHERNOSSOLO ARGILÚVICO,GLEISSOLO HÁPLICO
a37	CF871260	1987	MISTURA	CENTRO-OESTE	MS	(LADÁRIO)	S 19 05 51	O 57 36 21	114	CHERNOSSOLO ARGILÚVICO,GLEISSOLO HÁPLICO
a38	CF871263	1987	RAJADO	CENTRO-OESTE	MS	DEODÁPOLIS	S 22 08 20	O 54 08 29	418	LATOSSOLO VERMELHO
a39	CF880035	1988	CARIOCA	NORDESTE	AL	CACIMBINHAS	S 09 27 28	O 36 51 28	270	LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO,NEOSSOLO REGOLÍTICO
a40	CF880072	1988	CARIOCA DE PIABAS	NORDESTE	AL	MATA GRANDE	S 09 07 33	O 37 40 58	633	LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO,PLANOSSOLO HÁPLICO
a41	CF880113	1988	CARIOCA	NORDESTE	AL	CARNEIROS	S 09 29 23	O 37 21 16	347	NEOSSOLO REGOLÍTICO
a42	CF890008	1989	CARIOCA	SUDESTE	MG	FORMIGA	S 20 39 28	O 45 48 14	841	ARGILOSSOLO VERMELHO-AMARELO,LATOSSOLO VERMELHO,LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a43	CF890014	1989	CARIOCA	SUDESTE	MG	PIMENTA	S 20 27 51	O 45 52 18	776	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO VERMELHO
a44	CF890017	1989	CARIOCA	SUDESTE	MG	PIMENTA	S 20 34 30	O 47 47 39	776	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO VERMELHO
a45	CF890019	1989	CARIOCA DE GUAPÉ	SUDESTE	MG	GUAPÉ	S 20 49 13	O 45 43 30	760	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO VERMELHO
a46	CF890102	1989	CARIOCA AMARELO	SUDESTE	MG	PEDRALVA	S 22 12 40	O 45 30 14	911	LATOSSOLO VERMELHO,LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO
a47	CF890180	1989	CARIOCA DE BAGEM ROSADA	CENTRO-OESTE	MS	MIRANDA	S 20 04 31	O 56 40 39	125	VERTISSOLO EBÂNICO,PLANOSSOLO HIDROMÓRFICO,ARGILOSSOLO VERMELHO,NEOSSOLO REGOLÍTICO
a48	CF890193	1989	CARIOCA SEM CIPÓ	CENTRO-OESTE	MS	BODOQUENA	S 20 32 24	O 56 45 10	132	CHERNOSSOLO RÊNDZICO,NEOSSOLO REGOLÍTICO
a49	CF970008	1997	CARIOCA PRECOCE	SUL	SC	CHAPECÓ	S 27 05 18	O 52 35 59	674	CAMBISSOLO HÁPLICO,LATOSSOLO BRUNO,NEOSSOLO LITÓLICO

*Coletado na feira livre de Viçosa-Minas Gerais; **Coletado beira da estrada; b) sem informação.

Antônio de Goiás, com coordenadas geográficas 16,30'S, 49,17'W e 814 m. O solo é predominantemente Latossolo vermelho-escuro, textura argilosa, fase Cerradão subperenifólio, relevo plano (Lobato & Silva, 1994). Antes da semeadura, foi feita preparação do solo, seguida de adubação básica feita com base na análise do solo, tendo sido empregados 400 kg/ha do fertilizante 3-30-16+ Zn. Em cobertura, trinta dias após a semeadura, foram aplicadas 10 kg de N. Procedeu-se ao desbaste quinze dias após a emergência, nas plantas sob competição. Os demais tratos culturais foram os normais da cultura, inclusive com irrigação suplementar por aspersão. Para tratamento preventivo de doenças e pragas aplicou-se inseticida (actara-100 g/ha, endosulfan-1 L/ha, sevin-1 L/ha); herbicida (flex- 1,2 L/ha; fugilade-750 mL/ha); e fungicida (da cobre-3 kg/ha, mertitin-800 mL/ha, constant-1 L/ha).

O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com três repetições, e as parcelas foram constituídas de quatro linhas de 2,0 m de comprimento, com espaçamento de 0,45 m e densidade de quinze sementes por metro. Os dados foram coletados nas duas linhas centrais de cada parcela, sendo tomadas 12 plantas aleatoriamente. Assim, de cada acesso foram avaliadas 36 plantas (12 plantas x 3 repetições) e para todo o experimento 1764 plantas (49 acessos x 12 plantas x 3 repetições).



Foto: Pedro António Moçambique

Figura 2. Desenvolvimento vegetativo das plantas dos acessos do Banco de Germoplasma de feijoeiro comum, na área experimental da Embrapa Arroz e Feijão (Fazenda Capivara – Santo Antônio de Goiás, Goiás).

3.3 AVALIAÇÃO DOS DESCRITORES MORFOAGRÔNICOS

Os descritores utilizados na caracterização morfológica e agrônômica foram propostos pela Embrapa/CNPAP (Silva, 2005) e pelo *Bioversity International* (IPGRI, 2001). Os trinta descritores morfoagronômicos utilizados incluindo os de natureza quantitativa e qualitativos são:

a) Descritores quantitativos:

a.1) Comprimento foliar (COMPF)

O comprimento foliar, expressa em centímetros, foi determinado pela média das medidas realizadas em folhas, com auxílio de fita métrica. A medição foi tomada no folíolo central da folha inserida no terceiro nó do caule principal, medido da base ao ápice do folíolo, longitudinalmente à nervura central, no período da floração.

a.2) Largura foliar (LARGF)

A largura foliar, expressa em centímetros, foi determinada pela média das medidas realizadas em folhas com auxílio de fita métrica. A medição foi tomada do folíolo central da folha inserida no terceiro nó do caule principal, medida da parte mais larga do folíolo, perpendicularmente à nervura central, no período da floração.

a.3) Número de vagens por planta (NVS)

O número de vagens por planta foi determinado pela contagem do número de vagens das plantas amostradas. Assim, foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas. Determinou-se no período da colheita.

a.4) Número de lóculos por vagem (NLV)

O número de lóculos por vagem foi obtido após a determinação das dimensões de cada vagem bem desenvolvida e amostrada ao acaso na parte intermediária da cada planta. Para cada acesso, as mensurações foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas. Determinou-se no período da colheita.

a.5) Comprimento da vagem (COMPV)

Este comprimento foi definido como a medida, em centímetros, da inserção da vagem no pedúnculo até o ápice, excluindo-se o dente apical. As amostras foram obtidas de vagens bem formadas, sendo avaliada uma amostra ao acaso na parte intermediária de cada planta. Para cada acesso, as mensurações foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas. Determinou-se no período da colheita.

a.6) Largura da vagem (LARGV)

Esta largura foi a medida, em milímetros, da porção central ou mediana da vagem (na mesma vagem usada para COMPV), feita com o auxílio de um paquímetro. Para cada acesso, as mensurações foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas. Determinou-se também no período da colheita.

a.7) Comprimento do dente apical (CDA)

O comprimento do dente apical foi obtido de uma vagem amostrada ao acaso na parte intermediária de cada planta. A mensuração foi realizada com auxílio de paquímetro, expressa em milímetros. Para cada acesso, as mensurações foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas. Determinou-se no período da colheita.

a.8) Dias para 50% de emergência (DIAE)

Definiu-se emergência quando os cotilédones das plantas apareceram ao solo. Assim a variável foi avaliada pelo número de dias desde a semeadura até a ocorrência de 50 % de emergência. Para cada acesso foram realizadas a contagem a nível das parcelas.

a.9) Dias para 50% da floração (FLOR)

A variável corresponde ao número de dias desde a emergência até ao estágio em que 50% das plantas da parcela estiverem em floração.

a.10) Comprimento da semente (COMPS)

Esta variável foi avaliada a partir de sementes obtidas de uma vagem amostrada ao acaso na parte intermediária de cada planta. A mensuração, expressa em milímetros, foi realizada com auxílio de paquímetro. Para cada acesso, as mensurações foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas. Determinou-se no período da colheita.

a.11) Largura da semente (LARGS)

A largura da semente, expressa em milímetros, foi obtida com ajuda de paquímetro utilizando as mesmas sementes avaliadas para a variável COMPS. Para cada acesso, as mensurações foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas. Determinou-se também no período da colheita.

a.12) Espessura da semente (ESPS)

A espessura da semente, expressa em milímetros, foi obtida com ajuda de paquímetro utilizando as mesmas sementes avaliadas para o COMPS e LARGS. Para cada acesso, as mensurações foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas. Determinou-se no período da colheita.

a.13) Comprimento/largura da semente (CO/LAS)

A relação comprimento/largura foi determinada pelo coeficiente J, segundo Puerta Romero (1961). Esta relação expressa em milímetros, foi obtida com ajuda de paquímetro utilizando as mesmas sementes avaliadas para o COMPS e LARGS. Para cada acesso, as mensurações foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas. Desta forma:

$$\text{Coeficiente J} = \text{comprimento} / \text{largura}$$

Conforme ao coeficiente J, a forma da semente pode ser classificada em:

Valor J

Forma da semente

1 – Esférica	1,16 a 1,42
2 – Elíptica	1,43 a 1,65
3 - Oblonga ou reniforme curta	1,66 a 1,85
4 - Oblonga ou reniforme média	1,86 a 2,00
5 - Oblonga ou reniforme longa	> 2,00

a.14) Espessura/largura da semente (ES/LAS)

A relação espessura/largura da semente foi determinada pelo coeficiente H, segundo Puerta Romero (1961). Esta relação expressa em milímetros, foi obtida com ajuda de paquímetro utilizando as mesmas sementes avaliadas para o COMPS e LARGS. Para cada acesso, as mensurações foram realizadas em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas.

Desta forma:

$$\text{Coeficiente H} = \text{espessura} / \text{largura}$$

Conforme o coeficiente H, o perfil da semente pode ser classificada em:

Perfil da semente	Valor H
1 – Achatada	<0,69
2 – Semi-achatada	0,70 a 0,79
3 – Cheia	> 0,80

a.15) Peso de cem sementes (P100S)

O peso, expresso em gramas, foi avaliado em balança digital. Foi obtido, aleatoriamente, a partir de grãos de vagens debulhadas, provenientes da parte intermediária das plantas, no período da colheita.

b) Descritores quantitativos

b.1) Hábito de crescimento (HACRE)

Esta variável foi determinada contando-se a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas, no período da floração. Os tipos de hábito de crescimento em feijoeiro comum segundo Silva (2005) são descritos a seguir:

1 - Arbustivo determinado (Tipo I)

- haste principal e laterais terminam com a formação de uma inflorescência, que paralisa o crescimento da planta;
- florescimento uniforme e por período curto;
- número pequeno de internódios (cinco a dez geralmente) e curtos; e
- hastes principais e laterais geralmente fortes e eretas.

2 - Arbustivo indeterminado (Tipo II)

- plantas fortes e eretas, que terminam com pequena guia na haste principal (crescimento da gema vegetativa);
- ramos laterais não apresentam guias;
- número de internódios maior que no tipo I (geralmente maior que doze);
- período de florescimento mais prolongado que no tipo I; e
- pequeno crescimento durante e após o florescimento.

3 - Prostrado indeterminado (Tipo III)

- apresenta vários ramos prostrados ou semi-prostrados;
- número de nós e tamanho de internódios grandes (maior que nos tipos I e II); e
- haste principal e ramos laterais terminam com uma guia.

4 - Trepador indeterminado (Tipo IV)

- possuem vários internódios nas hastes (até trinta);
- pequeno desenvolvimento dos ramos laterais, devido à grande dominância apical da haste principal; e
- período de florescimento muito longo, se comparado aos demais hábitos de crescimento, exibindo vários estádios de desenvolvimento entre o florescimento e a formação da vagem.

b.2) Cor do hipocótilo (CORH)

A cor do hipocótilo foi atribuída em laboratório, após a germinação de sementes em substrato de vermiculita. As plântulas foram avaliadas para presença (0) ou ausência (1) de cor do hipocótilo. Foi determinado a maior frequência (moda).

b.3) Cor de vagem na maturação (CVM)

No período de maturação fisiológica, foram atribuídas notas - segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa

Arroz e Feijão, às cores das vagens: 1 - Verde (1a - Verde claro); 2 - Verde com estrias roxas; 3 - Verde com estrias vermelhas; 4 - Amarelas (4a - Marron claro); 5 - Amarela com estrias roxas (5a - Amarelo com estrias roxas na zona da sutura ventral); 6 - Amarela com estrias vermelha; 7 - rósea ou rosada; 8 - Vermelha; 9 - Roxa; 10 - Arroxeadada; 11 - Arroxeadada com estrias roxas; 12 - Avermelhada ou vermelha; e 13 - Outras. Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela, totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.4) Cor de vagem seca (CVS)

No período de colheita determinou-se a cor da vagem seca - segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão, em amarelo claro (1) ou amarelo escuro (2). Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela, totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.5) Brilho de semente (SEMBS)

No período da colheita, determinou-se o brilho de semente, em laboratório, com sementes recém colhidas e secas, seguindo as respectivas classificações: 1 - Opaco; 2 - Intermediário; e 3 - Brilhante. Esta classificação é segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz. e Feijão. Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.6) Cor primária da semente (CPS)

No período da colheita, este descritor foi determinado em laboratório com sementes secas e recém colhidas. Foram levados em consideração as cores predominantes das sementes, classificadas segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão, dentro dos seguintes grupos: 1 - Branca; 2 - Bege; 3 - Amarela; 4 - Marron; 5 - Rósacea; 6 - Roxa; 7 - Vermelho; 8 - Preta; 9 - Cinza; 10 - Outras; e 11 - Alaranjado. Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.7) Cor secundária da semente (CSS)

No período de colheita, a cor secundária foi determinada nas mesmas sementes em que se determinou a cor primária da semente. Assim, as sementes foram classificadas segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão, dentro dos seguintes grupos: 1 - Branca; 2 - Bege; 3 - Amarela; 4 - Marron; 5 - Rósacea; 6 - Roxa; 7 - Vermelho; 8 - Preta; 9 - Cinza; 10 - Outras; e 11 - Alaranjado. Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.8) Forma da cor secundária da semente (FCSS)

No período da colheita, este descritor foi determinado em laboratório com sementes secas e recém colhidas. Foram levados em consideração as cores predominantes das sementes, classificadas segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão, dentro dos seguintes grupos: 1 - Rajas; 2 - Manchas; 3 - Pontuações; 4 - Rajas e Pontuações; e 5 - Outras (venações). Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.9) Cor do halo (CHALO)

No período da colheita, a cor do halo foi determinada em laboratório com sementes secas e recém colhidas. As sementes foram classificadas segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão, dentro dos seguintes grupos de cores: 1 - Branca; 2 - Bege; 3 - Amarela; 4 - Marron; 5 - Rósacea; 6 - Roxa; 7 - Vermelho; 8 - Preta; 9 - Cinza; 10 - Outras; e 11 - Alaranjado. Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.10) Forma do dente apical (FDA)

No período da colheita, a forma do dente apical foi determinada a partir de vagens bem formadas, sendo uma vagem amostrada ao acaso na parte intermediária de

cada planta. As formas foram classificadas, segundo IPGRI (2001), Silva (2005), como: 1 - Reto; 2 - Arqueado; e 3 - semi-arqueado. Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.11) Posição do dente apical (PDA)

No período da colheita, a posição do dente apical foi determinada a partir de vagens bem formadas, sendo uma vagem amostrada ao acaso na parte intermediária de cada planta. As posições foram classificadas, segundo Silva (2005), como: Marginal (1) ou Não-marginal (2). Foi determinado a maior frequência (moda) em 36 plantas amostradas.

b.12) Curvatura da vagem (CURV)

No período da colheita, a curvatura da vagem foi determinada a partir de vagens bem formadas, sendo uma vagem amostrada ao acaso na parte intermediária de cada planta. As curvaturas foram classificadas, segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão, dentro dos seguintes grupos: 1 - Reto; 2 - Arqueado; 3 - Recurvado; e 4 - semi-arqueado. Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.13) Porte da planta (PORT)

No período da colheita, avaliou-se o porte da planta segundo a escala: 1 - Ereto; 2 - Semi-ereto; 3 - Prostrado; e 4 - Semi-prostrado. Foi determinado a maior frequência (moda) de doze plantas por parcela em cada acesso, totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.14) Halo da semente (HS)

No período da colheita, foram avaliados para presença (1) ou ausência (2) do halo na semente. Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

b.15) Forma do ápice da vagem (FAV)

No período da colheita, a forma do ápice da vagem foi determinada a partir de vagens bem formadas, sendo uma vagem amostrada ao acaso na parte intermediária de cada planta. As formas foram classificadas como Abruptas (1) ou Afilado (2). Foi determinado a maior frequência (moda) em 12 plantas por parcela totalizando 36 plantas avaliadas por acesso.

3.4 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Para a análise estatística dos dados primeiramente, primeiramente obtiveram-se as médias ajustadas conforme o delineamento experimental, para cada variável, se quantitativa; ou as respectivas modas (categoria mais frequente), se a variável era qualitativa. Os dados das variáveis quantitativas foram também submetidos à análise de estatísticas descritivas, informando os valores máximo, mínimo, médio, desvio padrão para cada acesso. Esta análise permitiu obter informação da variabilidade dentro dos acessos em relação às variáveis avaliadas. Posteriormente, realizou-se a análise de variância das variáveis. Para avaliar a divergência genética entre os acessos e classificá-los em grupos de similaridade, foram utilizadas técnicas multivariadas, como a análise de variáveis canônicas, e o método de agrupamento hierárquico aglomerativo de Ward. Posteriormente avaliou-se a correlação entre os caracteres.

3.4.1. Análise de variância univariada

A análise de variância univariada, usou-se para avaliar os efeitos dos descritores nos acessos. Posteriormente, foram feitas também comparações entre as médias das variáveis para cada acesso, utilizando-se o teste de Tukey, em nível de 5% de probabilidade. Para estas análises empregou-se o programa SAS, em seu procedimento *PROC GLM*, (SAS Institute, 2002).

3.4.2 Análise de agrupamento

Foi utilizado o método de agrupamento do Ward (1963), que permite obter agrupamentos com regiões bem definidas, possibilitando a observação das proximidades

de acessos com características semelhantes. O método também minimiza as diferenças existentes dentro dos grupos, pois, busca o mínimo desvio padrão entre os dados de cada grupo. Neste método, para a formação inicial do grupo, são considerados os indivíduos que proporcionarem a menor soma de quadrados dos desvios. Interessa destacar que no cálculo da soma de quadrados dos desvios dentro apenas consideram-se os acessos dentro do grupo em formação, enquanto no cálculo da soma de quadrados dos desvios total, consideram-se todos os indivíduos presentes na análise de agrupamento (Cruz & Carneiro, 2006). O agrupamento foi feito a partir da soma dos quadrados dos desvios entre acessos ou a partir do quadrado da distância euclidiana, tendo em conta a existência da seguinte relação:

$$SQD_{ii'} = \frac{1}{2} d_{ii'}^2$$

em que:

$SQD_{ii'} = \sum_{j=1}^n SQD_{j(ii')}$ sendo $SQD_{j(ii')}$ a soma de quadrados dos desvios, para o j -ésima variável, considerando os acessos i e i' , e $d_{ii'}^2 = \sum_{j=1}^n (x_{ij} - x_{i'j})^2$, em que:

$d_{ii'}^2$: corresponde ao quadrado da distância euclidiana entre os genótipos i e i'

n : corresponde ao número de caracteres avaliados.

x_{ij} : valor do carácter j para o genótipo i .

