



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE
FEIJOEIRO COMUM COLETADOS NO ESTADO
DE GOIÁS**

FLÁVIO PEREIRA DOS SANTOS

Orientador:
Prof. Lázaro José Chaves

**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR AS TESES E
DISSERTAÇÕES ELETRÔNICAS NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG**

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem resarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei nº 9610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

1. Identificação do material bibliográfico: Dissertação Tese

2. Identificação da Tese ou Dissertação

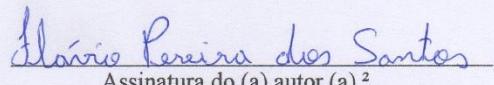
Nome completo do autor: Flávio Pereira dos Santos

Título do trabalho: DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE FEIJOEIRO
COMUM COLETADOS NO ESTADO DE GOIÁS

3. Informações de acesso ao documento:

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertação.


Assinatura do (a) autor (a)²

Data: 15 / 03 / 2017

FLÁVIO PEREIRA DOS SANTOS

¹ Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.

²A assinatura deve ser escaneada.

FLÁVIO PEREIRA DOS SANTOS

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE
FEIJOEIRO COMUM COLETADOS NO ESTADO DE GOIÁS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador:

Prof.^a Dr. Lázaro José Chaves

Co-orientador:

Dr. Jaison Pereira Oliveira

Goiânia, GO - Brasil

2017

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do
Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Santos, Flávio Pereira dos
DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE FEIJOEIRO COMUM
COLETADOS NO ESTADO DE GOIÁS [manuscrito] / Flávio Pereira
dos Santos. - 2017.
91 f.

Orientador: Prof. Dr. Lázaro José Chaves; co-orientador Dr.
Jaison Pereira de Oliveira .

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola
de Agronomia (EA), Programa de Pós-Graduação em Genética &
Melhoramentos de Plantas , Goiânia, 2017.

Bibliografia. Anexos.

Inclui fotografias, gráfico, tabelas, lista de figuras, lista de tabelas.

1. Phaseolus vulgaris L. . 2. Divergência genética. 3. Modelo de
Harrisson. I. Chaves, Dr. Lázaro José, orient. II. Título.

CDU 631/635



SERVÍCIO PÚBLICO FEDERAL
MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS**



ATA DA DEFESA PÚBLICA DA DISSERTAÇÃO DE FLÁVIO PEREIRA DOS SANTOS. Aos dezesseis dias do mês de Fevereiro do ano de dois mil e dezessete (16.02.2017), às 08h00min, no Auditório Centro de Excelência em Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar, na Escola de Agronomia, reuniram-se os componentes da Banca Examinadora, Dr. Lázaro José chaves – Presidente/Orientador; Drª. Patrícia Guimarães Santos Melo e Dr. Joaquim Geraldo Cápio da Costa. Sob a presidência do orientador, e em sessão pública, procedeu-se à avaliação da defesa de Dissertação intitulada: “Divergência genética em acessos de feijoeiro comum coletados no Estado de Goiás”, de autoria de **Flávio Pereira dos Santos**, discente do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, no nível de Mestrado, da Universidade Federal de Goiás. A sessão foi aberta pelo presidente da Banca Examinadora, Dr. Lázaro José Chaves, que fez a apresentação formal dos membros da Banca. A palavra, a seguir, foi concedida ao autor da Dissertação que, em 40 minutos, apresentou o seu trabalho. Terminada a apresentação, cada membro da Banca arguiu o mestrando, tendo-se adotado o sistema de diálogo sequencial. Ao final, a banca reunida em separado procedeu à avaliação da defesa. O título da dissertação foi alterado para

“

” De acordo com a Resolução nº 1053/2011, do CEPEC - Conselho de Ensino, Pesquisa, Extensão e Cultura, que regulamenta o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, e desde que procedidas às correções recomendadas, a Dissertação será considerada **APROVADA** pela Banca Examinadora, estando integralmente cumprido este requisito para fins de obtenção do título de MESTRE EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, pela Universidade Federal de Goiás. O mestrando deverá efetuar as modificações eventualmente sugeridas pela Banca Examinadora e encaminhar a versão definitiva da Dissertação à Secretaria do PGMP, no prazo máximo de trinta dias após a data da Defesa. A conclusão do Curso e a emissão do Diploma dar-se-ão após o cumprimento do Artigo 52 da Resolução CEPEC nº 1053/2011. A Banca Examinadora recomenda a publicação de artigo(s) científico(s), oriundo(s) dessa Dissertação, em periódicos de circulação nacional e, ou, internacional, depois de procedidas as modificações sugeridas. Cumpridas as formalidades de pauta, às **14h30**. A presidência da mesa encerrou esta sessão de defesa de Dissertação e, para constar eu, Jéssica Almeida, secretária PGMP, lavrei a presente Ata que depois de lida e aprovada, segue assinada pelos membros da Banca Examinadora, em duas vias de igual teor.

Dr. Lázaro José Chaves
Presidente/Orientador

Drª. Patrícia Guimarães Santos Melo
Membro interno

Dr. Joaquim Geraldo Cápio da Costa
Membro externo

DEDICATÓRIA

*A toda minha família, em especial meus pais, Joana e Paulo e meu tio João Darcio,
E a toda comunidade científica.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, primeiramente por proporcionar em minha vida grandes realizações.

À minha família, pela educação que me deram, incentivo aos meus estudos e por crer em mim, sempre. A minha querida Mãe pela paciência, compreensão, apoio, dedicação, amor incondicional e por fornecer todas as condições para que eu me dedicasse ao mestrado, e por acreditar em mim.

Ao meu orientador e amigo Dr. Lázaro José Chaves, por sua atenção, por seus conselhos e pelos seus valiosos ensinamentos. Agradeço também ao meu co-orientador, Jaison Pereira de Oliveira, pela amizade, conhecimento e ensinamento que me passou durante o mestrado e pelas sugestões neste trabalho.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGMP) da Universidade Federal de Goiás (UFG-Goiânia), pela oportunidade de estudo proporcionando mais um degrau de conhecimento em minha vida. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoa de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudo durante a realização do mestrado.

A todos os docentes pelo compartilhamento de conhecimento técnico teórico, sendo mediado da melhor forma possível, com muita competência e profissionalismo. Sem deixar de citar, e com toda gratidão: Aos professores Dr. Lázaro José Chaves, Dra. Patrícia Guimarães Santos Melo, Dr. João Batista Duarte, Dr. Sérgio Tadeu Sibov.

A Embrapa Arroz e Feijão, por disponibilizar a estrutura na condução dos ensaios e pela oportunidade de estágio, e ainda a todos os pesquisadores e funcionários do banco de germoplasma, pela amizade, confiança incentivo e aprendizado.

A todos meus amigos que, mesmo sem muito compreender o que acontecia comigo, me apoiaram neste período, e compreenderam a minha ausência em muitos momentos.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização desse trabalho, mesmo que não foram citados, meu muito obrigado.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	9
LISTA DE FIGURAS.....	10
RESUMO.....	11
ABSTRACT.....	12
1 INTRODUÇÃO.....	13
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	16
2.1 A CULTURA DO FEIJOEIRO COMUM.....	16
2.2 ORIGEM E EVOLUÇÃO.....	17
2.3 EROSÃO GENÉTICA.....	19
2.4 CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE BANCOS DE GERMOPLASMA.....	21
2.4.1 Aspectos gerais da caracterização de germoplasma.....	21
2.4.2 Caracterizações morfoagronômica.....	22
2.4.3 Divergências genética.....	23
2.4.3.1 Análises de agrupamento.....	25
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1 CARACTERIZAÇÕES DO MATERIAL GENÉTICO.....	29
3.2 EXPERIMENTO EM CASA DE VEGETAÇÃO.....	30
3.3 EXPERIMENTOS EM CAMPO.....	41
3.4 ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA.....	42
3.4.1 Coeficiente de similaridade pelo modelo de Harrison.....	42
3.4.2 Análises de agrupamento.....	45
3.4.3 Determinações do Número de Grupos.....	46
3.4.4 Coeficientes de Correlação Cofenética.....	46
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	47
4.1 ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA.....	47
4.1.1 Modelos de Harrison.....	47
4.1.2 Análise de agrupamento.....	53
4.1.2.1 Perfis dos agrupamentos formados.....	60
4.2 ANÁLISE DO EXPERIMENTO DE CAMPO.....	67
4.2.1 Resultados experimentais e interpretação biométrica.....	67
4.2.2 Rendimento de grãos.....	69
4.2.3 Ciclo de desenvolvimento.....	71
5 CONCLUSÃO.....	74
6 REFERÊNCIAS.....	75
ANEXO.....	85