A soma de quadrados dos desvios total é dada por: $SQD_{Total} = \frac{1}{g} \sum_{i < i'}^g \sum_{i'}^g d_{ii'}^2$

sendo g o número de acessos. Assim, no processo de agrupamento pelo método de Ward, considerou-se o par de acessos com menor soma de quadrados dos desvios que poderia ser obtido a partir da matriz D , constituído pelos quadrados das distâncias euclidianas, $d_{ii'}^2$, ou pela matriz S , constituída pela soma dos quadrados dos desvios $SQD_{ii'}$. Uma vez agrupado estes acessos, uma nova matriz de dissimilaridade, de menor dimensão é recalculada e assim sucessivamente.

Para a visualização do processo aglomerativo construiu-se um dendrograma com os valores da estatística correlação semiparcial ao quadrado e os respetivos nós de cada passo do algoritmo. Esta estatística corresponde à proporção da soma de quadrados entre grupos que se uniram para a formação de um novo agrupamento, em relação à soma total dos quadrados médios. É a medida mais adequada para a construção de dendrogramas, quando o método de agrupamento utilizado for o Ward (SAS Institute 2002).

Para a definição do número de grupos a ser adotado-ponto de corte no dendrograma (decisão de parada do algoritmo de aglomeração), foram utilizadas as

estatísticas Pseudo F (PSF), PST2, CCC (cubic clustering criterion) (Sarle, 1983) e a correlação semiparcial ao quadrado (SPRSQ) (Mingoti, 2007). Os três primeiros são explicitados por Milligan & Cooper (1985), por Crossa & Franco (2004) e por Mingoti (2007). Após a definição dos grupos, análises de variância (univariadas) foram realizadas para se avaliar os efeitos dos grupos sobre cada variável. Em seguida, foram feitas também comparações entre as médias dos grupos, para cada variável, utilizando-se o teste de Tukey, em nível de 5% de probabilidade. Essas análises tiveram como objetivo facilitar a interpretação e a avaliação dos diferentes grupos, quanto ao potencial agrônômico de cada um. Todas essas análises foram também executadas utilizando-se o aplicativo computacional SAS versão 9.1.

3.4.3 Análise de variáveis canônicas

Posteriormente, para o estudo da variabilidade genética entre os acessos, procedeu-se ao uso da análise de variáveis canônicas, com base na distância de Mahalanobis. Para esta análise empregou-se o programa SAS, em seu procedimento *PROC CANDISC* (SAS Institute, 2002), especificamente indicado para análise discriminante canônica (gerando matrizes de covariâncias, escores dos acessos, variância das variáveis canônicas, distância de Mahalanobis entre acessos). Na obtenção dos gráficos usou-se o *PROC PLOT/SAS*, que permite a atribuição de diversos parâmetros para uma plotagem customizada.

3.4.4 Análise de correlação das variáveis

Procedeu-se à avaliação da correlação fenotípica das variáveis, mediante uso do coeficiente de correlação de Pearson. Para esta análise empregou-se o programa SAS, em seu procedimento *PROC CORR* (SAS Institute, 2002).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISE DE DADOS DE NATUREZA QUALITATIVA

Os resultados relativos às características qualitativas avaliadas (CORH, HACRE, PORT, SEMBS CPS, CSS, FCSS, HS, CHALO, CURV, PDA, CVS, FDA, FAV, CVM) estão descritos na Tabela 3. Estes correspondem à moda observada em cada acesso dentro do experimento. Observou-se que, dos quinze descritores qualitativos, nove foram uniformes (CORH, FAV, FDA, PDA, SEMBS, CPS, CSS, HS, e CHALO) em todos os acessos.

a) CORH (cor do hipocótilo)

Com base nos resultados observados, a cor do hipocótilo não permite distinção dos acessos do tipo de grão carioca. Não houve variação na cor do hipocótilo (Tabela 3). Todos os acessos apresentaram ausência de pigmentação antocianínica. Esta característica é típica das cultivares carioca, que, segundo Almeida et al. (1971), apresenta plantas muito pouco ou não pigmentadas de antocianina.

A utilização da cor do hipocótilo como descritor mínimo em feijão não é totalmente aceita para descrição varietal. Este descritor pode ser influenciado pela exposição ao sol a qual produz variações, principalmente, quanto à intensidade da cor (Irastorza, 1983).

Na avaliação proposta pelo IPGRI (*International Plant Genetic Resources*), essa característica é somente incluída na caracterização e avaliação posterior (IPGRI, 2001). Nos descritores elaborados pela Embrapa Arroz e Feijão, a pigmentação do hipocótilo está incluída nos descritores mínimos indicados para caracterizar de cultivares (Silva 2005), sendo também mencionada na inscrição do Registro Nacional de Cultivares do Brasil. Vilhordo et al. (1996) consideram que a cor do hipocótilo, dos cotilédones e nervuras das folhas primárias devem também ser usadas para a identificação das cultivares e linhagens.

Tabela 3. Dados das variáveis qualitativas¹ resultantes do uso da medida de tendência central, moda em cada acesso, de *Phaseolus vulgaris* L.

ORDEM	ACESSOS	CORH	HACRE	PORT	CURV	CVM	CVS	FAV	PDA	FDA	SEMBS	CPS	CSS	FCSS	HS	CHALO
1	CF200007	1	2	1	1	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
2	CF200077	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
3	CF240005	1	1	1	2	5	1	1	1	2	1	2	4	4	1	2
4	CF240008	1	2	1	2	5a	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
5	CF810122	1	2	1	2	1a	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
6	CF810371	1	2	1	2	5	2	1	1	2	1	2	4	4	1	2
7	CF830076	1	2	1	2	1a	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
8	CF830084	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
9	CF830119	1	2	1	2	1a	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
10	CF830124	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
11	CF830128	1	2	1	1	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
12	CF830149	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
13	CF840009	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
14	CF840072	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
15	CF840101	1	2	1	4	5	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2
16	CF840287	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
17	CF840451	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
18	CF840590	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
19	CF840718	1	2	1	2	4	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2
20	CF860027	1	2	2	2	5a	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
21	CF860038	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
22	CF860039	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
23	CF860041	1	3	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
24	CF860048	1	2	1	4	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
25	CF860052	1	2	1	2	1a	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2
26	CF860061	1	2	1	2	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
27	CF860066	1	2	1	2	5	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2
28	CF870015	1	2	1	2	5	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2
29	CF870067	1	3	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
30	CF870074	1	2	1	2	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
31	CF870083	1	2	1	2	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
32	CF870170	1	2	1	2	4	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2
33	CF870348	1	2	1	2	5a	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
34	CF871179	1	2	1	4	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
35	CF871184	1	2	2	2	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
36	CF871259	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
37	CF871260	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
38	CF871263	1	2	1	2	5a	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2

Tabela 3. Continuação

ORDEM	ACESSOS	CORH	HACRE	PORT	CURV	CVM	CVS	FAV	PDA	FDA	SEMBS	CPS	CSS	FCSS	HS	CHALO
39	CF880035	1	2	1	2	5	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2
40	CF880072	1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
41	CF880113	1	2	1	4	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
42	CF890008	1	1	1	4	4	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2
43	CF890014	1	2	1	4	5	1	1	1	2	1	2	4	1	1	2
44	CF890017	1	2	1	4	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
45	CF890019	1	2	1	2	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
46	CF890102	1	2	1	1	5a	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
47	CF890180	1	2	1	2	5	2	1	1	2	1	2	4	4	1	2
48	CF890193	1	2	1	2	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
49	CF970008	1	2	1	2	5	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
Moda (freq %)		1(100%)	2(96%)	1(96%)	2(79,5%)	4(44,8%)	2(77,5%)	1(100%)	1(100%)	2(100%)	1(100%)	2(100%)	4(100%)	1(94%)	1(100%)	2(100%)
maior valor		1	2	1	2	4	2	1	1	2	1	2	4	1	1	2
menor valor		-	1(4%)	2(4%)	1(6,1%)	1a(8,1%)	1(22,4%)	-	-	-	-	-	-	4(6,%)	-	-

¹_CORH (cor do hipocótilo): 1- ausente, 2- presente; HACRE: (hábito de crescimento) 1- determinado, 2,3,4- indeterminado; PORT (porte da planta): 1- ereto, 2- semi ereto, 3- prostrado, 4- semi prostrado; SEMBS (brilho da semente): 1- opaco, 2- intermediário, 3- brilhante; HS: (halo da semente): 1- ausente, 2- presente; CPS (cor primária da semente): 1-branca, 2- bege, 3 amarela, 4-marron, 5- rósea, 6- roxa, 7-vermelho, 8- preta, 9- cinza, 10-outras, 11- alaranjado; CSS (cor secundária da semente): as mesmas de cores primárias; FCSS (forma da cor secundária da semente): 1- rajas, 2- manchas, 3- pontuações, 4- rajas e pontuações, 5- outras (venações); CHALO (cor do halo da semente): as mesmas da cor primária e secundária, acrescido do 11- alaranjado; FAV(forma do ápice da vagem): 1- abrupto, 2- afilado; CURV (curvatura da vagem): 1-reto,2- arqueado, 3- recurvado, 4- semi-arqueado PDA (posição do dente apical); 1- marginal, 2- não marginal; CVS (cor da vagem seca): 1- amarelo claro, 2-amarelo escuro; FDA (forma do dente apical): 1- reto, 2- arqueado, 3- semi-arqueado; CVM (cor da vagem na maturação): 1- verde, 1a -verde claro, 2- verde com estrias roxas, 3- verde com estrias vermelhas, 4- amarelas, 4a – marron claro, 5- amarela com estrias roxas, 5a - amarelo com estrias roxas na zona da sutura ventral, 11- arroxeadado com estrias roxas.

b) HACRE (hábito de crescimento)

O hábito de crescimento predominante foi do tipo indeterminado II, com uma frequência de 96% no conjunto dos 49 acessos (Tabela 3). Apenas, os acessos CF 240005 e CF890008 apresentaram hábito do tipo determinado.

A ocorrência do tipo indeterminado nos grupos de cultivares carioca foi relatado pelos autores Almeida et al. (1971). Embora o hábito de crescimento do tipo indeterminado sofra influência do ambiente, nos acessos analisados houve predominância do hábito indeterminado do tipo II, caracterizado por ser arbustivo, porte da planta ereto e caule pouco ramificado. Vale ressaltar que vários cultivares do grupo carioca, IAC-Carioca, Carioca MG, Aporé; e Pérola, lançadas por programas de melhoramento, apresentaram hábito de crescimento indeterminado dos tipos II ou III.

c) PORT (porte)

Nesta característica houve predominância do tipo ereto, com frequência de 96% (Tabela 3). Porém, CF 860027 e CF 871184 foi do tipo semi-ereto.

É sabido que o porte é uma das características visadas nos programas de melhoramento de feijoeiro. Segundo Coyne (1980), citado por Ramalho et al. (1998), a planta ereta facilita os tratos culturais, reduz a incidência de algumas doenças, pois o maior arejamento desfavorece o desenvolvimento do patógeno *Sclerotinia sclerotiorum*, além de possibilitar a obtenção de grãos de melhor qualidade ao reduzir o contato das vagens com o solo úmido, e permitir a colheita mecanizada com menos perdas.

Segundo Ramalho & Abreu (2008), a seleção nesta característica não tem sido fácil, devido ao elevado número de genes envolvidos e, sobretudo, ao efeito do ambiente. Por outro lado, Erich et al. (1997), em estudo sobre associação entre porte das plantas do feijoeiro e o tamanho das sementes, verificaram não haver relação entre indicando assim os caracteres, indicando assim ser possível selecionar plantas eretas com qualquer tamanho de sementes.

e) SEMBS (brilho de semente)

O brilho de semente foi predominante do tipo opaco para todos os acessos avaliados (Tabela 3). Segundo Vilhordo et al. (1996), o brilho da semente é um carácter

utilizado para a identificação de cultivares. Este ponto é comum aos descritores elaborados pelo IPGRI (2001), pela Embrapa Arroz e Feijão e pelo CIAT (1976).

f) CPS (cor primária da semente) e CSS (cor secundária da semente)

A cor primária da semente foi homogênea, com a cor bege em todos os acessos (Tabela 3). Esta é uma característica típica das cultivares do grupo carioca. Segundo Baldoni et al. (2002), a cor da semente de feijão é fundamental para sua aceitação pelo mercado consumidor. Na maioria das regiões brasileiras a preferência é pelo tipo carioca, que corresponde a sementes com cor de fundo creme bem claro, tipo leitoso, com listras marrons claras. Esta característica é também considerada na identificação de cultivares do grupo.

Não houve variação também na cor secundária da semente. Todos os acessos apresentaram sementes marron (Tabela 3). Esta é também uma característica típica das cultivares dos grupos carioca, segundo Almeida et al. (1971). O controle genético da cor das sementes vem sendo estudado há mais de noventa anos. Ainda existem muitas dúvidas, porém, sabe-se que envolve grande número de genes (Bassett, 1996; Mc Clean et al., 2002)

g) FCSS (forma da cor secundária da semente)

Nesta variável o tipo rajado foi predominante, correspondendo a uma frequência de 94%. Somente, os acessos CF240005, CF810371 e CF890180 foram diferentes (Tabela 3) houve predominância do tipo conjunto, rajado e pontuações. Contudo, quer rajado, ou rajado e pontuações presentes no tegumento da semente são características que aparecem nos cultivares do grupo carioca.

h) HS (halo da semente) e CHALO (cor do halo)

Não houve a presença de halo na semente. A cor do halo foi a mesma cor primária da semente, portanto, cor bege (Tabela 3). No grupo de cultivares de carioca é comum encontrar genótipos com presença ou ausência do halo (Ramalho et al., 1998). Embora no presente trabalho não tenha sido encontrada variação na presença e na cor do halo, estas características podem servir para a identificação de cultivares.

i) FAV (forma do ápice da vagem) PDA (posição do dente apical) e FDA (forma do dente apical)

Não houve variabilidade para estes descritores. Nos 49 acessos avaliados, as características forma da ápice da vagem, posição do dente apical e forma do dente apical foram predominante do tipo abrupto, marginal e arqueado, respectivamente (Tabela 3).

j) CURV (curvatura da vagem)

Nesta característica houve predominância do tipo arqueado, com frequência de 79,5% (Tabela 3). Nos acessos CF200007, CF830128 e CF890102 foi observado o tipo reto, enquanto em CF840101, CF860048, CF871179, CF880113, CF890008, CF890014 e CF890017 ocorreu o tipo semiarqueado. Estes resultados mostram ocorrência de variabilidade entre os acessos para este descritor.

k) CVS (cor da vagem seca)

Esta característica variou nos 49 acessos. Houve predominância do tipo amarelo escuro, frequência de 77,5% (Tabela 3). Contudo, nos acessos CF240005, CF840101, CF840718, CF860052, CF860066, CF870015, CF870170, CF871263, CF880035, CF890008 e CF890014 houve a predominância do tipo amarelo claro.

l) CVM (cor da vagem na maturação)

Nesta característica ocorreu predominância do tipo amarelo, com frequência de 44,8% (Tabela 3). Entretanto, 18 acessos (36,7%) apresentaram tipo amarelo com estrias roxas, 5 acessos (10,2%) mostraram o tipo amarelo com estrias roxas na zona da sutura ventral, e em 4 acessos (8,1%) foi observado o tipo verde claro (Tabela 3). Esta ocorrência de diferentes cores de vagens é indicadora de existência de diversidade gênica entre acessos. A ocorrência dessas cores está de acordo com Almeida et al. (1971), que afirmaram que as cores verde-amarelo e amarelo-palhas, ocorrendo esporadicamente com manchas rosadas de intensidades variadas, estão presentes durante o processo de maturação no grupo de feijões carioca.

Vale ressaltar que devido à subjetividade na avaliação dessa característica é indispensável a adoção do padrão internacional de cores, pois isto permite ao avaliador uma uniformidade na distinção das cores. Além disso, possibilita que resultados obtidos em diferentes institutos de pesquisa tenham informações padronizadas.

Vale também ressaltar que os descritores morfológicos são de baixa influência ambiental. No entanto os acessos avaliados foram coletados em diferentes regiões, e em anos diferentes.

4.2 ANÁLISE DOS DADOS DE NATUREZA QUANTITATIVA

4.2.1 Análise da variabilidade dentro dos acessos

A variabilidade dentro de cada acesso, em relação às variáveis analisadas encontram-se no Apêndice A. Considerando-se o desvio padrão para cada variável analisada, verifica-se baixa variabilidade dentro de cada acesso, para as variáveis CO/LAS e ES/LAS. No entanto, a variável DIAE não apresentou variação dentro dos acessos. Vale ressaltar que a variável dias de floração (FLOR) não variou nos acessos CF810371, CF840287, CF860038, e CF870067. Essa variável apresentou ciclo curto 42 dias, nos acessos CF840387 e CF890102. Entretanto, vale ressaltar que a variabilidade verificada dentro dos acessos para todas as variáveis analisadas estão sujeitas à influência ambiental. Os resultados apresentados referem-se às condições ambientais do Estado de Goiás.

4.2.2 Análise de variância univariada dos descritores

A variável dias de emergência (DIAE), não apresentou variação entre as 36 plantas de cada acesso, como também não houve variação entre os acessos. Assim, não foram exibidos os resultados para o teste F e *P*-valor. As variáveis LARGF (largura foliar), NVS (número de vagens por planta), LARGV (largura da vagem), CDA (comprimento do dente apical) e NLV (número de lóculos por vagem) não apresentaram diferença significativa entre os acessos (Tabela 4).

As variáveis COMPF (comprimento foliar), e ESPS (espessura da semente) apresentaram diferenças significativas ($P < 0,05$), enquanto o COMPS (comprimento da semente), LARGS (largura da semente), CO/LAS (comprimento sobre largura da

semente), ES/LAS (espessura sobre largura da semente), P100S (peso cem semente), COMPV (comprimento da vagem) e FLOR (dias de floração) foram altamente significativas ($P < 0,01$) (Tabela 4). Essas variáveis evidenciam que existe variabilidade genética entre os acessos avaliados. Tais resultados sugerem que esses caracteres agrônômicos devem ser considerados importantes para a identificação da divergência genética entre os acessos. Resultados semelhantes foram encontrados por Bonett et al. (2006), na análise de variância de variáveis usadas no estudo de divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum.

Também observou-se que a maioria das variáveis mostrou coeficiente de variação (CV) abaixo dos 10% (Tabela 4), o que é indicador de o experimento ter sido realizado com boa precisão. A interpretação individual desses caracteres é apresentado logo a seguir

Tabela 4. Análise de variância dos descritores avaliados nos 49 acessos de *Phaseolus vulgaris* L.

Descritores	Quadrado médios			Média	CV (%)
	Blocos	Acessos	Erro		
Comprimento foliar	5,18	0,868*	0,50	10,99	6,48
Largura foliar	4,34	0,368 ^(NS)	0,29	7,88	6,84
Comprimento da semente	0,32	0,499**	0,07	10,17	2,75
Largura da semente	0,12	0,088**	0,02	6,52	2,62
Espessura da semente	0,56	0,053*	0,03	4,83	3,80
Comprimento/Largura da semente	0,00	0,023**	0,00	1,57	6,09
Espessura/Largura da semente	0,01	0,00**	0,00	0,74	6,53
Peso de cem sementes	26,88	5,70**	3,20	22,86	7,82
Número de vagens por planta	283,44	27,86 ^(NS)	22,13	18,19	25,86
Comprimento da vagem	0,25	0,59**	0,21	9,55	4,84
Largura da vagem	0,16	0,02 ^(NS)	0,02	0,76	18,61
Comprimento do dente apical	0,02	0,00 ^(NS)	0,00	0,48	14,76
Número de locúlos por vagem	0,72	0,17 ^(NS)	0,14	7,17	5,30
Dias de floração	46,33	41,85**	5,79	49,72	4,84

* e ** valores significativos aos níveis de 5% ou 1% de probabilidade, respectivamente; ^{NS} - valores não significativos a 5% de probabilidade.

a) COMPF (comprimento foliar) e LARGF (largura foliar)

A média do COMPF nos 49 acessos foi de 10,99 cm enquanto que para a largura foliar foi de 7,88 cm (Tabela 5). A dispersão desta variável indicou que o valor máximo foi de 12,38 cm, que ocorreu no acesso CF860041, e o valor mínimo foi de 9,64 cm, ocorrido no acesso CF871260. Na largura foliar, a dispersão mostrou valor máximo de 8,81 cm no acesso CF860041 e o valor mínimo de 7,13 cm, para CF871260. Portanto,

entre os 49 acessos, o maior comprimento e largura foliar ocorreu no acesso CF860041, e o menor comprimento e largura foliar no acesso CF871260. Segundo Queiroga et al. (2003), o conhecimento do comprimento e largura foliar pode ser uma ferramenta na análise de crescimento e produtividade das plantas.

c) COMPS (comprimento da semente) e LARGS (largura da semente)

A média da variável COMPS e de LARGS foi de 10,17 mm e 6,52 mm respectivamente (Tabela 5). Os valores de COMPS variaram de 11,73 mm (CF870015) a 9,37 mm (CF890193). A largura da semente (LARGS) teve uma variação de 7,09 mm (CF890180) a 6,21 mm (CF830149). Estes resultados foram concordantes com Almeida et al. (1971), que mencionam que no grupo carioca as sementes apresentam comprimento médio de 9,5 mm e largura média da semente de 6 mm.

d) ESPS (espessura da semente)

A média desta variável foi de 4,83 mm, variando de 5,11 mm (CF830084) a 4,51 mm (CF830149). Estes resultados estão de acordo com Almeida et al. (1971), que afirmaram ocorrer no grupo carioca sementes com espessura média de 5,1 mm.

e) CO/LAS (comprimento sobre largura da semente) e ES/LAS (espessura sobre largura da semente).

Segundo Puerta Romero (1961), estas variáveis são usadas para definir a forma das sementes, baseado nos conceitos dos coeficientes de J e H, correspondente a CO/LAS e ES/LAS respectivamente. Foi observado que nos 49 acessos avaliados, o coeficiente J apresentou média de 1,57 (Tabela 5), com dispersão entre valor máximo de 1,86 no acesso CF870015 e mínimo de 1,42 ocorrido no acesso CF890180. De forma geral, com base nos resultados do coeficiente J o formato da semente foi elíptico com variações de sementes reniformes médias, observadas no acesso CF870015, e esféricas em CF 890180. Com base nesta classificação de J, segundo Vilhordo (1978), observa-se ocorrência de semente elíptica em todos os grupos comerciais, na maioria das cultivares estudadas, como por exemplo: em 50% no grupo Manteigão; 75% no grupo Bico-de-Ouro, 80% no Preto; e 100% nos grupos Rosinha e Roxinho.

Tabela 5. Dados das médias⁽¹⁾ das catorze variáveis⁽²⁾ para cada acesso de *Phaseolus vulgaris* L. avaliados.

ACESSOS	COMPF	LARGF	COMPS	LARGS	ESPS	CO/LAS	ES/LAS	P100S	NVS	COMPV	LARGV	CDA	FLOR	NLV
CF200007	10,88abc	7,88a	9,53fg	6,51bcde	4,53a	1,47cd	0,70c	18,94b	21,00a	9,23abcdef	0,94a	0,47a	7,44a	54,00ab
CF200077	10,14abc	7,22a	10,27efgd	6,57abcde	4,70a	1,57abcd	0,72bc	21,62ab	15,9a	9,09bcdef	0,71a	0,51a	6,94a	54,00ab
CF240005	10,78abc	7,77a	10,5ebd	6,66abcde	4,71a	1,59abcd	0,71bc	23,43ab	18,6a	9,24abcdef	0,76a	0,51a	6,83a	46,33bcde
CF240008	11,74abc	8,29a	10,34efbd	6,91ab	4,95a	1,5cd	0,72bc	25,11a	16,7a	10,46abc	0,81a	0,53a	7,61a	53,00ab
CF810122	11,17abc	7,91a	9,90efg	6,41bcde	4,78a	1,55abcd	0,74abc	21,75ab	20,00a	9,68abcdef	0,73a	0,50a	7,28a	48,33abcde
CF810371	10,33abc	7,37a	10,11efgd	6,53abcde	4,84a	1,55abcd	0,74abc	22,6ab	13,3a	9,55abcdef	0,7a	0,46a	7,00a	53,00ab
CF830076	10,94abc	7,83a	9,93efg	6,39bcde	4,73a	1,56abcd	0,74abc	21,31ab	17,6a	9,85abcde	0,93a	0,49a	7,39a	48,00abcde
CF830084	9,96bc	7,40 a	10,39efbd	6,63abcde	5,11a	1,57abcd	0,77abc	23,58ab	16,1a	9,52abcdef	0,74a	0,46a	6,96a	47,33abcde
CF830119	10,98abc	8,02a	9,88efg	6,27de	4,96a	1,58abcd	0,79abc	22,63ab	15,7a	9,53abcdef	0,75a	0,47a	7,00a	44,67cde
CF830124	10,90abc	7,77a	10,19efgd	6,55abcde	5,02a	1,56abcd	0,77abc	24,84ab	18,00a	9,64abcdef	0,75a	0,48a	7,00a	55,00a
CF830128	12,19ab	8,63a	10,04efg	6,86abc	4,73a	1,47cd	0,69c	22,37ab	20,20a	8,90def	0,77a	0,60a	6,97a	46,67bcde
CF830149	10,83abc	7,59a	9,62efg	6,22e	4,51a	1,55abcd	0,73abc	19,77ab	15,20a	9,39abcdef	0,71a	0,51a	7,24a	53,00ab
CF840009	10,74abc	7,68a	10,13efgd	6,53abcde	4,96a	1,56abcd	0,76abc	22,86ab	20,30a	9,86abcde	0,69a	0,48a	7,14a	46,67bcde
CF840072	10,53abc	7,51a	10,41efbd	6,62abcde	4,91a	1,57abcd	0,74abc	23,73ab	12,70a	9,43abcdef	0,73a	0,48a	7,21a	52,00abc
CF840101	10,43abc	7,58a	10,01efg	6,46bcde	4,92a	1,55abcd	0,76abc	23,17ab	14,30a	9,42abcdef	0,65a	0,44a	7,31a	46,67bcde
CF840287	10,83abc	7,85a	10,23efgd	6,47bcde	4,88a	1,59abcd	0,76abc	23,45ab	19,90a	9,77abcdef	0,69a	0,52a	7,39a	42,00e
CF840451	11,46abc	8,20a	10,2efgd	6,51bcde	4,87a	1,57abcd	0,75abc	22,5ab	19,60a	9,66abcdef	0,81a	0,49a	7,22a	43,33de
CF840590	11,57abc	8,10a	10,04efg	6,45bcde	4,73a	1,56abcd	0,73abc	24,39ab	23,20a	9,46abcdef	0,73a	0,47a	7,28a	55,00a
CF840718	10,99abc	7,91a	11,27ab	6,49bcde	4,81a	1,77abc	0,76abc	25,28a	16,70a	10,43abcd	0,75a	0,48a	7,17a	53,00ab
CF860027	11,54abc	8,40a	9,77efg	6,41bcde	5,03a	1,53bcd	0,79abc	22,95ab	27,90a	9,72abcdef	0,70a	0,49a	7,08a	50,00abcde
CF860038	11,88abc	8,39a	10,08efg	6,39bcde	4,81a	1,58abcd	0,76abc	23,09ab	22,50a	9,73abcdef	0,77a	0,47a	7,47a	53,00ab
CF860039	10,79abc	7,54a	10,47efbd	6,67abcde	4,82a	1,57abcd	0,72bc	22,82ab	17,90a	9,60abcdef	0,70a	0,46a	7,28a	53,00ab
CF860041	12,38a	8,81a	10,06efg	6,58abcde	4,89a	1,53bcd	0,74abc	23,00ab	23,50a	9,60abcdef	0,78a	0,50a	7,41a	48,33abcde
CF860048	10,96abc	8,00a	10,02efg	6,54abcde	4,82a	1,54abcd	0,74abc	22,04ab	19,20a	9,35abcdef	0,89a	0,55a	7,26a	53,33ab
CF860052	11,14abc	7,95a	9,98efg	6,5bcde	4,85a	1,54abcd	0,75abc	22,09ab	14,50a	9,34abcdef	0,69a	0,48a	7,09a	51,00abcd
CF860061	10,8abc	7,82a	9,98efg	6,51bcde	4,96a	1,53bcd	0,76abc	22,36ab	15,20a	9,44abcdef	0,76a	0,45a	7,14a	49,00abcde
CF860066	10,81abc	7,78a	10,19efgd	6,63abcde	4,97a	1,54abcd	0,75abc	23,88ab	21,00a	9,69abcdef	0,71a	0,52a	6,89a	54,00ab

Tabela 5. Continuação

ACESSOS	COMP ¹	LARG ¹	COMP ²	LARG ²	ESPS	CO/LAS	ES/LAS	P100S	NVS	COMPV	LARGV	CDA	FLOR	NLV
CF870015	10,52abc	7,97a	11,73a	6,31cde	4,70a	1,86a	0,75abc	25,64a	21,30a	9,79abcde	0,73a	0,47a	7,14a	51,00abcd
CF870067	11,19abc	7,95a	10,13efgd	6,43bcde	4,78a	1,58abcd	0,75abc	23,12ab	18,50a	9,33abcde	1,03a	0,50a	7,28a	53,00ab
CF870074	11,62abc	8,20a	10,36efbd	6,51abcde	4,88a	1,59abcd	0,75abc	23,82ab	19,50a	9,93abcde	0,75a	0,51a	6,94a	50,33abcd
CF870083	10,7abc	7,70a	10,07efg	6,61abcde	4,93a	1,53bcd	0,75abc	23,63ab	25,40a	9,55abcde	0,90a	0,48a	7,23a	52,00abc
CF870170	11,5abc	8,02a	10,27efgd	6,67abcde	4,79a	1,55abcd	0,72bc	23,11ab	15,80a	9,41abcde	0,97a	0,50a	7,14a	55,00a
CF870348	11,45abc	8,27a	10,22efgd	6,6abcde	4,79a	1,55abcd	0,73abc	23,01ab	17,60a	9,50abcde	0,95a	0,48a	7,36a	47,67abcde
CF871179	10,56abc	7,45a	9,86efg	6,31cde	4,61a	1,56abcd	0,73abc	20,09ab	17,20a	9,11bcde	0,64a	0,46a	7,11a	50,00abcde
CF871184	11,49abc	8,24a	9,96efg	6,36bcde	4,88a	1,57abcd	0,77abc	22,26ab	18,80a	9,47abcde	0,79a	0,56a	7,39a	43,33de
CF871259	10,61abc	7,66a	10,30efgd	6,8abcd	4,81a	1,52bcd	0,71bc	22,83ab	19,10a	9,41abcde	0,76a	0,46a	7,26a	47,67abcde
CF871260	9,64c	7,13a	10,2efgd	6,32cde	4,87a	1,83ab	0,87ab	22,68ab	15,60a	8,96cde	0,60a	0,43a	6,75a	54,00ab
CF871263	11,17abc	8,01a	10,13efgd	6,57abcde	5,04a	1,54abcd	0,77abc	23,08ab	20,60a	9,81abcde	0,72a	0,50a	7,56a	48,33abcde
CF880035	10,71abc	7,46a	10,26efgd	6,39bcde	5,03a	1,82ab	0,89a	23,49ab	15,70a	9,63abcde	0,70a	0,49a	6,94a	53,00ab
CF880072	10,51abc	7,55a	11,13ab	6,63abcde	4,86a	1,68abcd	0,73abc	24,36ab	15,00a	10,71a	0,79a	0,54a	7,64a	51,00abcd
CF880113	11,08abc	7,74a	10,17efgd	6,56abcde	4,86a	1,55abcd	0,74abc	23,71ab	18,30a	9,93abcde	0,68a	0,50a	7,19a	46,33bcde
CF890008	11,31abc	7,94a	11,04abd	6,44bcde	4,73a	1,72abcd	0,74abc	23,91ab	18,60a	10,63ab	0,79a	0,57a	7,78a	50,67abcd
CF890014	10,75abc	7,63a	10,07efg	6,42bcde	4,90a	1,57abcd	0,76abc	22,75ab	15,60a	9,70abcde	0,74a	0,51a	7,15a	54,33ab
CF890017	10,46abc	7,43a	10,01efg	6,43bcde	4,76a	1,56abcd	0,74abc	21,06ab	18,30a	9,64abcde	0,87a	0,46a	7,08a	43,33de
CF890019	11,04abc	8,20a	10,09efg	6,38bcde	4,96a	1,58abcd	0,78abc	22,92ab	17,10a	9,75abcde	0,78a	0,53a	7,31a	49,33abcde
CF890102	11,29abc	8,08a	9,85efg	6,82abcd	4,64a	1,45d	0,68c	21,74ab	14,50a	8,76ef	0,77a	0,44a	6,75a	42,00e
CF890180	11,77abc	8,25a	10,06efg	7,09a	4,80a	1,42d	0,68c	23,46ab	18,90a	8,22f	0,74a	0,44a	6,61a	48,67abcde
CF890193	10,64abc	8,05a	9,37g	6,24de	4,63a	1,51bcd	0,74abc	19,79ab	17,20a	8,8ef	0,76a	0,48a	6,91a	47,00abcde
CF970008	11,01abc	8,12a	9,90efg	6,48bcde	5,08a	1,53bcd	0,78abc	24,44ab	17,00a	9,48abcde	0,64a	0,45a	7,25a	44,67cde
Média geral	10,99	7,88	10,18	6,52	4,84	1,57	0,74	22,86	18,20	9,55	0,76	0,48	7,17	49,72
Valor máximo	12,38	8,81	11,73	7,09	5,11	1,86	0,89	25,28	27,90	10,71	1,03	0,60	7,78	55,00
Valor mínimo	9,64	7,13	9,37	6,21	4,51	1,42	0,68	18,94	12,80	8,22	0,60	0,43	6,61	42,00
Desvio padrão	0,53	0,35	0,41	0,17	0,13	0,09	0,04	1,38	3,02	0,44	0,09	0,04	0,24	3,69

⁽¹⁾Médias seguidas de letras iguais, na mesma coluna, não diferem significativamente pelo teste de Tukey, em nível de 5% de probabilidade; ⁽²⁾COMP¹ (comprimento foliar); LARG¹ (largura foliar); COMP² (comprimento da semente); LARG² (largura da semente); ESPS (espessura da semente); CO/LAS (comprimento sobre largura da semente); ES/LAS (espessura sobre largura da semente); P100S (peso de cem sementes); NVS (nº vagens); COMPV (comprimento da vagem); LARGV (largura da vagem); CDA (comprimento do dente apical); NLV (número de lóculos por vagem); FLOR (dias de floração).

Quanto ao coeficiente H, a média nos 49 acessos foi de 0,74, com valor máximo de 0,89 (CF880035) e mínimo de 0,68 (CF890102 e CF890190). Desta forma, predominou o tipo de semente semi-cheia, embora houve também a ocorrência de tipo semente cheia (CF880035) e achatada (CF890102 e CF890190).

f) P100S (peso de cem sementes)

A média do peso de cem sementes foi de 22,86 g (Tabela 5), variando de 25,28 g no acesso CF840718 a 18,94 g em CF200007. O valor médio apresentado está de acordo ao relatado por Ramalho & Abreu (2008), para o feijão carioca, segundo os quais o peso de cem sementes varia de 23g a 25 g. Sendo assim, os acessos apresentaram sementes de tamanho médio, com ocorrência de sementes de tamanho muito pequeno, observada no acesso CF200007. Baseando-se na classificação de Mateo Box, (1961), citado por Vilhordo et al. (1996), a maioria dos acessos apresentaram sementes pequenas, característica do carioca original.

g) NVS (número de vagens por planta)

Em relação ao número de vagens por planta, a média foi de 18 vagens, com valores máximos de 28 vagens (CF860027) e mínimo de 13 vagens (CF840072) (Tabela 5), e a maior parte dos acessos apresentou hábito de crescimento indeterminado (Tabela 3). Isto é concordante com Vilhordo & Muller (1981), citado por Vilhordo et al. (1996), que observaram maior número de vagens por planta nas cultivares de hábito de crescimento indeterminado do que no tipo determinado.

h) COMPV (comprimento de vagem) e LARGV (largura da vagem)

A média observada do comprimento da vagem nos 49 acessos foi de 9,55 cm, com uma dispersão indicando o valor máximo de 10,71, no acesso CF880072, e mínimo de 8,22, em CF890180 (Tabela 5). A largura média da vagem, foi de 0,76 cm, com dispersão entre o valor máximo de 1,03 cm, no acesso CF870067, e o mínimo de 0,6 no acesso CF871260. Esta informação está de acordo com Almeida et al. (1971), sobre as dimensões

de vagens nas cultivares do grupo carioca. Segundo os autores, em relação ao comprimento, a média foi de 10,5 cm, e para a largura 0,88 cm.

i) CDA (comprimento do dente apical)

Esta variável teve média de 0,48 cm. O valor máximo indicado na dispersão foi de 0,6 cm, no acesso CF830128, e mínimo de 0,43 cm, no acesso CF871260. Considerando a classificação do dente apical quanto ao tamanho, segundo Puerta Romero (1961), observou-se em todos os acessos a ocorrência, em média, do tamanho curto do dente apical (4,8 mm) (Tabela 5), e em único acesso o tamanho 6 mm.

j) FLOR (dias de floração)

Esta variável resultou em média de 49,7 dias, com variação entre o máximo de 55 dias, observado no acesso CF870170, e mínimo de 42 dias, no acesso CF890102. Entretanto segundo Almeida et al. (1971), os dias de floração após emergência, variam 39 a 50 dias no grupo carioca, o que se ajusta ao observado nos 49 acessos.

Vale ressaltar que numerosos acessos mostraram-se valiosos nos descritores de sementes e vagens, enquanto outros agregaram valor em precocidade. Os acessos CF840287 e CF890102, podem ser considerados os mais promissores, pois além de agregarem boa informação referente aos descritores de vagens, sementes, e foliar são também os mais precoces no conjunto dos 49 acessos. No relatório da FAO (2008), citado por Vidigal-Gonçalves et al. (2008), a procura por materiais com boas informações referentes aos descritores de produtividade é alta por parte dos melhoristas. O Brasil, apesar de ser o maior produtor de feijão no mundo, tem média da produtividade (852 kg/ha) que é mais baixa do que a observada nos Estados Unidos e China, onde essa média atinge 1923 e 1560 kg/ha, respectivamente.