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Forma de semente de acordo com o coeficiente (J).....	35
Tabela 2 Perfil da semente de acordo com o coeficiente (H).....	36
Tabela 3 Coeficiente F é razão entre comprimento e largura da folha.....	40
Tabela 4 Os 39 descritores morfológicos avaliados com seus respectivos níveis de variáveis fictícias (NVF) e Frequência de similaridade Wi (%) obtidos pelo algoritmo de Harrison.	47
Tabela 5 Métodos de agrupamento com os respectivos valores dos coeficientes de correlação cofenética (CCC) e p-valor pelo teste Mantel.....	53
Tabela 6 Números de acessos por agrupamento(NAG), frequência de acessos por agrupamento (%) e acessos por agrupamento formado. Obtidos pelo método de agrupamento de UPGMA com base no algoritmo de Harrison utilizando-se 39 descritores morfoagronômicos.....	57
Tabela 7 Análise de variância para o experimento em blocos aumentados de Federer, coeficiente de variação experimental (CV%) dos 156 acessos de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. para o caráter produção de grãos(PG), (em kg ha ⁻¹).....	67

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 Distribuição de Frequência de coleta dos acessos ao longo dos anos.....	29
Figura 2 Distribuição de Frequência de coleta dos acessos em 36 municípios do Estado de Goiás.....	30
Figura 3 Acessos com o maior coeficiente de similaridade 0,84 obtido pela matriz de similaridade de Harisson foi observada entre o par de acessos 86 x 103 (0,84).	50
Figura 4 Acessos com coeficiente de similaridade de 0,80, segundo a matriz de similaridade.	50
Figura 5 Acesso mais divergente apresentando o menor coeficiente de similaridade, variando de 0,11 a 0,52 de similaridade, segundo a matriz.....	51
Figura 6 Distâncias de similaridade máximas, mínimas e médias, por acesso obtidas da matriz de similaridade pelo modelo Harisson dos 156 acessos de feijoeiro comum.	52
Figura 7 Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 156 acessos crioulos de feijoeiro comum coletados no Estado de Goiás, obtido pelo método UPGMA com base na matriz de dissimilaridade obtida pelo modelo de Harrison, utilizando-se 39 descritores morfoagronômicos.....	55
Figura 8 Dados de produção em gramas por parcela dos 156 acessos e a média das quatro testemunhas (BRS Agreste, BRS Pitanga, BRS Esteio e BRS Notável).....	69
Figura 9 Acesso que apresentou a maior produção ($4832,52\text{Kg.ha}^{-1}$).	71
Figura 10 Ciclo: P- precoce (< 75 dias); SP-semi-precoce (75 -85 dias); N- normal (85-95 dias); T- tardio (> 95 dias).....	72

RESUMO

SANTOS F.P. DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE FEIJOEIRO COMUM COLETADOS NO ESTADO DE GOIÁS. 2017. 91 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura amplamente difundida no Brasil, que é o maior produtor e consumidor mundial. O conhecimento da diversidade genética entre as cultivares tradicionais é útil aos melhoristas, por permitir melhor organização dos recursos genéticos e maior aproveitamento da diversidade genética disponível. A análise de divergência genética pode se dar por métodos preditivos, quantificada por medidas de similaridade ou dissimilaridade estimadas com base em diferenças morfológicas. O objetivo deste trabalho foi identificar a existência de diversidade entre os acessos de feijoeiro comum coletados no Estado de Goiás, pertencentes ao Banco de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão, por meio de descritores morfológicos e informações agronômicas. O material experimental foi formado por 156 acesso de feijoeiro comum coletados no Estado de Goiás. Foram montados dois experimentos um e casa de vegetação (caracterização morfológica) e um em campo (avaliação de produção). No ensaio em casa de vegetação foram utilizados dois vasos com três sementes por acesso, sem delineamento experimental. O experimento em campo foi conduzido em delineamento experimental em blocos aumentados de Federer com 4 blocos, cada um contendo 43 parcelas (39 acessos + 4 testemunhas). Os acessos foram caracterizados com base em 39 descritores morfoagronômicos qualitativos e dez quantitativos. As variáveis quantitativas foram convertidas em variáveis multicategóricas. Tanto os 39 descritores morfoagronômicos qualitativos, quanto os dez quantitativos foram transformados em variáveis binárias resultando em 236 variáveis fictícias. Então foi obtida uma matriz de similaridade, utilizando o modelo de Harrison, que foi convertida em matriz de dissimilaridade; em seguida aplicou-se a análise de agrupamento pelo método UPGMA. Os acessos mais divergentes foram os 101 (Rosinha) x 145 (Pintado) e 120 (Dobra morro) x 152 (Doidão ou bonitão), que apresentaram o menor valor de similaridades 0,11. As maiores divergências foram observadas no acesso 152, com similaridades variando de 0,11 a 0,52. Não foram encontrados acessos redundantes. A maior similaridade foi de 0,84 entre o par de acessos 86 (Paraná) x 103 (Amarelinho). Pela análise de agrupamento os acessos foram agrupados em dezessete grupos, com coeficiente de correlação cofenética (CCC) de 0,75, significativo pelo teste de Mantel ($P < 0,001$). O número de acessos por grupo variou de 43 a um. Verificou-se a formação de quatro agrupamentos constituídos por apenas um acesso, que apresentaram os menores coeficientes de similaridade. Para produtividade não foi detectada diferença significativa entre acessos e nem entre estes e as testemunhas comerciais.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L, Divergência genética, Modelo de Harrison.