4.2 3 Análise das correlações entre caracteres morfoagronômicos.

Na Tabela 6 está sumarizada as estimativas de correlação entre catorze descritores morfoagronômicos.

A maioria das variáveis apresentam baixas magnitude de correlação, quer seja positiva ou negativa ($r < 0,5$). No entanto, a maior correlação observou-se entre o comprimento foliar (COMPF) e a largura foliar (LARGF) ($r = 0,92$), seguida da correlação entre o de peso cem sementes (P100S) e comprimento da semente (COMPS) ($r = 0,72$). Por outro lado, as correlações entre COMPS e CO/LAS; COMPS e COMPV; LARGS e ES/LAS; ESPS e ES/LARGS; P100S e ESPS; CO/LAS e ES/LAS foram relativamente baixas entre 0,55 e 0,68, indicando haver relação entre as variáveis de tamanho da semente. No entanto todas essas variáveis foram consideradas descartadas, na análise de variáveis canônicas, indicando que nenhuma medida de tamanho de semente contribui substancialmente para a discriminação dos acessos, de modo que não necessitam ser tomadas, o que facilita o processo de avaliação.

Tabela 6. Coeficientes de correlação fenotípica entre catorze variáveis morfoagronômicas¹, avaliados em 49 acessos de *Phaseolus vulgaris* L.

	COMPF	LARGF	COMPS	LARGS	ESPS	CO/LAS	ES/LAS	P100S	NVS	COMPV	LARGV	CDA	NLV
LARGF	0,92	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
COMPS	-0,14	-0,13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
LARGS	0,31	0,20	0,14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ESPS	-0,04	0,03	0,09	0,11	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CO/LAS	-0,39	-0,34	0,68	-0,45	0,09	-	-	-	-	-	-	-	-
ES/LAS	-0,33	-0,25	0,00	-0,55	0,57	0,61	-	-	-	-	-	-	-
P100S	0,13	0,14	0,71	0,30	0,58	0,39	0,20	-	-	-	-	-	-
NVS	0,46	0,51	-0,05	0,00	0,04	-0,12	-0,05	0,11	-	-	-	-	-
COMPV	0,03	-0,01	0,55	-0,17	0,30	0,41	0,19	0,48	0,08	-	-	-	-
LARGV	0,30	0,29	-0,05	0,13	-0,26	-0,22	-0,33	-0,15	0,16	0,05	-	-	-
CDA	0,37	0,33	0,17	0,03	-0,08	0,00	-0,17	0,06	0,16	0,35	0,24	-	-
NLV	0,24	0,22	0,19	-0,15	0,01	0,04	-0,08	0,10	0,17	0,67	0,29	0,36	-
FLOR	-0,11	-0,23	0,18	-0,04	-0,08	0,25	0,12	0,14	-0,01	0,13	0,09	0,03	0,05

¹COMPF: comprimento foliar; LARGF: Largura foliar; COMPS: Comprimento da semente; LARGS: Largura da semente; ESPS : Espessura da semente; CO/LAS: Comprimento/Largura da semente; ES/LAS: Espessura/Largura da semente; P100S: Peso de cem sementes; NVS: Número de vagens por planta; COMPV: Comprimento da vagem; LARGV: Largura da vagem; CDA: Comprimento do dente apical; NLV: Número de locúlos por vagem; FLOR: Dias de floração.

4.2.4. Análise de agrupamento

A análise de agrupamento pelo método de Ward associada aos critérios de definição do número de grupos, as estatísticas Pseudo T2, Pseudo F, CCC e a observação da estabilização da correlação semiparcial ao quadrado (SPRSQ) (Figura 3), indicaram a presença de seis grupos de acessos. Analisando os valores de PST2, nota-se que ao acompanhar o eixo dos grupos, do maior valor para o menor, houve vários saltos. No entanto o pico ocorreu no ponto correspondente a cinco grupos indicando que o possível momento de parada do algoritmo no passo anterior foi em seis grupos. Este valor é o número ideal de grupos.

Examinado a estatística Pseudo F, apresentou um valor máximo (pico) e depois uma diminuição gradual do seu valor, com o aumento do número de grupos. Assim, no pico observado correspondeu a partição ideal do número de grupos.

Considerando a estatística CCC, observa-se que o seu o valor no pico (ligeiramente acima de doze) é maior que dois, valor considerado adequado (Searle, 1983). Observando-se no eixo dos grupos o valor do pico corresponde a seis. Nota-se também, que a inclinação da reta entre seis e dois grupos é maior do que nos demais passos indicando que o algoritmo deve parar na etapa anterior, ou seja, também em seis grupos. Finalmente considerando os valores de SPRSQ, nota-se que existe um ponto de estabilização em sete grupos (no método aglomerativo recomenda-se caminhar no gráfico da esquerda para a direita). indicando distanciamento relativo para a junção de dois grupos.

Observando-se o dendrograma obtido pela análise de agrupamento (Figura 4) com a partição em seis grupos, verifica-se que o grupo quatro reuniu a maioria dos acessos, praticamente 50%. Nesse grupo estão incluídos acessos coletados em diferentes Unidades Federais de quatro regiões ecogeográficas: Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste e Sul.

As etapas de agrupamento, equivalente aos 49 acessos estudados podem ser visualizados na Tabela 7.

Segundo Voyasest (2000), citado por Bonet et al. (2006), uma possível explicação para a similaridade entre elevado número de cultivares denominadas ‘Cariocas’, deve-se ao fato de haver uma predominância de hibridações entre genótipos da mesma raça que têm envolvido um reduzido número de ancestrais da raça mesoamericana, entre os quais se encontram as cultivares Carioca, Jamapa, Porrillo Sintético e Turrialba. De acordo Bonett et al. (2006), os agrupamentos mostram que o local de coleta não reflete, necessariamente, a diversidade genética, pois cultivares de carioca de diferentes regiões foram incluídas dentro de um mesmo grupo.

No presente trabalho tende-se a afirmar que a ocorrência de similaridades entre acessos de diferentes regiões se deveu, provavelmente, ao sistema de cultivo praticado naquelas regiões. Quer dizer que em situações de cultivo do mesmo cultivar em diferentes regiões, espera-se haver similaridade. Contrariamente, quando este mesmo material for cultivado em misturas de outras variedades no mesmo campo de cultivo, pode-se assim haver ampliação da base genética, resultado das possíveis hibridações naturais. Este ponto

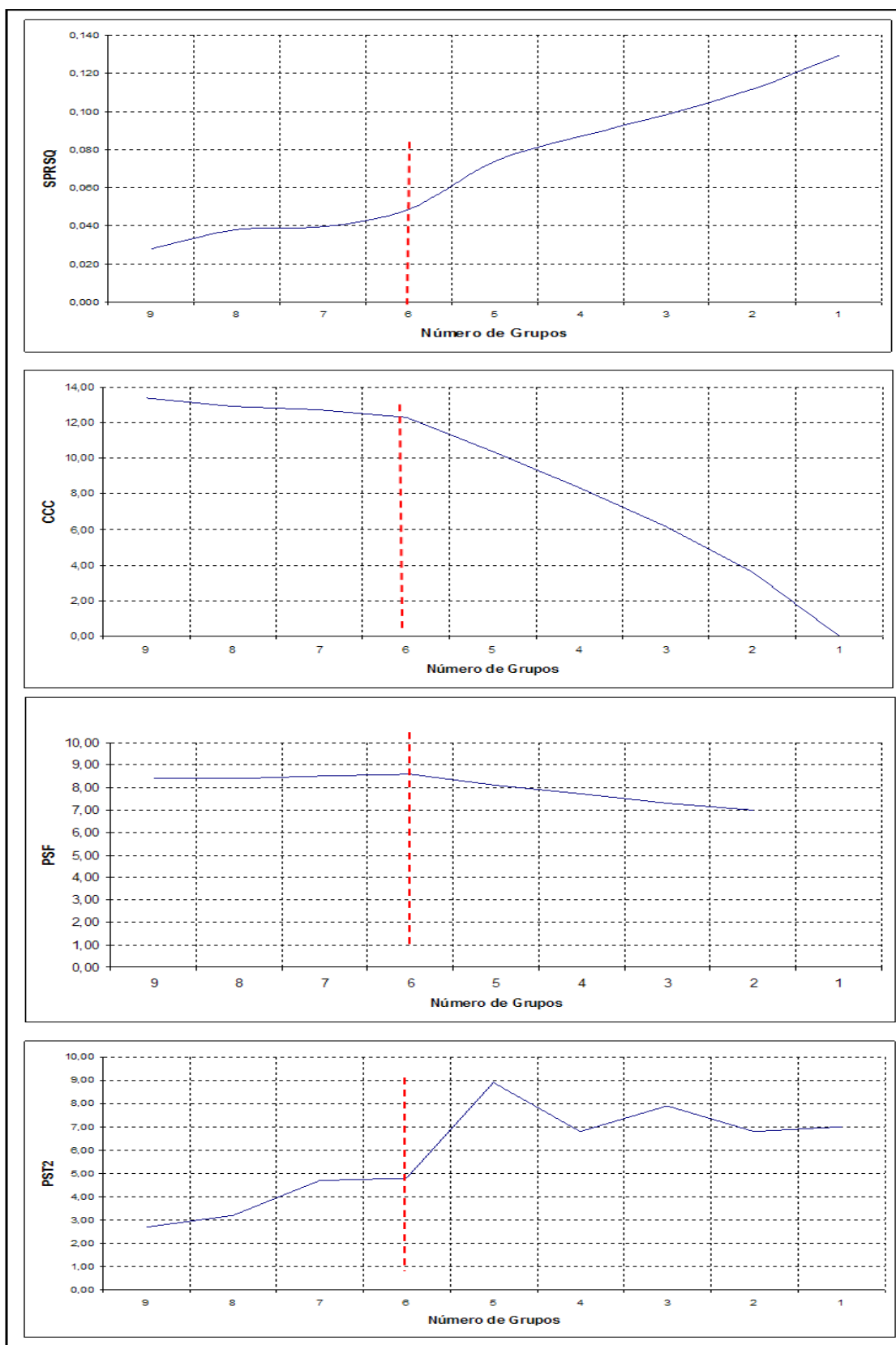


Figura 3. Representação gráfica dos valores de correlação semiparcial ao quadrado (SPRSQ), CCC(*cubic clustering criterion*), Pseudo F e de Pseudo T2, em relação aos passos do algoritmo de agrupamento pelo método de Ward, aplicada aos 49 acessos de *Phaseolus vulgaris* L.

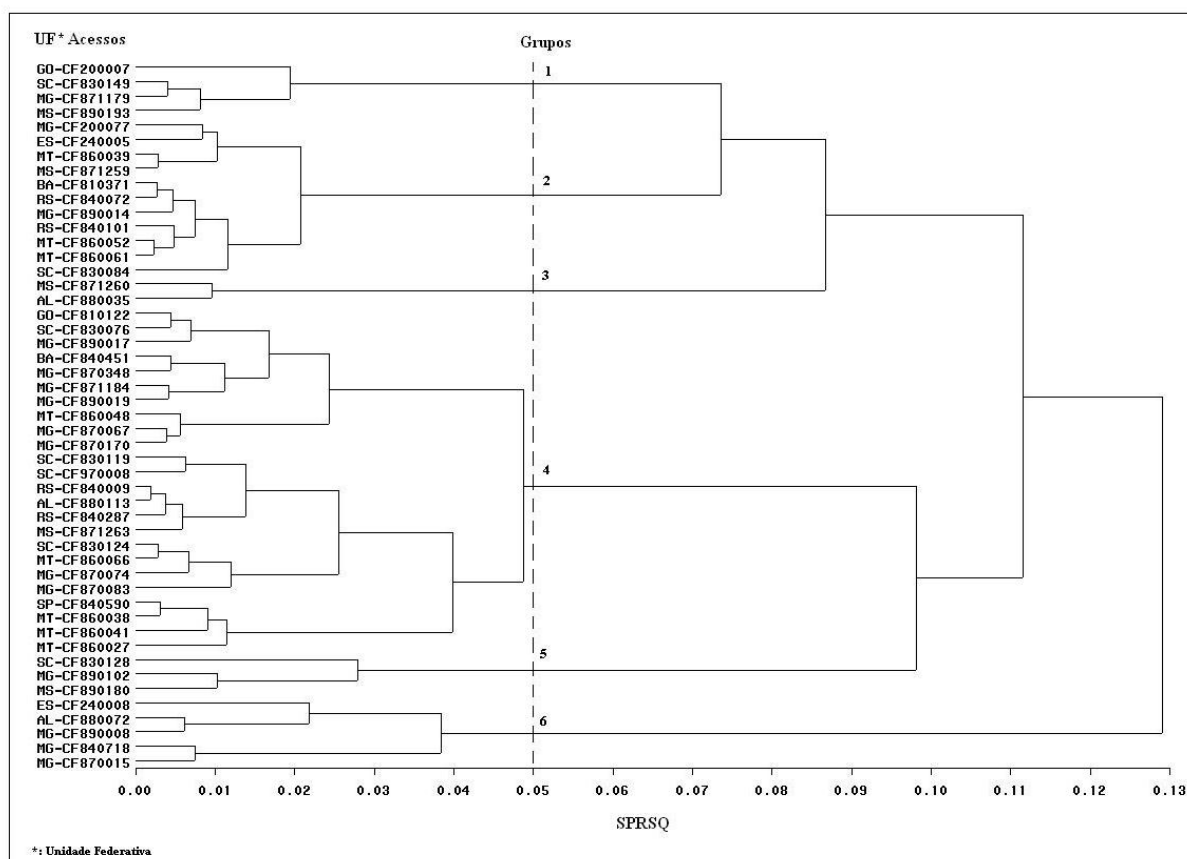


Figura 4. Dendrograma do agrupamento de 49 acessos crioulos (*Phaseolus vulgaris* L.), do tipo Carioca, e seus locais de coleta, pelo método de Ward, utilizando-se 15 descritores morfoagronômicos, em relação à correlação semiparcial ao quadrado (SPRSQ). A reta vertical representa o momento de parada do algoritmo para a formação de seis grupos de acessos

de vista está de acordo com Ramalho & Abreu (2008), ao se referirem que grande parte dos agricultores não adquire sementes, uma vez que reutilizam suas próprias ou de vizinhos. Por causa das misturas mecânicas, da ocorrência de mutação e dos milhares de indivíduos que são anualmente semeados, pode-se esperar que seja grande a variabilidade do material em uso pelos agricultores, há longo tempo.

Essa variabilidade genética no material dos agricultores pode e deve ser utilizada pelos melhoristas, pois espera-se que apenas sobrevivam aquelas linhagens que possuam alguma vantagem adaptativa (Cardoso & Vieira, 1972). Segundo Ramalho & Abreu (2008), esse fato é bem ilustrado na cultivar Carioca, que foi conseguida a partir de uma planta selecionada por um agricultor no município de Plamital, em São Paulo. Assim, sementes dessa planta foram enviadas pelo Serviço de Extensão para o Instituto Agrônomo de Campinas. Portanto, os acessos de diferentes regiões, que mostraram

ocorrer similaridade, demonstra que a similaridade existente é provavelmente devida à uma base genética comum; isto é, um ponto de convergência de origem; “ancestral Carioca”, que originou-se em Campinas. No entanto tratando-se de descritores quantitativos, bastante influenciados pelo ambiente, o presente estudo aplica-se às condições do Estado de Goiás. Contudo deve ser também repetido em outras regiões para confirmação dos resultados.

Tabela 7. Histórico de aglomeração da análise hierárquica dos 48 passos do agrupamento de 49 acessos tradicionais de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo comercial carioca, pelo método de Ward.

Etapas	Junção dos grupos		Frequência	SPRSQ	RSQ
48	CF840009	CF880113	2	0,0019	0,998
47	CF860052	CF860061	2	0,0022	0,996
46	CF810371	CF840072	2	0,0026	0,993
45	CF830124	CF860066	2	0,0028	0,99
44	CF860039	CF871259	2	0,0028	0,988
43	CF840590	CF860038	2	0,0031	0,985
42	CL48	CF840287	3	0,0037	0,981
41	CF870067	CF870170	2	0,0038	0,977
40	CF830149	CF871179	2	0,004	0,973
39	CF871184	CF890019	2	0,0042	0,969
38	CF840451	CF870348	2	0,0043	0,964
37	CF810122	CF830076	2	0,0044	0,96
36	CL46	CF890014	3	0,0047	0,955
35	CF840101	CL47	3	0,0049	0,95
34	CF860048	CL41	3	0,0056	0,945
33	CL42	CF871263	4	0,0058	0,939
32	CF880072	CF890008	2	0,0061	0,933
31	CF830119	CF970008	2	0,0063	0,927
30	CL45	CF870074	3	0,0066	0,92
29	CL37	CF890017	3	0,0069	0,913
28	CL36	CL35	6	0,0075	0,906
27	CF840718	CF870015	2	0,0075	0,898
26	CL40	CF890193	3	0,0081	0,89
25	CF200077	CF240005	2	0,0084	0,882
24	CL43	CF860041	3	0,009	0,873
23	CF871260	CF880035	2	0,0096	0,863
22	CF890102	CF890180	2	0,0103	0,853
21	CL25	CL44	4	0,0103	0,842
20	CL38	CL39	4	0,0111	0,831
19	CL24	CF860027	4	0,0114	0,82
18	CL28	CF830084	7	0,0116	0,808
17	CL30	CF870083	4	0,012	0,796
16	CL31	CL33	6	0,0138	0,783
15	CL29	CL20	7	0,0167	0,766
14	CF200007	CL26	4	0,0194	0,747
13	CL21	CL18	11	0,0207	0,726
12	CF240008	CL32	3	0,0219	0,704
11	CL15	CL34	10	0,0244	0,68
10	CL16	CL17	10	0,0255	0,654
9	CF830128	CL22	3	0,0279	0,626
8	CL12	CL27	5	0,0384	0,588
7	CL10	CL19	14	0,0399	0,548
6	CL11	CL7	24	0,0488	0,499
5	CL14	CL13	15	0,0736	0,426
4	CL5	CL23	17	0,0868	0,339
3	CL6	CL9	27	0,0982	0,241
2	CL4	CL3	44	0,1116	0,129
1	CL2	CL8	49	0,129	0

Nas análises de variância univariadas, observou-se que houve efeito significativo de grupos, em nível de 1% de probabilidade, para a maioria das variáveis consideradas, com exceção LARGV, CDA, e FLOR (Tabela 8). Esse resultado mostra que a análise de agrupamento, uma técnica multivariada, foi capaz de discriminar os acessos em grupos de dissimilaridade.

Tabela 8 Resultados da análise de variância univariada, para as quatorze variáveis morfoagronômicas, comparando-se os seis grupos de similaridade formados a partir do 49 acessos de *Phaseolus vulgaris* L.