¹Orientador: Prof. Dr. Lázaro José Chaves EA-UFG

²Co-orientador: Dr. Jaison Pereira de Oliveira. Embrapa Arroz e Feijão.

ABSTRACT

SANTOS F.P. GENETIC DIVERGENCE IN COMMON BEAN GERMOPLASM FROM GOIÁS STATE (BRAZIL). 2017. 91 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is widely cultivated in Brazil, which is the first biggest producer and consumer in the world. The knowledge about the genetic divergence across landraces is very useful for breeders, once it allows them to organize the genetic resources and explore the genetic variability available. The genetic analysis can be done predicting similarities or dissimilarities coefficients that are estimated by morphological differences between accessions. The objective of this study was to identify the diversity across the accessions of common bean that were collected in Goiás State (Brazil), available in Embrapa Rice and Beans' germplasm bank, through morphological descriptors and agronomic information. The experimental material was composed by 156 common bean accessions. Two experiments were performed, one of them in a greenhouse (morphologic characterization) and the other one in the field (yield evaluation). The experiment in the greenhouse was conducted using two vases with three seeds each one per accession, without experimental design. The experiment conducted in the field was done under Federer's Augmented Blocks design, with four blocks of 43 plots (39 accessions + 4 checks). The accessions were characterized by 39 morpho-agronomic qualitative descriptors and ten quantitative descriptors. The quantitative variables were converted in mult categorial variables. The 39 morpho-agronomic qualitative and the ten quantitative descriptors were transformed in binary variables by creating 236 fictitious variables. Though, the similarity matrix was built, using the model proposed by Harrison, which was converted in a dissimilarity matrix. Then the cluster analysis was performed by UPGMA method. The accessions 101 (Rosinha) x 145 (Pintado)) and 120 (Dobra morro) x 152 (Doidão ou bonitão), were the most divergent, because they showed the lowest similarities value, 0,11. The biggest divergences were observed in accession 152, with the similarity coefficients between 0,11 and 0,52. No redundant accessions were found. The pair 86 (Paraná) x 103 (Amarelinho). showed the biggest similarity (0,84). The accessions were clustered in 17 groups, with cophenetic correlation coefficient equal to 0,75, that was significant by Mantel's test ($P < 0,001$). The number of accession per group varied from 43 to one. Four groups with only one accessions were formed, which showed the lowest similarities coefficients. No significance was observed for grain yield among the accessions, nor between the accession and the commercial checks.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L, Genetic divergence, Harrison Model.

¹Orientador: Prof. Dr. Lázaro José Chaves EA-UFG

²Co-orientador: Dr. Jaison Pereira de Oliveira. Embrapa Arroz e Feijão.

1 INTRODUÇÃO

O Brasil se destaca como maior produtor e consumidor mundial de feijão comum (*P. vulgaris* L.). Com um consumo *per capita* de 17,5 kg/habitante/ano, o feijão é considerado uma das principais fontes de proteína vegetal utilizadas na alimentação da população brasileira. Os estados do Paraná, Minas Gerais, São Paulo e Goiás são os grandes produtores com até três colheitas anuais e num sistema quase contínuo de cultivo, de acordo com zoneamento ecológico das regiões e épocas de semeadura. A partir da década de 1980, essa espécie vem adquirindo um novo *status*, isto é, aos poucos está deixando de ser uma cultura de subsistência para se transformar em uma atividade de alta tecnologia (Vieira et al., 2005,Conab, 2016).

Devido à grande importância dessa cultura os programas de melhoramento passaram a desenvolver cultivares modernas, mais homogêneas, com maior produtividade, resistentes a pragas e doenças, mas com base genética estreita. Essas cultivares, dentre muitas vantagens, contribuem significativamente para o aumento do consumo deste grão pelos brasileiros movimentando a economia nacional. No entanto, com seu uso contínuo, as cultivares obtidas via melhoramento acabaram substituindo de forma gradual as variedades tradicionais de feijão ou genótipos crioulos (Elias et al., 2007). As variedades crioulas podem ser definidas como genótipos de feijão em uso, em sua maioria, por pequenos agricultores, que podem ter sido gerados a partir de cruzamentos naturais, e que, não passaram pelo processo de melhoramento genético.

A substituição das variedades crioulas por cultivares melhoradas causou uma grande perda da variabilidade genética da espécie, tornando necessário traçar estratégias para preservá-la. Foram criados então, os bancos de germoplasma, locais onde são estocados em condições adequadas, amostras de genótipos, cultivares melhoradas, variedades crioulas, espécies selvagens e relacionadas a uma determinada espécie de interesse, todas genericamente denominadas de acessos (Zimmerman et al., 1996). Sendo assim, os Bancos de Germoplasma têm como objetivo conservar amostrar da variabilidade genética das espécies para estudos futuros.

Os acessos são coletados geralmente em comunidades rurais e reunidos em várias coleções, constituindo um acervo genético representativo de grande variabilidade. Esses materiais são então catalogados e caracterizados e são mantidos em bancos de germoplasma no intuito de garantir a sua viabilidade ao longo prazo. Esta forma de conservação é denominada de *ex situ*, ou seja, fora do local de ocorrência da espécie natural (Zimmerman et al. 1996).

A caracterização é uma atividade essencial no manejo de coleções de germoplasma *ex situ* que consiste em tomar dados para descrever, identificar e diferenciar acessos de uma mesma espécie. A caracterização morfológica é realizada no germoplasma depois que ele é incorporado às coleções. É feita com base em observações (variáveis qualitativas) ou mensurações (variáveis quantitativas) de vários caracteres morfológicos facilmente diferenciáveis, denominados de descritores morfológicos. A caracterização morfológica desempenha papel preponderante por eliminar acessos redundantes, reduzir custos de manutenção e identificar acessos desejáveis para utilização em programas de melhoramento genético.

Um aspecto que deve ser levado em consideração é que às variedades tradicionais ou crioulas, apresentam grande diversidade genética e encontram-se em permanente processo evolutivo. A constante preservação e continuidade no uso desses genótipos possibilitou a seleção dos mais adaptados às condições ambientais e aos sistemas de cultivo dos agricultores tradicionais. Sua evolução foi influenciadas pelas práticas sociais de troca e intercâmbio de material genético entre as comunidades rurais. Segundo Carvalho (2016) as razões consideráveis para esse fato é a coexistência das populações humanas no processo de evolução das espécies alimentares. A manutenção desta variabilidade genética, por meio das coleções de germoplasma, é de grande valor pela possibilidade de conterem alelos que conferem adaptação local, resistência à doenças e tolerância às principais adversidades edafoclimáticas da região (Carvalho et al., 2008).

De um modo geral, as coleções de germoplasma mantidas em centros de pesquisa são acessíveis às comunidades rurais. Estas podem ser liberadas pelos curadores dos bancos de germoplasma e pesquisadores responsáveis, para trabalho de melhoramento participativo, objetivando o repatriamento dos mesmos. Este fato faz com que estas coleções fiquem disponíveis aos pesquisadores e as comunidades rurais. Os pesquisadores utilizam esses materiais como matéria-prima em programas de melhoramento genético vegetal,

visando o desenvolvimento de cultivares comerciais. Na tentativa de garantir a continuidade do processo evolutivos das variedades tradicionais armazenadas nos bancos de germoplasma é necessário que exista uma parceria entre os Bancos de Germoplasma e os agricultores familiares, que promova o repatriamento destes acessos e contribua para o melhoramento genético participativo. Segundo Machado et al. (2002) e Machado (2014) este é um componente do manejo da diversidade genética, e apresenta, como ingrediente fundamental, a inclusão sistemática dos conhecimentos, habilidades, experiências, práticas e preferências dos agricultores.

Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivo geral avaliar a diversidade genética em acessos de feijoeiro comum coletados no Estado de Goiás, por meio de descritores morfológicos e informações agronômicas e identificar acessos mais divergentes para programas de melhoramento. Tendo como objetivo específico, formar agrupamentos em função da divergência genética entre os acessos, identificar os acessos mais divergentes, identificar se há ocorrência de alguma redundância entre os acessos.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 A CULTURA DO FEIJOEIRO COMUM

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento básico e tradicional na dieta dos brasileiros, com consumo médio per capita de 17,5 kg/ hab/ano (Conab, 2016). O Brasil é considerado como maior produtor e consumidor mundial de feijão. De 1985 a 2015 a média nacional de produção de feijoeiro comum foi de 2.478.922 toneladas por ano, com área aproximada de 3.059 mil hectares e produtividade média de 903 kg.ha⁻¹. Um fator interessante a ser considerado é a redução, nos últimos dez anos, de 38,7% na área plantada e o aumento de 15,99% na produção, fazendo com que a produtividade média aumentasse em aproximadamente 44,38% (Embrapa, 2016).