Variáveis ¹	Média	CV (%)	GL	SQ	Valor F	PR > F	Significância
COMPF	10,99	3,81	5	6,24	7,11	<,0001	**
LARGF	7,88	3,42	5	2,76	7,61	<,0001	**
COMPS	10,17	2,13	5	6,01	25,58	<,0001	**
LARGS	6,52	1,88	5	0,77	10,32	<,0001	**
ESPS	4,83	2,12	5	0,41	7,80	<,0001	**
CO/LAS	1,57	2,91	5	0,28	26,91	<,0001	**
ES/LAS	0,74	2,52	5	0,05	30,62	<,0001	**
P100S	22,85	3,61	5	63,94	18,73	<,0001	**
NVS	18,17	14,55	5	147,28	4,21	0,0034	**
COMPV	9,55	2,36	5	7,33	28,68	<,0001	**
LARGV	0,76	11,24	5	0,06	1,77	0,1401	NS
CDA	0,48	7,00	5	0,01	1,72	0,1496	NS
NLV	7,17	2,58	5	1,24	7,23	<,0001	**
FLOR	49,71	7,17	5	120,66	1,89	0,1153	NS

** Valores significativos ao nível de 1% de probabilidade; NS-valores não significativo a 5% de probabilidade.

¹ COMPF (comprimento foliar); LARGF (largura foliar); COMPS (comprimento da semente); LARGS (largura da semente); ESPS (espessura da semente); CO/LAS (comprimento /largura da semente=J); ES/LAS (espessura /largura da semente=H); P100S (peso cem sementes); NVS (número de vagens por planta); COMPV (comprimento da vagem); LARGV (largura da vagem); CDA (comprimento do dente apical); NLV (número de lóculos por vagem); FLOR (dias de floração).

As médias dos grupos formados, bem como o resultado do teste de Tukey, comparando estas médias entre si, para cada variável, em nível de 5% de probabilidade, são apresentados na Tabela 9.

Inicialmente, vale destacar que o Grupo 5 possui acessos com característica de FLOR mais curto, maior tamanho foliar, enquanto o Grupo 6 reúne acessos com elevado tamanho foliar, maior COMPS, P100S, COMPV e FLOR mais tardio. Esses dois grupos despertam atenção em apresentarem potenciais características morfoagronômicas de interesse para a produtividade em programas de melhoramento. Entretanto, o Grupo 1 indica possuir acessos com menor COMPS, LARGS, ESPS e P100S. Assim, esse grupo reúne acessos com sementes de menor tamanho. Nota-se ainda, que as médias dessas

características discriminam os Grupos 1 e 2 (Tabela 9). O Grupo 2, com onze acessos é o segundo maior grupo. Esse grupo discriminou-se do Grupo 3 apenas pelas médias de CO/LAS e ES/LAS, o que indica serem grupos muito próximos. Entretanto, o Grupo 4 possui acessos com maior número de NVS. Essa é também uma característica importante para a produtividade. Em síntese, considerando-se as características fenotípicas dos três grupos identificados como de maior potencial agrônomo, seria interessante, então, submeter os 32 acessos, que compõem os Grupos 4, 5, e 6, a avaliações agrônomicas em outras condições ambientais, pois, resultados no presente estudo são referentes às condições ambientais do Estado de Goiás. O presente trabalho, portanto, traz uma contribuição no sentido de reduzir o número de acessos a serem avaliados agrônomicamente, permitindo assim, ganhar eficiência e eficácia nessas avaliações, bem como estimular pesquisas adicionais com os demais acessos conservados no banco de germoplasma.

Vale destacar também que, com os resultados dessa caracterização, outros estudos podem ser realizados, utilizando-se outras ferramentas estatísticas e até mesmo técnicas de observação em nível de DNA (Ferreira, 2007) Assim, será possível garantir maior acurácia na identificação dos grupos de similaridade dos acessos.

Tabela 9. Médias¹ de catorze variáveis morfoagronômicas em seis grupos de similaridade, formados a partir de análise de agrupamento pelo método de Ward, aplicada aos 49 acessos de *Phaseolus vulgaris*.

Variável ²	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 4	Grupo 5	Grupo 6	Médias
COMPF	10,73 b c	10,58 b c	10,17 c	11,20 b a	11,75 a	11,00 b a c	10,99
LARGF	7,74 b c	7,59 b c	7,29 c	8,02 b a	8,31 a	7,92 b a	7,88
COMPS	9,58 c	10,22 b	10,22 b	10,08 b	9,98 c b	11,10 a	10,17
LARGS	6,31 c	6,57 b	6,35 c b	6,48 c b	6,92 a	6,55 c b	6,52
ESPS	4,57 c	4,86 b a	4,95 a	4,88 b a	4,72 b c	4,80 b a	4,83
CO/LAS	1,52 d c	1,55 c	1,82 a	1,55 c	1,44 d	1,70 b	1,57
ES/LAS	0,72 b	0,74 b	0,88 a	0,75 b	0,68 c	0,73 b	0,74
P100S	19,58 c	22,83 b	23,08 b	23,02 b	22,52 b	24,85 a	22,85
NVS	17,61 a	15,66 a	15,62 a	19,78 a	17,85 a	17,65 a	18,17
COMPV	9,13 c	9,43 c b	9,29 c b	9,63 b	8,62 d	10,40 a	9,55
LARGV	0,76 a	0,72 a	0,65 a	0,79 a	0,76 a	0,77 a	0,76
CDA	0,47 a	0,47 a	0,45 a	0,49 a	0,49 a	0,51 a	0,48
NLV	7,17 b a	7,10 b a c	6,84 b c	7,23 a	6,77 c	7,46 a	7,17
FLOR	50,93 b a	50,40 b a	53,50 a	48,95 b a	45,78 b	58,73 b a	49,71
N	4	11	3	24	3	5	

¹Médias seguidas de letras iguais, na mesma linha, não diferem significativamente pelo teste de Tukey, em nível de 5% de probabilidade.

² COMPF (comprimento foliar); LARGF (largura foliar); COMPS (comprimento da semente); LARGS (largura da semente); ESPS (espessura da semente); CO/LAS (comprimento /largura da semente=J); ES/LAS (espessura /largura da semente=H); P100S (peso cem sementes); NVS (número de vagens por planta); COMPV (comprimento da vagem); LARGV (largura da vagem); CDA (comprimento do dente apical); NLV (número de lóculos por vagem); FLOR (dias de floração).

4.2.5 Análise de variáveis canônicas

A análise canônica aplicada no presente estudo, referiu-se à observação da variabilidade entre acessos. No gráfico de dispersão (Figura 5), evidenciou-se uma considerável proximidade da maioria dos acessos de feijão do grupo Carioca coletado nas quatro regiões. Esta observação mostra a ocorrência de uma base genética comum, o que é indicativo de que este grupo, embora apresente variabilidade genética entre determinados acessos/indivíduos, como o observado no grupo de acessos mais afastado (CF890008, CF840718 e CF870015, coletado no Sudeste; CF890180, do Mato Grosso do Sul; e CF880072, do Nordeste), tende a possuir um ponto de convergência. Esta constatação está de acordo com o relato de Bulsani (2010), segundo quem o grupo Carioca teve origem no Instituto Agrônomo de Campinas, onde foi selecionado para a distribuição em 1969-1970.

Essa tendência da base genética estreita observada no grupo Carioca está também de acordo com Vieira (2000), citado por Bonett et al. (2006). O autor afirma que, devido ao processo de domesticação e à conseqüente diminuição da variabilidade genética, as cultivares de feijão plantadas no Brasil apresentam base genética estreita. Porém, dependendo do sistema de cultivo, esta base genética pode ser ampliada, em caso de cultivo com misturas de outras variedades, ou tende a ser estreitada em caso de cultivo de linhagem única num só campo de cultivo. Entretanto, todas essas variedades no campo do agricultor, em distintas regiões ecogeográficas, também estão sujeitas à evolução, quer por seleção natural, quanto artificial. Este ponto de vista é sustentado por Maxted et al. (2008), referindo-se que a diversidade ecogeográfica nas regiões estão correlacionadas aos padrões de diversidade genética das populações encontradas naquelas regiões. É precisamente esta diversidade que constitui motivo principal para as missões de coleta de germoplasma, evitando-se o desaparecimento de culturas locais por erosão genética. Assim, assume-se que a amostragem de populações obtidas em localidades distantes, e de diversos habitats fornecem representatividade da diversidade genética do táxon na respectiva região.

Na Tabela 10 estão apresentados a variância, proporção em relação variância total, e variância acumulada das quatro primeiras variáveis canônicas. Os autovalores atribuídos a cada variável canônica também estão descritos nessa Tabela. Segundo Cruz & Carneiro (2006), é desejável que a variância acumulada nas duas primeiras variáveis canônicas exceda 80%. No presente estudo, este limite não foi alcançado com as três

primeiras variáveis. Entretanto, foram observadas significâncias ($P < 0,01$) nas três primeiras variáveis canônicas (Tabela 10).

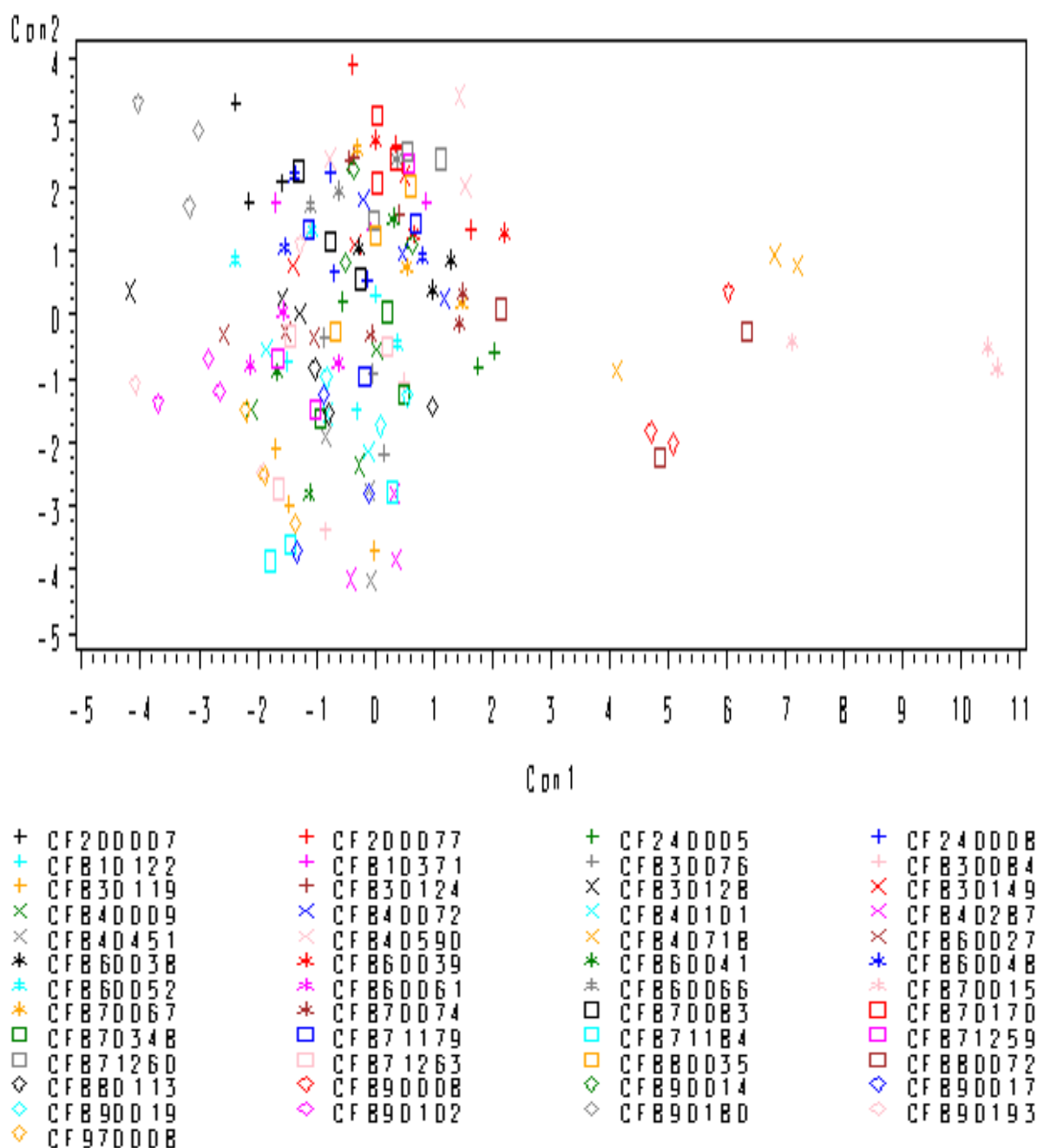


Figura 5. Dispersão gráfica dos 49 acessos de *Phaseolus vulgaris* L. em relação a primeira e segunda variável canônica, estabelecidos pela combinação linear de 15 características morfoagronômicas indicando diversidade entre acessos.

Verificou-se que a primeira, a segunda e a terceira variáveis, representaram 36%, 21% e 11% da variação total, respectivamente, totalizando 68% da variação total. As variáveis que inferiram na discriminação dos acessos foram observadas nas três primeiras variáveis canônicas, por apresentarem *p-valor* com diferença altamente significativa

Tabela 10. Variância das quatro primeiras variáveis canônicas e sua importância em relação à variância total e porcentagem acumulada, referente a catorze variáveis morfoagronômicas de *Phaseolus vulgaris* L

VC	autovalor	proporção	(%)acumulada	Pr > F
1	7,12	0,36	0,36	<,0001
2	4,22	0,21	0,57	<,0001
3	2,26	0,11	0,69	0,0047
4	1,51	0,08	0,76	0,3147

Os descritores considerados mais importantes que inferiram sobre a divergência dos acessos foram: dias de floração (FLOR), número de lóculos por vagem (NLV), e comprimento do dente apical (CDA) (Tabela 11). No entanto, os descritores (NLV) e (FLOR) são consideradas de produção e de ciclo de planta respectivamente. Geralmente, em estudos de divergência genética, os descritores de produção, e ciclo da planta, aparecem como discriminantes. Bonet et al. (2006), em estudos de divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, encontraram as variáveis do ciclo de planta e de produtividade como os que mais contribuíram para divergência genética. Também, Ceolin et al. (2007), nos estudos de divergência genética de 18 genótipos do grupo carioca, a variável FLOR, mostrou-se ser a primeira variável mais importante na discriminação dos acessos. Resultados semelhantes foram também encontrados por Machado et al.(2002). Vale referir que o peso de cem semente (P100S) tem sido mencionado como discriminante, em estudos de divergência genética. No entanto no presente estudo foi considerado variável descartada. Isto tende a mostrar que os descritores quantitativos são bastante influenciados pelo ambiente. Assim os resultados deste estudo são indicados às condições ambientais de Goiás.

No descarte das variáveis de menor importância para a divergência genética verificou-se, na maioria das variáveis canônicas o seu maior coeficiente de ponderação associado à variável já previamente descartada. Assim, optou-se por não fazer nenhum outro descarte com base nos coeficientes daquela variável canônica, mas prosseguir a identificação na outra variável de variância imediatamente superior Tabela 11. Assim, as

variáveis comprimento foliar (COMPF), largura foliar (LARGF), comprimento da semente (COMPS), largura da semente (LARGS), espessura da semente (ESP), comprimento sobre largura da semente (CO/LAS), espessura sobre largura da semente (ES/LAS), peso de cem sementes (P100S), número de vagens por planta (NVS), comprimento da vagem (COMPV), largura da vagem (LARGV), foram descartadas com base nas análises canônicas.

Tabela 11. Estimativas de autovetores expressando a importância relativa das catorze variáveis morfoagronômicas de *Phaseolus vulgaris* L, na análise canônica.

Variáveis	VC1	VC2	VC3	VC4	VC5	VC6	VC7
Comprimento foliar	-0,21	0,27	0,08	2,30	1,25	-0,93	-0,98
Largura foliar	0,24	-0,52	0,45	-2,01	-0,89	1,23	0,86
Comprimento da semente	1,68	-0,87	0,36	-0,18	2,51	-3,62	-5,48
Largura da semente	-1,11	0,64	1,25	0,15	-0,94	-0,02	-0,32
Espessura da semente	-0,21	0,05	-0,86	0,71	-2,82	3,83	5,00
Comprimento sobre largura da semente	0,77	0,95	0,24	-0,01	-4,18	5,81	8,10
Espessura sobre largura da semente	-1,00	-0,88	-0,08	0,01	3,84	-6,21	-8,69
Peso de cem sementes	0,32	0,21	-0,05	-0,04	0,62	-0,64	0,92
Número de vagens por planta	0,10	0,19	-0,09	0,05	0,76	-0,54	0,16
Comprimento da vagem	0,17	-0,40	-0,16	0,82	-0,52	0,23	-0,08
Largura da vagem	-0,02	-0,09	-0,03	0,10	0,43	0,51	-0,10
Comprimento do dente apical	-0,10	-0,11	-0,05	0,20	0,06	0,02	0,35
Número de lóculos por vagem	0,10	-0,25	0,08	-0,33	0,06	0,52	-0,20
Dias de floração	0,27	1,72	-0,43	0,05	-0,08	0,32	0,12
λ (VC)	7,12	4,22	2,26	1,51	1,32	0,93	0,47
Proporção	0,36	0,21	0,11	0,08	0,07	0,05	0,02
λ (Acumulada)	0,36	0,57	0,69	0,76	0,83	0,88	0,90
Variáveis	VC8	VC9	VC10	VC11	VC12	VC13	VC14
Comprimento foliar	-0,11	-0,17	-0,17	-0,29	-1,31	0,62	0,05
Largura foliar	0,22	-0,15	0,36	0,79	1,22	-0,65	-0,72
Comprimento da semente	3,03	-2,48	-3,10	1,45	3,36	-1,94	0,67
Largura da semente	-0,33	0,41	0,49	0,10	0,56	-0,24	-0,04
Espessura da semente	-3,44	0,29	2,46	-1,68	-3,85	3,08	-1,01
Comprimento sobre largura da semente	-5,56	2,77	5,06	-2,38	-5,82	3,91	-1,43
Espessura sobre largura da semente	5,29	-2,12	-3,92	2,70	6,17	-4,07	1,43
Peso de cem sementes	1,09	1,07	0,05	0,01	0,08	-0,23	0,51
Número de vagens por planta	-0,63	-0,02	0,01	-0,42	0,30	0,07	0,10
Comprimento da vagem	-0,12	0,18	-0,04	-0,20	0,25	-0,87	-0,25
Largura da vagem	0,43	-0,29	0,50	-0,40	-0,08	-0,05	0,22
Comprimento do dente apical	-0,32	-0,19	-0,03	0,59	0,03	-0,09	0,57
Número de lóculos por vagem	0,05	0,60	-0,06	0,17	0,24	0,76	0,12
Dias de floração	-0,04	-0,13	-0,06	0,12	0,06	0,04	-0,15
λ (VC)	0,43	0,35	0,33	0,28	0,24	0,18	0,15
Proporção	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01
λ (Acumulada)	0,92	0,94	0,96	0,97	0,98	0,99	1,00

Com base na distância de Mahalanobis, a maior dissimilaridade ocorreu entre os acessos CF 830128 e CF870015 (Apêndice B). Segundo Bahia et al. (2008), a certificação de variabilidade com base na divergência genética é uma estratégia bastante utilizada em programas de melhoramento. Assim a magnitude das dissimilaridades dos acessos podem ser utilizados para orientar a escolha de genitores e geração de populações segregantes promissoras em programas de hibridação. Além disso, o aparecimento da variabilidade dos acessos mostra a eficiência nas estratégias de coletas bem como no estudo da seleção inicial dos 49 acessos dentro da coleção base de feijões de grão Carioca (Oliveira et al., 2008).