A produção brasileira de feijoeiro comum está concentrada na região Centro-Sul, que é responsável por mais de 75% da produção nacional. Entre os anos de 2006 a 2016, os principais estados produtores foram: Paraná (22,75%), Minas Gerais (17,68%), São Paulo (8,32%), Bahia (8,26%), Goiás (8,16%), Mato Grosso (7,86%) e Santa Catarina (4,77%). A maior produtividade foi registrada na região Centro-Oeste, alcançando a média de 2.555,5 kg.ha⁻¹ no ano de 2010. Nos últimos 10 anos, nesta região, houve um incremento de aproximadamente 60% na produtividade (Conab, 2016).

O feijoeiro comum é cultivado em três safras: primavera-verão (água), verão-outono (seca) e outono-inverno (inverno), que contribuem para obtenção do produto ao longo do ano (Vieira et al., 2008). Segundo Mendonça (2015) as safras são divididas de acordo com o período de colheita, classificando em: 1^a Safra - colheita de novembro a março; 2^a safra - colheita de abril a julho; e 3^a safra - colheita de agosto a outubro. Considerando a média das safras de 2010 a 2015, a 1^a safra ou safra das águas apresenta maior área plantada e maior produção (45,47% e 44,29 % respectivamente), com produtividade média de 1.334 kg.ha⁻¹. A 2^a safra ou safra da seca é a segunda maior em

área plantada (44,53%) e produção (37,56 %), com produtividade média de 1.161 kg.ha⁻¹. No entanto, a 3^a safra ou safra de inverno, apesar de ser realizada em menor área (10%) e, consequentemente, obter menor produção (18,15%), é a safra que apresenta a maior produtividade (2.495 kg.ha⁻¹). Isto se dá pois, os campos de cultivo são irrigados e com uso de alta tecnologia por grandes produtores (Embrapa, 2016).

Devido à grande importância da cultura do feijoeiro os programas de melhoramento passaram a desenvolver cultivares com maior produtividade, resistentes a pragas e doenças. Estas por sua vez, acabaram substituindo de forma gradual as variedades tradicionais de feijão ou genótipos crioulos (Elias et al., 2007). Essa substituição causou uma grande perda de variabilidade genética da espécie provocando, assim, o que se chama de erosão genética (Machado, 2014). Tornou-se necessário então traçar estratégias para preservar a variabilidade desta espécie.

2.2 ORIGEM E EVOLUÇÃO

A origem evolutiva do gênero *Phaseolus* e sua diversificação primária ocorreram nas Américas (Vavilov, 1931, citado por Debouck, 1991), mas o local exato onde isto se deu é motivo de controvérsia (Gepts et al., 1988, Debouck, 1991). Dessa forma, o *P. vulgaris* a exemplo de outras importantes plantas alimentícias teve origem no Novo Mundo, sendo levado ao Velho Mundo após o descobrimento das Américas (Silva, 1996.). O *P. vulgaris* uma planta anual diploide ($2n=2x=22$) é considerada como uma espécie não cêntrica, ou seja, não se sabe qual é a localização específica de seu centro origem, possuindo centros de domesticação independentes (Harlan, 1971, 1975).

O gênero *Phaseolus* pertence à ordem Rosales, subtribo *Phaseolinae*, tribo *Phaseoleae*, subfamília *Papilionoideae* e família *Leguminosae*. (Melchior, 1964). Suas espécies, 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 (Cronquist, 1968). O número de espécies deste gênero 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).

Dados baseados na diversidade de faseolina (principal proteína de reserva do feijoeiro) sugerem que o feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris L.*) tem mais de um local de domesticação. Debouck (1988) sugeriu a existência de dois centros primários de domesticação (Mesoamericano e Sul dos Andes), originando dois principais grupos de cultivares: os de faseolina tipo “S” e “T”, respectivamente. Também foi proposto um terceiro centro de domesticação adicional com faseolinas “B” e “CH”, o qual foi nomeado de centro Norte Andino (Silva, 1996).

O centro Mesoamericano estende-se desde o sudeste dos Estados Unidos até o Panamá, sendo encontrado os tipos mais cultivados como *P. vulgaris*, *P. lunatus*, *P. coccineus* e *P. acutifolius*. Já o centro Norte Andino estende-se desde a Colômbia, Venezuela até o norte do Peru. Este possui menos espécies que a região mesoamericana. O centro Sul Andino estende-se do norte do Peru até as províncias do noroeste da Argentina, o qual encontram-se as espécies *P. vulgaris*, *P. lunatus* e *P. vulgaris* var. *aborigineus* (Chiorato, 2004).