5 CONCLUSÕES

- i) O estudo de caracterização morfoagronômico dos 49 acessos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) coletados nas diferentes regiões ecogeográficas de coleta, mostraram considerável grau de similaridade, resultado da base genética comum, no grupo de feijão Carioca.
- ii) No estudo da diversidade genética entre os acessos crioulos de *Phaseolus vulgaris* L. do tipo Carioca foram identificados os acessos CF890180 e CF870015 como os mais divergentes.
- iii) Os descritores dias de floração, número de lóculos por vagem e comprimento do dente apical foram consideradas como os mais discriminantes.
- iv) No estudo das correlações das variáveis quantitativas, a maioria delas mostraram baixa correlação, com exceção para as variáveis comprimento foliar e largura foliar; o peso cem sementes e comprimento da semente.

6 REFERÊNCIAS

ALCAZAR-JOSÉ, E. **Protecting crop genetic diversity for food security: political ethical and technical challenges**. Disponível em:

<<http://www.nature.com/reviews/genetics>>. Acesso em 15 Mar. 2005.

ALLEM, A. C. **Manejo de coleções-base: a coleção de sementes examinada**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2003. 22 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Documentos, 95).

ALMEIDA, L. D'A. de; LEITÃO FILHO, H. F.; MYASAKA, S. Características do feijão carioca, um novo cultivar. **Bragantia**, São Paulo, v. 30, t. 1, p. xxxiii-xxxviii, abr. 1971.

ALVES, R. M. **Caracterização genética de populações de cupuaçuazeiro, *Theobroma grandiflorum* (Wild. Ex. Spreng.) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos**. 2002. 156 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luíz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

ANDREWS, D. J.; HARDWICK, R. C. The effects of temperature and other variables on the contribution of lateral branches to yield in *Phaseolus vulgaris* L. **Annals of Botany**, London, v. 48, n. 1, p. 15-23, 1981.

BAHIA, H. F.; SILVA, S. A.; FERNANDEZ, L. G.; LEDO, C. A. da S.; MOREIRA, R. F. C. Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 43, n. 3, p. 357-362, 2008.

BALDONI, A. B.; TEIXEIRA, F. F.; SANTOS, J. B. dos. Controle genético de alguns caracteres relacionados à cor da semente de feijão no cruzamento Rosinha X Esal 693. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1427-1431, 2002.

BASSETT, M. J. List of genes - *Phaseolus vulgaris* L. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 39, p. 1-19, Mar. 1996.

BIOVERSITY INTERNATIONAL **In vitro storage and cryopreservation**. 2010.

Disponível em:

http://www.biodiversityinternational.org/fileadmin/biodiversity/publications/pdfs/1167_Manual_of_Seed_Handling_in_Genebanks.pdf. Acesso em: 20 mar. 2010.

BISHT, I. S.; BHAT, K. V.; LAKHANPAUL, S.; LATHA, M.; JAYAN, P. K.; BISWAS, B. K.; SINGH, A. K. Diversity and genetic resources of wild *Vigna* species in India. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 52, n. 1, p. 53-68, Feb. 2005.

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**, Londrina, v. 27, n. 4, p. 547-560, out./dez. 2006.

BRANDES, D.; MAESTRI, M.; VIEIRA, C.; GOMES, F. R. Efeitos da população de plantas e da época de plantio no crescimento do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). II. análise de crescimento. **Experientiae**, Viçosa, MG, v. 15, n. 1, p. 1-21, jan. 1973.

BRONDANI, R. P. V. **Cientistas pesquisam a genética do feijão para possibilitar a melhoria das plantações**. Disponível em:

<<http://www.canalciencia.ibict.br/pesquisa/0169-Melhoramento-genetico-do-feijao.html>>. Acesso em: 10 maio 2010.

BUENO, L. C. de S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. de. **Melhoramento genético de plantas**: princípios e procedimentos. 2. ed. Lavras: UFLA, 2006. 319 p.

BULISANI, E. A. **Feijão carioca**: uma história de sucesso. 2008. Disponível em:

<http://www.infobibos.com/Artigos/2008_4/FeijaoCarioca/index.htm>. Acesso em: 20 maio 2010.

BURLE, M. L. **Assessing the genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from Brazil**: from genetic structure to landscape distribution. 2008. 342 f. Tese (Doutorado) - University of California Davis.

BURLE, M. L.; RESENDE, C. **Caracterização ecogeográfica de germoplasma de arroz**. Disponível em:

<<http://www.fazendeiro.com.br/Cietec/artigos/ArtigosTexto.asp?Codigo=170>>. Acesso em: 10 maio 2010.

CARDOSO, A. A.; VIEIRA C. Comportamento de misturas de variedades de feijão (*Phaseolus vulgaris* L). **Fitotecnia Latinoamericana**, San Jose, v. 8, n. 1, p. 77-84, 1972.

CASTINEIRAS, L. Análisis de descriptores del frijol común (*Phaseolus vulgaris*) mediante métodos multivariados. **Ciências de la Agricultura**, La Havana, n. 39, p. 54-59, 1990.

CASTINEIRAS, L.; ESQUIVEL, M.; LIOI, L.; HAMMER, K. Origin, diversity and utilization of the Cuban germplasm of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, Wageningen, v. 57, n. 1, p. 1-8, Aug. 1991.

CASTOLDI, F. L. **Análise das inter-relações entre rendimento e diversas características agronômicas do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1991. 73 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

CEOLIN, A. C. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V. ; GONELA A.; SCAPIM, C. A. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, Lund, v. 144, n. 1, p. 1-9, Mar. 2007.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; COLOMBO, C. A.; DIAS, L. A. dos S.; ITO, M. F. Genetic diversity of common bean accessions in the germplasm bank of the

Instituto Agronômico – IAC. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 5, n. 1, p. 1-9, Mar. 2005.

CORDEIRO, A.; MARCATTO, C. Milho: a volta da variedades crioulas. In: GAIFANI, D.; CORDEIRO, A. (Org.). **Cultivando a diversidade: recursos genéticos e segurança alimentar**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1994. p. 139-162.

COSTA, J. G. C. da; RAVA, C. A. Reação de acessos de feijoeiro comum à antracnose, mancha angular e crestamento bacteriano comum. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 29, p. 63, ago. 2004. Suplemento, ref. 116, Edição dos Resumos do XXXVII Congresso Brasileiro de Fitopatologia, Gramado, ago. 2004.

COSTA, J. G. C. da; RAVA, C. A.; FONSECA, J. R.; SALGADO, A. L. Fontes de resistência à antracnose em coletas de feijoeiro-comum. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 50, n. 288, p. 273-277, mar./abr. 2003.

COSTA, J. G. C. da; VIEIRA, N. R. de A. Qualidade, classificação comercial e manejo pós-colheita. In: YOKOYAMA, L. P.; STONE, L. F. (Ed.). **Cultura do feijoeiro no Brasil: características da produção**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. p. 51-64.

COUTO, M. A.; SANTOS, J. B.; FERREIRA, J. L. **Melhoramento do feijão comum com tipo de grão carioca visando resistência à antracnose e à mancha angular**. Disponível em : <http://www.cnfap.embrapa.br/conafe/pdf/conafe> 2005.

CRONQUIST, A. **Devolution and classification of flowering plants**. New York: New York Botanical Garden, 1988. 555 p.

CROSSA, J.; FRANCO, J. Statistical methods for classifying genotypes. **Euphytica**, Wageningen, v. 137, n. 1, p. 19-37, 2004.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luíz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba. Piracicaba.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2006. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2004. v. 1, 480 p.

DEBOUCK, D. Systematics and morphology. In: SCHOONHOVEN, A. Van; VOYSEST, O. (Ed.). **Common beans: research for crop improvement**. Cali: CIAT, 1991. p. 55-118.

DEBOUCK, D. G. Diversity in *Phaseolus* species in relation to the common bean. In: SINGH, S. P. (Ed.). **Common bean improvement in the twenty-first century**. Dordrecht: Kluwer, 1999. p. 25-52.

DINIZ, A. C. **Angola: o meio físico e potencialidades agrárias**. 2. ed. Lisboa: Instituto da Cooperação Portuguesa, 1998. 104 p.

DURÁN, L. A.; BLAIR, M. W.; GIRALDO, M. C.; MACCHIAVELLI, R.; PROPHETE, E.; NIN, J. C.; BEAVER, J. S. Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the Caribbean. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 4, p. 1320-1328, Jul./Aug. 2005.

ENGELS, S.; VISSER, B. Genebank management procedures. In: ENGELS, J.; VISSER, B. (Ed.) **A guide to effective management of germplasm collection**. Rome: IPGRI, 2003. p. 60-79. (IPGRI Handbook for Genebanks, 6).

ESQUINAS-ALCAZAR, J. Protecting crop genetic diversity for food security: political ethical and technical challenges. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 6, n. 12, p. 946-953, Dec. 2005.

FAO. **Genebank standard**. Rome: FAO: IPGRI, 1994. 13 p.

FERREIRA, M. E.; MORETZSOHN, M. de C.; BUSO, G. S. C. Fundamentos de caracterização molecular de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 377-420.

FONSECA, J. R.; SILVA, H. T. da. Emprego da análise multivariada na caracterização de acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, DF, v. 19, n. 2, p. 335-341, 1997.

FONSECA, J. R.; VIEIRA, E. H. N.; COSTA, J. G. C. da; RAVA, C. A. Algumas características dos feijões produzidos na região do Alto São Francisco de Minas Gerais. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 50, n. 292, p. 787-795, nov./dez. 2003.

FOSCHIANI, A.; MICELI, F.; VISCHI, M. Assessing diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions at phenotype and molecular level: a preliminary approach. **Genetic Resources Crop Evolution**, Dordrecht, v. 56, n. 4, p. 445-453, Jun. 2009.

GEPTS, P.; DEBOUCK, D. Origin, domestication, and evolution of the common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Ed.). **Common beans: research for crop improvement**. Cali: CIAT, 1991. p. 7-53.

GLOBAL CROP DIVERSITY.TRUST. **A Foundation for food security** 2006 Disponível em:<http://www.croptrust.org/main/priority.php?itemid=34>

GLOBAL SEED VAULT. **Description of the facility**. 2008. Disponível em : <<http://www.seedvault.no>> acesso em: 15 Abril 2008.

GLOBO RURAL- **Feijão carioca** 2007. Disponível em :<<http://www.globorural.com/GRural>> acesso em 2 Agosto 2010.

GONÇALVES, M. C. **Correlações genóticas, fenotípicas e de ambiente em feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1979. 42 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SILVÉRIO, L.; ELIAS, H. T.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; RETUCI, V. S.; SILVA, C. R. da. Combining ability and heterosis in common bean cultivars. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 43, n. 9, p. 1143-1150, set. 2008.

GOODMAN, M. Genetic and germplasm stocks worth conserving. **Journal of Heredity**, Washington, v. 81, n. 1, p. 11-16, 1990.

HAILU, F.; MERKER, A.; HARGIT-SINGH; BELAY, G.; JOHANSSON, E. Multivariate analyses of diversity of tetraploid wheat germplasm from Ethiopia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 53, n. 6, p. 1089-1098, Sept. 2006.

HAJJAR, R. Wild relatives for better crop performance. In : International Plant Genetic Resources Institute. **Geneflow**. Rome, 2005. p. 28. Disponível em: <http://www.bioversityinternational.org/fileadmin/bioversity/publications/pdfs/1069_Geneflow2005.pdf?cache=1343158001>. Acesso em: 20 maio 2010.

HAMILTON, N. R. S.; ENGELS, J. M. M.; HINTUM, Th. J. L. van; KOO, B.; SMALE, M. **Accession management: combining or splitting accessions as a tool to improve germplasm management efficiency**. Rome: IPGRI, 2002. 66 p. (IPGRI. Technical Bulletin, 5).

HANSON, J. **Procedures for handling seeds in genebanks**. Rome: IBPGR, 1985. 115 p. (IBPGR. Practical Manuals for Genebanks, 1).

HAWKES, J. G. **The diversity of crop plants**. Cambridge: Harvard University, 1983. 184 p.

HIDALGO, R. Ciat's world *Phaseolus* collection In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Ed.). **Common beans: research for crop improvement**. Cali: CIAT, 1991. p. 163-197.

HIDALGO, R. Variabilidad genética y caracterización de especies vegetales. In: FRANCO, T. L.,; HIDALGO, R. (Ed.). **Análisis estadísticos de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos**. Roma IPIGRI, 2003. p .2-26.

HOWES, C. Guidelines for developing lists. **Plant Genetic Resources Newsletters**, Rome, v. 45, p. 26-35, 1981.

IBGE. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/estatística/indicadores/agropecuária> acesso em: 20 mai. 2010

IDRIS, S.; SAAD, M. S. Characterization of plant genetic resources. In : SAAD, M. S.; RAO, V. R. (Ed.). **Establishment and management of field genebank: a training manual**. Rome: IPGRI, 2001. p. 81-86.

INTERNATIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE. **Descriptors for *Phaseolus vulgaris* L.** Rome, 1982. 32 p.

INTERNATIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE. **Descritores para *Phaseolus vulgaris* L.** Rome, 2001. 45 p.

INTERNATIONAL TREAT. **Farmers rights**. 2008. Disponível em: <<http://www.planttreaty.org/farmers.en.htm>>. Acesso em: 10 Abr. 2008.

IRASTORZA, M. H. **Aspectos teóricos e aplicados da descrição varietal do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1983. 146 f. Dissertação (Mestrado em Tecnologia de Sementes) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

JONHSON, R. A.; WICHERN, D W. **Applied multivariate statistical analysis**. 3. ed. Englewood Cliffs: Prentice-Hall, 1992. 642 p.

KARIA, C .T. **Caracterização genética e morfológica de germoplasma de *Stylosanthes guianensis* (Aubl.) SW**. 2008. 138 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

KENDALL, M. **Multivariate analysis**. London: Charles Griffin, 1980. 209 p.

LANA, A. M. Q. **Avaliação de linhagens de feijão obtidos pelo método de melhoramento Single Seed Descendent (SSD) nos sistemas de plantio em monocultivo e consórcio com o milho**. 1996. 125 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

LOARCE, Y.; GALLEGO, R.; FERRER, E. A comparative analysis of genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 88, n. 2, p. 107-115, 1996.

LOBATO, E. J. V.; SILVA, S. C. da. Situação geográfica e caracterização edafoclimática do CNPAF. In: EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisas de Arroz e Feijão. **Relatório técnico de Centro Nacional de Pesquisas de Arroz e Feijão: 1990/1992**. Goiânia, 1994. p. 9-12. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 51).

MACHADO, A. T. **Manejo da agrobiodiversidade, direito dos agricultores e propriedade intelectual**. Disponível em: <http://www.encontroagroecologia.org.br/files/Manejo_Agrobiodiversidade.rtf>. Acesso em: 6 maio 2010.

MACHADO, C. de F.; NUNES, G. H. de S.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. dos. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 251-258, abr. 2002.

- Mc CLEAN, P. E.; LEE, R. K.; OTTO, C.; GEPTS, P.; BASSET, M. J. Molecular and phenotypic mapping of genes controlling seed coat pattern and color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **The Journal of Heredity**, Washington, v. 93, n. 2, p. 148-152, Mar./Apr. 2002.
- MANYASA, E. O.; SILIM, S. N.; GITHIRI, S. M.; CHRISTIANSEN, J. L. Diversity in Tanzanian pigeonpea (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.) landraces and their response to environments. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 55, n. 3, p. 379-387, May 2008.
- MARIM, B. G.; SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S.; MIRANDA, G. V.; MATTEDI, A. P.; CALIMAN, F. R. B. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, n. 10, p.1283-1290, set. 2009.
- MAXTED, N.; DULLOO, E.; FORD-LLOYED, B. V.; IRIONDO, J. M.; JARVIS, A. Gap analysis: a tool for complementary genetic conservation assessment. **Diversity and Distributions**, Oxford, v. 14, n. 6, p. 1018-1030, Nov. 2008.
- MELCHIOR, H. **A Engler's syllabus der pflanzenfamilien**. 12. ed. Berlin: Gebrüder Bornträger, 1964. 666 p.
- MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. *Psychometrika*, Williamsburg, v. 50, n. 2, p. 159-179, 1985.
- MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: UFMG, 2007. 295 p.
- MOH,C. C.; ALAN, J. J. Correlation between seed coat color and seedling characters in *Phaseolus vulgaris* L. **Turrialba**, San José, v. 21, n. 2, p. 173-175, 1971.
- MOREIRA, J. de A. N.; SANTOS, J. W. dos; OLIVEIRA, S. R. de M. **Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma**. Campina Grande: EMBRAPA-CNPA; Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1994. 115 p.
- MORTON, F. **Qual o feijão mais popular no Brasil?- Superinteressante**. 2004. Disponível em: <http://super.abril.com.br/alimentação/qual-feijão-mais-popular-brasil-444705.shtml>. Acesso em 8 set. 2009.
- MWILA, G. P.; MULIOKELA, S. W. Plant genetic resources. In: MULIOKELA, S. W. (Ed.). **Zambia seed technology handbook**. Lusaka: Ministry of Agriculture, Food and Fisheries, 1995. p. 35-40.
- NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento-plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 29-55.

NETTO, D. A. M.; SOUZA, I. R. P. de; OLIVEIRA, A. C. de; PINTO, C. A. B. P.; ANDRADE, R. V. de. Avaliação agronômica e molecular de acessos da coleção núcleo de milho, subgrupo endosperma duro. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 1, p. 92-107, jan./abr. 2004.

NORDIC GENE BANK . **Study to assess the feasibility of establishing a Svalbard arctic seed depository for the international community**. Alnarp, 2004. 21 p.

OLIVEIRA, J. P. de; DEL PELOSO, M. J.; MORAIS, O. P. de; MELO, L. C.; SILVA, H. T. da; FONSECA, J. R.; SILVA, S. C. da. Parecença entre acessos tradicionais de feijão carioca utilizando o método de Ward. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 9., 2008, Campinas. **Ciência e tecnologia na cadeia produtiva do feijão**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008. 1 CD-ROM. (IAC. Documentos, 85).

PAINTING, K. A.; PERRY, M. C.; DENNING, R. A.; AYAD, W. G. **Guidebook for genetic resources documentation: a self-teaching approach to the understanding, analysis and development of genetic resources documentation**. Rome: IPGRI, 1995. 317 p.

PETERNELLI, L. A.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; VIEIRA, C.; FURTADO, M. R. Herdabilidades e correlações do rendimento do feijão e seus componentes primários no monocultivo e no consórcio com o milho. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 41, n. 235, p. 306-316, maio/jun. 1994.

PETTERS, J. P.; WILLIAMS, J. T. Towards better use of genebanks with special reference to information. **Plant Genetic Resources Newsletter**, Rome, n. 60, p. 22-32, 1984.

PISTORIUS, R. **Scientists, plants and politics: a history of the plant genetic resources movement**. Rome: IPGRI, 1997. 134 p.

PORTES, T. de A. Ecofisiologia. In: ARAUJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. de O. (Coord). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. P. 101- 137.

PUERTA ROMERO, J.; SÁNCHEZ-MONG Y PARELLADA, E. **Variedades de judías cultivadas en España: nueva clasificación de la especie "Phaseolus vulgaris" (L. Ex p.) Savi**. Madrid: Ministerio de Agricultura, 1961. 798 p. (Monografías, 11).

QUEIROGA, J. L.; ROMANO, E. D. U.; SOUZA, J. R. P.; MIGLIORANZA, E. Estimativa da área foliar do feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) por meio da largura máxima do folíolo central. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 21, n. 1, p. 64-68, mar. 2003.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão**. 2. ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2008.p. 415-436.

RAO, N. K.; HANSON, J.; DULLOO, M. E.; GHOSH, K.; NOWELL, D.; LARINDE, M. **Manual of seed handling in genebanks**. Rome: IPGRI, 2006. 147 p. (IPGRI. Handbooks for genebanks, 8).

RAVA, C. A.; COSTA, J. G. C. da; FONSECA, J. R.; SALGADO, A. L. Fontes de resistência à antracnose, crestamento-bacteriano-comum e murcha-de-curtobacterium em coletas de feijoeiro-comum. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 50, n. 292, p. 797-802, nov./dez. 2003.

RAVA, C. A.; COSTA, J. G. C. da; FONSECA, J. R.; SALGADO, A. L. New sources of resistance to bacterial wilt identified in dry bean germplasm collection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 4, n. 1, p. 111-114, Mar. 2004.

RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 9, p. 1275-1284, set. 2002.

SARLE, W. S. **Cubic clustering criterion**: SAS technical report A-108. Cary: SAS Institute, 1983. 56 p.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT Software: changes and enhancements through release 9.1**. Cary, NC: SAS Institute Inc. 2002.

SILVA, H. T. da. **Análise da divergência genética do germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) melhorado e tradicional (Crioulo) cultivado no Brasil, e das formas silvestres de origem centro e sul americana**. 1999. 111 f. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas) - Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Botucatu.

SILVA, H. T. da. **Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 31 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 184).

SILVA, C. A.; ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P. Associação entre arquitetura de planta e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro de porte ereto e prostrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, n. 12, p.1647-1652, dez. 2009.

SOARES, E. G. da S.; SILVA, S. C. da; SILVA, H. T. da; LOPES JUNIOR, S. Banco de dados da coleta de germoplasma de feijão no Brasil para a realização de um SIG. In: **SIMPÓSIO BRASILEIRO DE SENSORIAMENTO REMOTO**, 13., 2007, Florianópolis. **Anais...** São José dos Campos: INPE, 2007. p. 431-433.

SVALBARD GLOBAL SEED VAULT. **Data Portal**. Disponível em <<http://www.nordgen.org/sgsv>> acesso em 9 mai. 2010.

TORGA, P. P.; SANTOS, J. B. dos; PEREIRA, H. S.; FERREIRA, D. F.; LEITE, M. E. Seleção de famílias de feijoeiro baseada na produtividade, no tipo de grãos e informações de QTLs. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 1, p. 95-100, jan./fev. 2010.

TORO, O.; TOHME, J.; DEBOUCK, D. G. **Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.):** description and distribution. Cali: IBPGR: CIAT, 1990. 106 p. (CIAT. Publication, 181).

VALLS, J. F. M. Caracterização de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L.(Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 281-342.

VALLS, J. F. M. Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica de germoplasma vegetal. In: ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENÉTICOS,1., 1988, Jaboticabal. **Anais...**Jaboticabal: UNESP,1988. p.106-128.

VANDERBORGHT, T. A centralized database for the common bean and its use in diversity analysis. In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetic resources of *Phaseolus* beans**. Dordrecht: Kluwer, 1988. p. 51-65.

VIEIRA, C. Resistência horizontal às doenças e diversidade genética no melhoramento do feijoeiro no Brasil. Revista Ceres, Viçosa, MG, v. 19, n. 104, p. 261-279, jul./ago. 1972.

VILHORDO, B. W. **Caracterização botânica de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) pertencentes aos oito grupos comerciais**. 1978. 227 f. Dissertação (Mestrado em Botânica) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

VILHORDO, B. W.; MULLER, L. **Correlação entre caracterização botânica e classificação comercial em cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Porto Alegre: IPAGRO, 1981. 62 p.

VILHORDO, B. W.; MIKUSINSKI, O. M. F.; BURIN, M. E.; GANDOLFI, V. H. Morfologia. In: ARAUJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. de O. (Coord). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 71-97.

VILHORDO, B. W.; MULLER, L.; EWALD, L. F.; LEÃO, M. L. Hábito de crescimento em feijão *Phaseolus vulgaris* L. **Agronomia Sulriograndense**, Porto Alegre, v. 16, n. 1, p. 79-98, 1980.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, Washington, v. 58, n. 301, p. 236, 1963.

WILCHES, O. M. Evaluacion de treinta y cuatro variedades de mani mediante tecnicas multivariadas. **Revista ICA**, Bogotá, v. 18, n. 1, p. 67-76, 1983.

APÊNDICE

Apêndice A. Estatísticas descritivas, informando os valores máximo, mínimo, médio, desvio padrão para cada acesso de *Phaesolus vulgaris* L. do tipo grupo Carioca.

Acessos	Parametros	COMPF	LARGF	DIAE	COMPS	LARGS	ESPS	CO/LAS	ES/LAS	P100S	NVS	COMPV	LARGV	CDA	NLV	FLOR
CF 200007	Média	10,88	7,88	7,00	9,53	6,51	4,53	1,47	0,70	18,94	20,97	9,23	0,94	0,47	7,44	54,00
	Desvio Padrão	1,73	0,88	0,00	0,61	0,36	0,44	0,09	0,08	2,91	8,40	0,63	1,41	0,14	0,69	1,43
	Valor Máximo	14,90	10,20	7,00	10,37	7,29	5,45	1,69	0,84	24,80	45,00	10,90	9,10	0,80	8,00	56,00
	Valor Mínimo	7,00	6,30	7,00	8,05	6,00	3,70	1,18	0,55	10,50	12,00	7,50	0,50	0,30	6,00	53,00
CF 200077	Média	10,23	7,26	7,00	10,27	6,57	4,70	1,57	0,72	21,59	15,83	9,10	0,71	0,51	6,94	54,03
	Desvio Padrão	1,48	0,99	0,00	0,88	0,54	0,53	0,10	0,08	4,98	7,90	1,72	0,13	0,15	1,03	1,84
	Valor Máximo	13,80	9,40	7,00	12,16	7,62	5,45	1,79	0,84	30,63	56,00	11,00	1,00	0,90	10,00	56,00
	Valor Mínimo	7,00	5,20	7,00	8,64	5,33	2,79	1,34	0,50	10,00	7,00	0,90	0,40	0,30	4,00	47,00
CF 240005	Média	10,78	7,77	7,00	10,50	6,66	4,70	1,59	0,71	23,43	18,61	9,24	0,76	0,51	6,83	46,33
	Desvio Padrão	1,33	0,92	0,00	0,69	0,56	0,39	0,17	0,08	2,87	8,32	0,64	0,13	0,14	0,91	0,48
	Valor Máximo	13,60	9,40	7,00	11,94	7,70	5,26	2,42	0,96	28,40	40,00	10,50	1,00	0,80	9,00	47,00
	Valor Mínimo	7,50	5,60	7,00	9,06	4,78	3,44	1,36	0,57	16,40	6,00	7,90	0,50	0,30	5,00	46,00
CF 240008	Média	11,74	8,29	7,00	10,34	6,91	4,95	1,50	0,72	25,11	16,69	10,46	0,81	0,52	7,61	53,00
	Desvio Padrão	1,60	1,09	0,00	1,00	0,57	0,50	0,11	0,06	5,05	8,51	0,95	0,15	0,13	0,84	2,48
	Valor Máximo	14,80	10,50	7,00	12,19	7,87	6,38	1,74	0,83	33,60	45,00	12,00	1,30	0,90	9,00	56,00
	Valor Mínimo	7,50	5,80	7,00	8,23	5,63	4,06	1,29	0,62	8,80	7,00	8,50	0,50	0,30	6,00	50,00
CF 810122	Média	11,15	7,88	7,00	9,88	6,40	4,75	1,54	0,74	21,52	19,58	9,72	0,73	0,49	7,33	48,27
	Desvio Padrão	1,89	1,16	0,00	0,82	0,44	0,59	0,11	0,07	5,19	7,43	1,93	0,13	0,13	0,89	1,62
	Valor Máximo	14,30	9,60	7,00	12,08	7,43	5,66	1,79	0,84	28,80	45,00	16,00	1,10	0,80	9,00	53,00
	Valor Mínimo	4,10	4,00	7,00	8,13	5,26	3,22	1,33	0,58	10,40	7,00	1,10	0,50	0,30	6,00	47,00
CF 810371	Média	10,33	7,37	7,00	10,11	6,53	4,84	1,55	0,74	22,60	13,25	9,55	0,69	0,46	7,00	53,00
	Desvio Padrão	1,06	0,71	0,00	0,65	0,41	0,38	0,08	0,05	4,31	8,49	0,74	0,12	0,16	0,79	0,00
	Valor Máximo	12,40	9,00	7,00	11,46	7,76	5,52	1,71	0,83	30,00	42,00	11,00	0,90	0,90	8,00	53,00
	Valor Mínimo	7,90	5,50	7,00	8,79	5,80	3,67	1,37	0,61	12,14	3,00	8,00	0,50	0,30	6,00	53,00
CF 830076	Média	10,94	7,83	7,00	9,93	6,38	4,73	1,56	0,74	21,31	17,58	9,85	0,93	0,49	7,39	48,00
	Desvio Padrão	1,51	0,98	0,00	0,54	0,33	0,47	0,07	0,06	3,39	12,65	0,76	1,05	0,16	0,69	1,43
	Valor Máximo	13,50	9,70	7,00	11,62	7,21	5,58	1,78	0,84	26,40	64,00	11,30	7,00	0,90	9,00	50,00
	Valor Mínimo	7,50	5,80	7,00	9,04	5,59	3,83	1,38	0,63	14,40	6,00	8,00	0,50	0,20	6,00	47,00
CF 830084	Média	9,90	7,36	7,00	10,40	6,63	5,11	1,57	0,77	23,56	15,89	9,52	0,74	0,45	6,97	47,17
	Desvio Padrão	1,68	1,27	0,00	0,82	0,51	0,45	0,09	0,04	3,26	7,08	1,99	0,15	0,08	1,00	4,54
	Valor Máximo	14,10	10,40	7,00	12,86	7,53	5,89	1,75	0,84	32,80	36,00	19,10	1,10	0,70	9,00	53,00
	Valor Mínimo	6,50	5,40	7,00	8,38	5,08	3,81	1,35	0,65	18,00	5,00	6,50	0,50	0,30	4,00	42,00

Apêndice A. Continuação

Acessos	Parametros	COMPF	LARGF	DIAE	COMPS	LARGS	ESPS	CO/LAS	ES/LAS	P100S	NVS	COMPV	LARGV	CDA	NLV	FLOR
CF 830119	Média	10,98	8,02	7,00	9,88	6,27	4,96	1,58	0,79	22,63	15,72	9,53	0,75	0,48	7,00	44,67
	Desvio Padrão	1,60	1,26	0,00	0,55	0,47	0,33	0,12	0,06	3,01	10,18	0,71	0,13	0,11	0,76	1,91
	Valor Máximo	14,60	10,50	7,00	11,10	6,98	5,59	2,14	1,05	28,10	48,00	11,40	1,01	0,70	8,00	46,00
	Valor Mínimo	7,40	5,50	7,00	9,11	4,31	4,27	1,42	0,70	13,89	6,00	8,00	0,50	0,30	6,00	42,00
CF 830124	Média	10,89	7,77	7,00	10,19	6,55	5,01	1,56	0,77	24,84	18,03	9,64	0,75	0,48	7,00	55,00
	Desvio Padrão	1,09	0,69	0,00	0,57	0,35	0,37	0,07	0,05	2,09	7,31	0,78	0,11	0,11	0,68	1,43
	Valor Máximo	13,00	9,30	7,00	11,68	7,37	6,10	1,72	0,88	28,00	34,00	10,90	1,00	0,80	8,00	56,00
	Valor Mínimo	9,20	6,50	7,00	8,84	5,75	4,15	1,38	0,66	18,80	8,00	8,00	0,50	0,30	6,00	53,00
CF 830128	Média	12,19	8,63	7,00	10,04	6,86	4,73	1,47	0,69	22,37	20,22	8,90	0,77	0,60	6,97	46,67
	Desvio Padrão	1,09	0,91	0,00	0,51	0,48	0,47	0,09	0,06	3,54	10,23	0,67	0,16	0,88	0,94	0,48
	Valor Máximo	13,90	10,10	7,00	11,15	7,76	5,66	1,74	0,80	30,80	46,00	10,10	1,11	5,70	8,00	47,00
	Valor Mínimo	9,50	6,70	7,00	8,91	5,51	3,67	1,32	0,55	13,75	7,00	7,00	0,50	0,30	4,00	46,00
CF 830149	Média	10,85	7,59	7,00	9,60	6,21	4,51	1,55	0,73	19,52	15,14	9,40	0,71	0,50	7,22	52,75
	Desvio Padrão	1,36	0,96	0,00	0,79	0,47	0,50	0,07	0,05	4,40	7,01	1,62	0,11	0,11	0,83	2,62
	Valor Máximo	13,10	9,50	7,00	10,93	6,91	5,35	1,67	0,82	29,44	32,00	11,00	1,00	0,80	8,00	56,00
	Valor Mínimo	7,30	4,70	7,00	7,45	5,20	3,32	1,42	0,62	10,42	5,00	0,90	0,50	0,30	5,00	47,00
CF 840009	Média	10,74	7,68	7,00	10,13	6,53	4,96	1,56	0,76	22,86	20,25	9,86	0,69	0,48	7,14	46,67
	Desvio Padrão	1,42	0,93	0,00	0,58	0,53	0,46	0,11	0,06	5,49	11,55	0,69	0,11	0,14	0,99	0,48
	Valor Máximo	13,20	9,00	7,00	11,43	7,33	5,84	1,90	0,92	30,50	52,00	12,00	0,90	1,00	9,00	47,00
	Valor Mínimo	7,20	5,70	7,00	8,65	5,00	3,82	1,43	0,58	0,00	3,00	8,20	0,40	0,30	4,00	46,00
CF 840072	Média	10,58	7,55	7,00	10,40	6,61	4,91	1,57	0,74	23,72	12,77	9,44	0,73	0,47	7,23	52,14
	Desvio Padrão	1,46	1,06	0,00	0,73	0,43	0,51	0,08	0,07	3,91	6,23	0,79	0,18	0,10	0,87	3,79
	Valor Máximo	13,00	9,60	7,00	11,73	7,42	5,74	1,72	0,85	31,43	32,00	11,00	1,00	0,70	9,00	56,00
	Valor Mínimo	7,40	5,50	7,00	8,89	5,64	3,91	1,36	0,55	13,75	4,00	7,00	0,10	0,30	5,00	47,00
CF 840101	Média	10,43	7,58	7,00	10,01	6,46	4,93	1,55	0,76	23,17	14,31	9,42	0,66	0,44	7,31	46,67
	Desvio Padrão	0,98	0,65	0,00	0,56	0,31	0,32	0,08	0,04	2,87	8,89	0,93	0,09	0,10	0,79	0,48
	Valor Máximo	12,80	9,40	7,00	11,29	7,11	5,43	1,71	0,85	30,00	45,00	11,50	0,80	0,70	8,00	47,00
	Valor Mínimo	8,00	6,20	7,00	8,56	5,90	4,20	1,35	0,67	15,60	2,00	6,50	0,50	0,30	5,00	46,00
CF 840287	Média	10,82	7,85	7,00	10,23	6,47	4,88	1,58	0,75	23,44	19,89	9,77	0,69	0,52	7,39	42,00
	Desvio Padrão	1,53	0,79	0,00	0,50	0,40	0,37	0,10	0,05	3,05	12,24	0,87	0,12	0,14	0,77	0,00
	Valor Máximo	13,80	9,50	7,00	11,70	7,80	5,63	1,88	0,86	28,40	58,00	11,10	1,00	1,00	9,00	42,00
	Valor Mínimo	7,20	5,90	7,00	9,10	5,20	3,60	1,29	0,62	15,91	8,00	7,50	0,50	0,30	6,00	42,00
CF 840451	Média	11,46	8,20	7,00	10,20	6,51	4,87	1,57	0,75	22,51	19,58	9,66	0,81	0,48	7,22	43,33
	Desvio Padrão	1,69	1,09	0,00	0,56	0,40	0,44	0,09	0,05	2,71	11,54	1,79	0,13	0,11	0,93	1,91
	Valor Máximo	15,10	10,70	7,00	11,41	7,32	5,80	1,80	0,85	28,00	51,00	12,50	1,00	0,80	9,00	46,00
	Valor Mínimo	7,60	5,00	7,00	9,14	5,50	3,85	1,40	0,61	17,20	4,00	1,30	0,50	0,30	5,00	42,00