O tipo de faseolina está intimamente correlacionado com o tamanho das sementes. Por meio de análises eletroforéticas em gel de poliacrilamida, determinaram-se os tipos de faseolina, principal fração proteica das sementes de feijão, que ocorrem nas formas silvestres e cultivadas. As análises eletroforéticas demonstraram vários tipos de faseolina, onde o tipo “S” apresenta sementes pequenas, predominando nos centros Mesoamericano e Norte Andino, enquanto que o tipo “T” possui sementes grandes, as quais predominaram no centro Sul Andino. Entretanto, no centro Sul Andino foram encontrados também outros tipos de faseolina como a “C”, “H” e “A”. Já o tipo “B” de faseolina foi encontrado somente em feijoeiros cultivados da Colômbia (Gepts, 1984; Gepts & Bliss, 1986). Há ainda uma correspondência na distribuição geográfica dos tipos de faseolina entre os feijões silvestres e cultivados (Vasconcelos, 1995).

Estudos baseados em variações de características morfológicas, agronômicas e padrões de faseolina, sobre um grande número de acessos provenientes de diferentes regiões, levaram Singh et al. (1991) a propor a subdivisão dos dois conjuntos gênicos primários em doze “subconjuntos” e posteriormente, em seis “raças”. Estas são as seguintes: Mesoamerica (conjunto gênico 1 a 4); Durango (5); Jalisco (6); Nueva Granada (7 a 9); Chile (10); Peru (11 e 12) (Silva, 1996).

O grupo gênico andino foi subdividido em raças: raça Nueva Granada, representando feijoeiros com sementes de tamanho médio a grande (> 40 g/100 sementes),

faseolina tipo “T” e hábitos de crescimento tipo I, II e III; raça Peru, com feijoeiros com hábito de crescimento tipo IV, adaptados a altitudes acima de 2.000 metros, sementes grandes e faseolina dos tipos “T”, “C”, “H” e “A”; e raça Chile, composta tipicamente por raças locais do Chile, caracterizada por hábitos de crescimento tipo III, sementes de tamanho médio e ovais, geralmente com mais de uma cor e padrões de faseolina tipo “C” e “H”. No grupo mesoamericano mais três subdivisões são sugeridas: raça Mesoamérica, encontrada no México e América Central, caracterizada por sementes pequenas (< 25 g/100 sementes), faseolina tipo “S”, hábitos de crescimento tipo I,II, III e VI e sementes com tegumentos de coloração preta e vermelha; raça Durango, composta principalmente por hábitos de crescimento tipo III, folhas pequenas, sementes médias (25 a 40 g/100 sementes), faseolina tipo “S” e adaptados a regiões com baixo índice de pluviosidade do México; e raça Jalisco, encontrada em áreas úmidas do México, hábitos de crescimento tipo IV, faseolina tipo “S” e sementes de tamanho médio (Singh et al., 1991).

Com o processo de domesticação o gênero *Phaseolus* passou por várias mudanças, passando a ter habitos de crescimento mais compacto, ereto, com gigantismo das partes vegetativas, aumento do tamanho da vagem e sementes, perda da sensibilidade ao fotoperíodo e da dormência na semente, além da redução na deiscência das vagens (Smartt, 1978). Os diferentes tipos de feijão chegaram ao Brasil, possivelmente por três rotas alternativas de introdução (Gepts et al., 1988). A primeira, via feijões pequenos mesoamericanos, iniciando-se no México e vindo à Guatemala, Caribe, Colômbia e depois para o Brasil. Uma segunda rota para os feijões grandes, com faseolina tipo “T”, como a cultivar Jalo que acredita-se ser proveniente dos Andes (Peru); e uma terceira, proveniente da Europa, com feijões sendo trazidos por imigrantes que de lá vieram. Esta terceira rota é mais provável para alguns casos como a do feijão Carnaval, preferido por imigrantes italianos (Silva, 1996).

2.3 EROSÃO GENÉTICA

A diversidade biológica ou biodiversidade é formada por todas as espécies de plantas, animais e microrganismos em interação com os ecossistemas, além dos processos biológicos dos quais elas fazem parte. A manifestação física da biodiversidade é representada pelos recursos genéticos, definidos como “a variabilidade de espécies de plantas, animais e microrganismos que contém os elementos funcionais da hereditariedade,

de valor atual ou potencial, para uso em programas de melhoramento genético, agro biodiversidade, biotecnologia e outras ciências afins” (Pennas, 2015). Diante disso, os recursos genéticos constituem a parte essencial da biodiversidade que é utilizada pelo homem no desenvolvimento de uma agricultura sustentável e na produção de alimentos (IICA, 2010).