Apêndice A. Continuação

Acessos	Parametros	COMPF	LARGF	DIAE	COMPS	LARGS	ESPS	CO/LAS	ES/LAS	P100S	NVS	COMPV	LARGV	CDA	NLV	FLOR
CF 840590	Média	11,57	8,10	7,00	10,04	6,45	4,73	1,56	0,74	24,39	23,19	9,46	0,73	0,47	7,28	55,00
	Desvio Padrão	1,50	0,95	0,00	0,76	0,45	0,39	0,08	0,06	10,67	13,28	0,63	0,12	0,09	0,91	1,43
	Valor Máximo	15,30	10,40	7,00	11,94	7,40	5,40	1,77	0,83	82,50	71,00	10,50	1,00	0,70	10,00	56,00
	Valor Mínimo	7,90	5,50	7,00	8,60	5,40	3,48	1,42	0,56	8,89	3,00	8,00	0,50	0,30	6,00	53,00
CF 840718	Média	10,99	7,91	7,00	11,26	6,49	4,81	1,77	0,76	25,28	16,69	10,43	0,75	0,48	7,17	53,00
	Desvio Padrão	1,08	0,99	0,00	0,79	0,74	0,43	0,40	0,17	3,32	5,86	1,05	0,11	0,16	0,70	2,48
	Valor Máximo	13,00	9,90	7,00	12,65	7,38	5,80	4,02	1,68	30,40	32,00	12,50	1,00	1,00	8,00	56,00
	Valor Mínimo	8,40	6,00	7,00	9,51	2,76	3,75	1,50	0,60	14,00	6,00	8,50	0,50	0,30	6,00	50,00
CF 860027	Média	11,59	8,41	7,00	9,77	6,41	5,03	1,53	0,79	22,97	27,94	9,72	0,71	0,49	7,09	50,00
	Desvio Padrão	1,64	1,06	0,00	0,47	0,41	0,39	0,09	0,06	2,52	11,38	0,74	0,13	0,12	0,75	0,50
	Valor Máximo	14,20	10,20	7,00	11,16	7,11	6,10	1,76	0,94	28,00	50,00	12,00	1,01	0,80	9,00	53,00
	Valor Mínimo	8,20	6,10	7,00	9,00	5,83	4,10	1,35	0,58	18,20	10,00	8,50	0,50	0,30	6,00	50,00
CF 860038	Média	11,89	8,39	7,00	10,08	6,39	4,81	1,58	0,76	23,09	22,47	9,73	0,76	0,47	7,47	53,00
	Desvio Padrão	1,49	1,16	0,00	0,75	0,44	0,35	0,09	0,06	2,33	10,37	0,66	0,10	0,12	0,77	0,00
	Valor Máximo	14,50	10,50	7,00	11,94	7,37	5,80	1,76	0,87	28,00	58,00	11,50	1,10	0,80	9,00	53,00
	Valor Mínimo	8,70	5,80	7,00	8,96	5,71	4,32	1,40	0,63	18,40	9,00	8,00	0,50	0,30	6,00	53,00
CF 860039	Média	10,79	7,54	7,00	10,47	6,67	4,82	1,57	0,72	22,82	17,89	9,60	0,70	0,46	7,28	53,00
	Desvio Padrão	1,48	1,05	0,00	0,87	0,35	0,48	0,12	0,07	4,10	8,80	0,87	0,11	0,11	0,70	0,00
	Valor Máximo	13,70	9,40	7,00	13,46	7,37	5,72	1,96	0,86	29,60	36,00	11,30	1,00	0,70	9,00	53,00
	Valor Mínimo	8,00	5,20	7,00	8,64	5,84	3,35	1,31	0,51	11,20	3,00	6,00	0,50	0,30	5,00	53,00
CF 860041	Média	12,38	8,81	7,00	10,06	6,58	4,89	1,53	0,74	22,97	23,42	9,58	0,78	0,49	7,40	48,40
	Desvio Padrão	1,84	1,08	0,00	0,70	0,55	0,57	0,08	0,06	3,47	12,10	1,75	0,15	0,09	0,87	3,41
	Valor Máximo	19,20	11,30	7,00	11,62	7,40	5,71	1,80	0,84	28,40	62,00	12,10	1,00	0,70	10,00	53,00
	Valor Mínimo	9,50	6,80	7,00	8,29	4,60	3,16	1,36	0,49	12,50	7,00	0,80	0,50	0,30	6,00	46,00
CF 860048	Média	10,94	7,99	7,00	10,01	6,53	4,82	1,53	0,74	21,97	19,17	9,34	0,89	0,55	7,26	53,31
	Desvio Padrão	1,55	1,21	0,00	0,65	0,49	0,49	0,10	0,07	4,89	12,20	1,23	0,99	0,12	0,94	0,72
	Valor Máximo	13,60	10,30	7,00	11,37	8,60	5,70	1,72	0,86	28,40	56,00	11,00	6,60	0,80	8,00	54,00
	Valor Mínimo	7,20	5,80	7,00	8,83	5,59	3,67	1,18	0,56	10,31	3,00	4,00	0,50	0,30	4,00	50,00
CF 860052	Média	11,16	7,95	7,00	9,99	6,52	4,86	1,54	0,75	22,21	14,46	9,33	0,69	0,48	7,09	51,03
	Desvio Padrão	1,60	1,16	0,00	0,65	0,47	0,50	0,10	0,07	4,33	9,76	0,77	0,12	0,13	0,81	1,57
	Valor Máximo	14,70	10,10	7,00	11,31	7,80	5,70	1,75	0,86	30,80	44,00	10,50	1,00	0,80	8,00	53,00
	Valor Mínimo	7,50	5,70	7,00	8,38	5,59	3,56	1,32	0,56	12,86	4,00	7,50	0,50	0,30	5,00	47,00
CF 860061	Média	10,80	7,82	7,00	9,98	6,51	4,96	1,54	0,76	22,36	15,17	9,44	0,76	0,45	7,14	49,00
	Desvio Padrão	1,33	1,01	0,00	0,83	0,45	0,56	0,12	0,08	2,64	7,00	0,69	0,11	0,11	0,90	1,43
	Valor Máximo	13,70	9,50	7,00	12,04	8,09	5,95	1,75	0,88	30,00	42,00	11,00	1,00	0,70	9,00	50,00
	Valor Mínimo	8,00	6,00	7,00	8,00	5,84	3,23	1,14	0,51	16,80	7,00	7,50	0,50	0,20	5,00	47,00

Apêndice A. Continuação

Acessos	Parametros	COMPF	LARGF	DIAE	COMPS	LARGS	ESPS	CO/LAS	ES/LAS	P100S	NVS	COMPV	LARGV	CDA	NLV	FLOR
CF 860066	Média	10,81	7,78	7,00	10,19	6,62	4,97	1,54	0,75	23,88	20,97	9,69	0,71	0,52	6,89	54,00
	Desvio Padrão	1,59	0,98	0,00	0,76	0,38	0,49	0,07	0,05	3,79	10,35	0,80	0,15	0,13	0,98	1,43
	Valor Máximo	13,90	9,90	7,00	11,63	7,44	5,84	1,71	0,85	30,40	41,00	10,50	1,00	0,80	9,00	56,00
	Valor Mínimo	7,90	6,00	7,00	8,40	5,66	3,22	1,42	0,57	14,40	6,00	7,00	0,50	0,20	4,00	53,00
CF 870015	Média	10,52	7,97	7,00	11,73	6,31	4,70	1,86	0,74	25,64	21,28	9,78	0,73	0,47	7,14	51,00
	Desvio Padrão	1,30	1,10	0,00	0,79	0,33	0,32	0,10	0,05	2,78	12,76	0,90	0,11	0,11	0,64	1,43
	Valor Máximo	13,60	10,40	7,00	13,78	6,87	5,55	2,08	0,83	30,80	50,00	11,00	1,00	0,70	8,00	53,00
	Valor Mínimo	7,80	5,10	7,00	10,60	5,61	3,95	1,65	0,64	20,00	8,00	8,00	0,50	0,30	5,00	50,00
CF 870067	Média	11,19	7,95	7,00	10,13	6,43	4,78	1,58	0,75	23,12	18,53	9,33	1,03	0,50	7,28	53,00
	Desvio Padrão	1,51	1,07	0,00	0,89	0,47	0,53	0,16	0,08	3,87	11,01	1,36	1,71	0,14	0,88	0,00
	Valor Máximo	13,60	10,40	7,00	13,00	7,52	5,45	2,32	0,96	28,50	41,00	16,00	11,00	0,90	8,00	53,00
	Valor Mínimo	7,30	5,40	7,00	8,46	5,39	3,14	1,34	0,57	10,00	4,00	8,00	0,50	0,30	5,00	53,00
CF 870074	Média	11,61	8,20	7,00	10,36	6,51	4,88	1,59	0,75	23,82	19,50	9,93	0,75	0,51	6,94	50,33
	Desvio Padrão	1,15	0,75	0,00	0,68	0,38	0,51	0,07	0,06	4,42	10,15	0,85	0,15	0,10	0,92	1,91
	Valor Máximo	13,40	9,60	7,00	11,46	7,11	5,85	1,77	0,86	30,80	45,00	12,00	1,10	0,80	8,00	53,00
	Valor Mínimo	7,90	6,40	7,00	8,22	5,59	3,76	1,46	0,59	12,31	2,00	7,50	0,50	0,30	4,00	49,00
CF 870083	Média	10,76	7,75	7,00	10,08	6,61	4,93	1,53	0,75	23,65	25,54	9,55	0,89	0,47	7,23	51,97
	Desvio Padrão	1,75	1,36	0,00	0,55	0,53	0,46	0,09	0,07	3,17	12,71	0,72	1,06	0,11	0,87	1,43
	Valor Máximo	14,90	11,10	7,00	11,40	8,92	5,79	1,71	0,85	30,00	50,00	11,00	7,00	0,80	9,00	53,00
	Valor Mínimo	6,70	4,50	7,00	8,80	5,80	3,60	1,24	0,51	18,00	8,00	7,00	0,50	0,30	5,00	50,00
CF 870170	Média	11,50	8,01	7,00	10,27	6,67	4,79	1,54	0,72	23,11	15,81	9,41	0,97	0,50	7,14	55,00
	Desvio Padrão	1,38	0,98	0,00	0,57	0,39	0,44	0,07	0,06	4,07	7,92	0,78	1,33	0,11	0,80	1,43
	Valor Máximo	14,80	10,10	7,00	11,43	7,46	5,59	1,66	0,81	31,20	34,00	11,10	8,70	0,80	8,00	56,00
	Valor Mínimo	9,50	6,50	7,00	9,14	5,55	3,50	1,38	0,59	12,00	6,00	7,00	0,50	0,30	5,00	53,00
CF 870348	Média	11,45	8,28	7,00	10,22	6,60	4,79	1,55	0,73	23,01	17,61	9,50	0,95	0,48	7,36	47,67
	Desvio Padrão	1,58	1,03	0,00	0,75	0,42	0,46	0,08	0,06	2,62	8,33	1,68	1,05	0,15	0,76	1,72
	Valor Máximo	14,30	10,90	7,00	11,70	7,50	5,80	1,70	0,81	27,20	40,00	11,70	7,00	0,70	8,00	50,00
	Valor Mínimo	9,00	6,80	7,00	8,89	5,75	3,42	1,38	0,55	13,70	6,00	0,50	0,50	0,30	6,00	46,00
CF 871179	Média	10,56	7,45	7,00	9,85	6,31	4,61	1,56	0,73	20,09	17,17	9,11	0,64	0,46	7,11	50,00
	Desvio Padrão	1,26	0,95	0,00	0,82	0,55	0,57	0,09	0,06	5,05	11,69	1,15	0,17	0,16	1,14	2,48
	Valor Máximo	13,80	9,30	7,00	11,63	7,22	5,68	1,71	0,84	27,60	58,00	11,40	1,10	0,90	9,00	53,00
	Valor Mínimo	8,20	5,40	7,00	7,99	5,08	3,30	1,37	0,57	8,82	4,00	5,00	0,30	0,30	4,00	47,00
CF 871184	Média	11,49	8,24	7,00	9,96	6,36	4,88	1,57	0,77	22,26	18,83	9,47	0,79	0,56	7,39	43,33
	Desvio Padrão	1,18	1,19	0,00	0,72	0,31	0,42	0,10	0,06	2,89	7,97	1,59	0,14	0,13	0,69	1,91
	Valor Máximo	14,30	10,50	7,00	11,42	7,02	5,84	1,79	0,87	26,40	34,00	11,00	1,01	0,90	9,00	46,00
	Valor Mínimo	8,70	5,40	7,00	8,03	5,84	3,36	1,29	0,56	15,20	5,00	0,90	0,50	0,30	6,00	42,00

Apêndice A. Continuação

Acessos	Parametros	COMPF	LARGF	DIAE	COMPS	LARGS	ESPS	CO/LAS	ES/LAS	P100S	NVS	COMPV	LARGV	CDA	NLV	FLOR
CF 871259	Média	10,69	7,68	7,00	10,28	6,79	4,82	1,52	0,71	22,88	18,67	9,39	0,75	0,46	7,25	47,83
	Desvio Padrão	1,56	0,89	0,00	0,75	0,56	0,53	0,07	0,07	3,49	10,06	0,74	0,13	0,12	0,91	6,70
	Valor Máximo	13,50	9,50	7,00	11,65	7,78	5,84	1,67	0,83	30,91	44,00	10,50	1,10	0,80	8,00	56,00
	Valor Mínimo	7,60	5,80	7,00	8,64	5,73	3,81	1,39	0,58	16,40	5,00	7,00	0,50	0,30	4,00	40,00
CF 871260	Média	9,64	7,13	7,00	10,20	6,32	4,88	1,83	0,88	22,68	15,58	8,96	0,60	0,43	6,75	54,00
	Desvio Padrão	1,66	1,33	0,00	0,82	0,98	0,45	1,55	0,74	3,19	7,14	1,24	0,16	0,13	1,08	1,43
	Valor Máximo	12,90	10,60	7,00	11,94	6,97	5,62	10,86	5,21	28,40	37,00	10,30	0,90	0,70	8,00	56,00
	Valor Mínimo	6,70	5,10	7,00	8,43	1,01	3,64	1,44	0,63	14,76	6,00	5,00	0,30	0,20	4,00	53,00
CF 871263	Média	11,16	8,01	7,00	10,13	6,57	5,04	1,54	0,77	23,08	20,58	9,81	0,72	0,50	7,56	48,33
	Desvio Padrão	1,61	1,03	0,00	0,46	0,29	0,98	0,08	0,14	2,50	8,92	1,72	0,12	0,15	0,84	0,96
	Valor Máximo	13,70	10,00	7,00	11,00	7,17	10,34	1,80	1,55	27,60	48,00	11,00	1,00	0,80	9,00	49,00
	Valor Mínimo	5,20	4,10	7,00	8,89	6,03	4,06	1,39	0,64	16,50	8,00	0,50	0,50	0,30	6,00	47,00
CF 880035	Média	10,71	7,46	7,00	10,25	6,39	5,03	1,82	0,89	23,49	15,67	9,63	0,70	0,48	6,94	53,00
	Desvio Padrão	1,49	0,99	0,00	0,67	0,98	0,35	1,55	0,74	2,63	9,01	0,69	0,14	0,14	1,26	4,30
	Valor Máximo	14,00	9,60	7,00	11,25	7,15	5,62	10,86	5,21	28,40	36,00	10,80	1,00	0,80	9,00	56,00
	Valor Mínimo	7,60	5,60	7,00	8,92	1,01	4,33	1,46	0,63	16,40	6,00	7,00	0,50	0,30	1,00	47,00
CF 880072	Média	10,51	7,54	7,00	11,13	6,63	4,85	1,68	0,73	24,36	14,97	10,71	0,78	0,54	7,64	51,00
	Desvio Padrão	1,76	1,13	0,00	0,90	0,42	0,52	0,13	0,07	2,84	7,75	0,80	0,13	0,14	0,83	2,87
	Valor Máximo	14,50	9,60	7,00	12,94	7,69	6,68	1,96	0,94	31,60	45,00	12,50	1,00	1,00	9,00	53,00
	Valor Mínimo	7,30	5,30	7,00	9,65	5,83	4,06	1,43	0,59	20,00	6,00	9,00	0,50	0,30	6,00	47,00
CF 880113	Média	11,08	7,74	7,00	10,18	6,56	4,86	1,55	0,74	23,71	18,33	9,93	0,68	0,50	7,19	46,33
	Desvio Padrão	1,27	0,96	0,00	0,73	0,35	0,42	0,07	0,06	2,41	8,06	0,86	0,12	0,16	0,75	0,48
	Valor Máximo	13,70	9,40	7,00	12,41	7,35	5,59	1,74	0,86	28,00	45,00	11,60	1,01	0,80	8,00	47,00
	Valor Mínimo	8,70	4,30	7,00	8,80	5,83	3,39	1,37	0,55	14,76	10,00	8,50	0,50	0,05	6,00	46,00
CF 890008	Média	11,27	7,93	7,00	11,04	6,44	4,73	1,72	0,74	23,90	18,63	10,62	0,79	0,57	7,77	50,69
	Desvio Padrão	2,01	1,48	0,00	0,78	0,55	0,46	0,16	0,07	2,98	7,59	1,37	0,17	0,15	1,10	1,93
	Valor Máximo	13,80	10,30	7,00	12,95	7,62	5,90	2,25	0,96	30,00	36,00	12,50	1,20	1,00	10,00	56,00
	Valor Mínimo	7,50	4,50	7,00	9,84	4,97	3,35	1,50	0,58	16,97	7,00	7,10	0,50	0,30	5,00	49,00
CF 890014	Média	10,73	7,64	7,00	10,07	6,42	4,91	1,57	0,76	22,82	15,51	9,70	0,74	0,51	7,14	54,29
	Desvio Padrão	1,22	0,93	0,00	0,62	0,36	0,47	0,08	0,05	4,04	7,24	0,67	0,12	0,12	0,81	2,39
	Valor Máximo	13,30	9,20	7,00	11,68	6,93	5,90	1,79	0,88	27,60	36,00	11,20	1,10	0,80	9,00	56,00
	Valor Mínimo	8,10	5,40	7,00	8,89	5,50	3,30	1,44	0,57	11,20	6,00	8,50	0,50	0,30	6,00	42,00
CF 890017	Média	10,46	7,43	7,00	10,01	6,43	4,76	1,56	0,74	21,06	18,31	9,64	0,87	0,46	7,08	43,33
	Desvio Padrão	1,35	0,89	0,00	0,65	0,38	0,45	0,10	0,06	4,34	10,76	0,73	1,06	0,12	0,77	1,91
	Valor Máximo	14,50	10,30	7,00	11,80	7,33	5,60	1,90	0,90	28,13	53,00	11,70	7,00	0,70	9,00	46,00
	Valor Mínimo	8,00	6,30	7,00	8,89	5,59	3,76	1,28	0,61	6,00	8,00	8,50	0,40	0,20	5,00	42,00

Apêndice A.Continuação

Acessos	Parametros	COMPF	LARGF	DIAE	COMPS	LARGS	ESPS	CO/LAS	ES/LAS	P100S	NVS	COMPV	LARGV	CDA	NLV	FLOR
CF 890019	Média	11,04	8,20	7,00	10,09	6,38	4,96	1,58	0,78	22,92	17,06	9,75	0,78	0,53	7,31	49,33
	Desvio Padrão	1,70	1,21	0,00	0,52	0,40	0,37	0,08	0,05	2,80	8,04	1,23	0,13	0,10	0,75	0,48
	Valor Máximo	14,20	11,30	7,00	11,12	7,27	5,72	1,80	0,89	27,60	41,00	15,00	1,20	0,80	9,00	50,00
	Valor Mínimo	7,50	5,00	7,00	8,88	5,40	3,82	1,43	0,65	15,00	4,00	6,20	0,50	0,40	6,00	49,00
CF 890102	Média	11,29	8,08	7,00	9,85	6,82	4,65	1,45	0,68	21,74	14,47	8,76	0,77	0,44	6,75	42,00
	Desvio Padrão	1,47	1,04	0,00	0,65	0,50	0,51	0,09	0,05	4,20	6,72	0,69	0,18	0,13	0,81	0,00
	Valor Máximo	15,10	10,70	7,00	11,18	7,87	5,59	1,62	0,77	29,60	43,00	10,10	1,20	0,80	8,00	42,00
	Valor Mínimo	7,40	5,30	7,00	8,42	5,59	3,74	1,24	0,57	10,40	6,00	7,00	0,50	0,30	5,00	42,00
CF 890180	Média	11,77	8,24	7,00	10,06	7,09	4,80	1,42	0,68	23,46	18,86	8,22	0,74	0,44	6,61	48,67
	Desvio Padrão	1,42	0,90	0,00	0,54	0,34	0,36	0,08	0,05	3,07	10,56	0,80	0,16	0,12	0,73	1,26
	Valor Máximo	15,50	10,60	7,00	11,66	7,78	5,46	1,70	0,79	29,20	43,00	9,60	1,00	0,70	8,00	50,00
	Valor Mínimo	9,10	6,50	7,00	8,89	6,11	3,81	1,19	0,58	16,09	4,00	6,00	0,50	0,30	4,00	47,00
CF 890193	Média	10,64	8,05	7,00	9,37	6,24	4,63	1,51	0,74	19,79	17,19	8,80	0,76	0,48	6,92	47,00
	Desvio Padrão	1,53	1,12	0,00	0,60	0,51	0,55	0,13	0,08	3,61	7,19	2,17	0,14	0,11	0,77	4,61
	Valor Máximo	13,60	10,80	7,00	10,42	7,22	5,34	1,80	0,95	26,40	32,00	10,80	1,00	0,70	8,00	53,00
	Valor Mínimo	7,40	5,60	7,00	8,13	5,08	3,41	1,18	0,56	11,05	5,00	0,80	0,50	0,30	5,00	42,00
CF 970008	Média	11,01	8,12	7,00	9,90	6,48	5,08	1,53	0,79	24,43	16,97	9,48	0,64	0,44	7,25	44,67
	Desvio Padrão	1,59	0,93	0,00	0,53	0,39	0,39	0,09	0,05	2,23	7,39	0,63	0,15	0,13	0,84	1,91
	Valor Máximo	13,80	9,70	7,00	11,09	7,37	5,66	1,76	0,84	28,40	38,00	10,60	1,00	0,80	8,00	46,00
	Valor Mínimo	6,80	6,20	7,00	8,60	5,54	3,81	1,34	0,63	17,20	6,00	8,00	0,50	0,20	5,00	42,00