A variabilidade genética das espécies é fundamental para manter a capacidade natural de responder às mudanças climáticas e a todos os tipos de estresses bióticos e abióticos, mas o que se tem observado é uma perda acentuada da diversidade genética. Este fato ocorre devido à ação do homem, com a substituição das variedades locais por variedades modernas, híbridos e, mais recentemente, pelos transgênicos. É importante 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 se chama de erosão genética (Machado, 2014).

Por volta de 1950 surgiu a preocupação quanto ao desaparecimento da variabilidade genética das plantas cultivadas nos centros de diversidade. Isto ocorreu devido ao surgimento de variedades mais produtivas, como resultado dos programas de melhoramento. Estas foram substituindo gradualmente as formas de populações primitivas e variedades crioulas (*landraces*), em regiões onde existia diversidade genética. Desta forma, a revolução verde se destacou por introduzir nos países de terceiro mundo as variedades melhoradas, ajudando a resolver problemas alimentares. Este fato, foi criticado, 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 para conter a erosão genética, que se difundiam por grande parte do Mundo. (Hawkes, 1983; Coimbra et al., 2010).

De acordo com Bonett et al. (2006), no Brasil existia uma ampla variabilidade de cultivares em uso pelos agricultores. Estas eram adaptadas às suas condições agroecológicas e socioeconômicas, sendo comuns aqueles portadores de sementes pequenas, tais como os feijões Carioca, Enxofre, Rosinha e também feijões graúdos, assim como as cultivares do grupo comercial Manteigão. A variabilidade genética está sob constante pressão por várias causas, entre as quais, o uso de variedades uniformes, que constitui uma

exigência de mercado da agricultura moderna. Sendo assim, torna-se necessário conhecer a diversidade genética existente entre as cultivares crioulas e as melhoradas adaptadas para subsidiar programas de melhoramento com condições de explorar a variabilidade existente e já adaptada às condições climáticas de regiões específicas (Franco et al., 2001).

2.4 CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE BANCOS DE GERMOPLASMA

2.4.1 Aspectos gerais da caracterização de germoplasma

Bancos de germoplasma são locais onde são estocados em condições adequadas, amostras de genótipos, variedades melhoradas, crioulas, espécies selvagens e relacionadas a uma determinada espécie de interesse, todas genericamente denominadas de acessos (Zimmerman et al., 1996). Dada sua importância para programas de melhoramento e de conservação de recursos e preservação da diversidade genética, a caracterização dos acessos possibilita a quantificação e a utilização da variabilidade genética de modo eficiente (Chiorato, 2004).

A variabilidade genética é indispensável ao melhoramento e áreas afins. Uma forma de preservar parte desta variabilidade é com a utilização de bancos de germoplasma. Nestes é frequente a ocorrência de duplicidade de acessos, o que implica em maior tempo exigido no processo de caracterização e maior custo na manutenção e conservação de cada germoplasma (Fonseca & Silva, 1997).

Ao se introduzirem acessos vegetais em um banco de germoplasma, eles devem ser caracterizados e avaliados, pois ao contrário, terão pouca utilidade. A caracterização e a avaliação dos materiais introduzidos são necessárias para gerar informações sobre as características morfológicas, fisiológicas e agronômicas dos acessos. Estes também devem ser caracterizados quanto a tolerância aos estresses, tanto bióticos quanto abióticos e outros atributos importantes para os acessos de cada espécie. Essas características irão auxiliar na escolha dos acessos aptos para a utilização em programas de seleção e melhoramento genético (Idris & Saad, 2001).

Os processos de 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 duplicidade e/ou materiais muito semelhantes (Engels, 2003). A utilização dos dados dos sítios de coleta dos acessos, também possibilita identificar locais de grande diversidade (hot spots), 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).

Muitos processos de caracterização genotípica estão sendo identificados mediante técnicas de biologia molecular, como o uso dos marcadores de DNA, que se tornando cada vez mais frequente na maioria dos bancos de germoplasma (Martins, 2013). Na caracterização e avaliação de acessos é necessário seguir cinco etapas subsequentes e correlacionadas, sendo elas: 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).

Nos processos de caracterizações morfológicas, os descritores devem ser estáveis, de fácil mensuração e a quantidade deles não deve ser muito grande, pois em geral, as coleções possuem muitos acessos, o que tornaria o processo muito trabalhoso (Idris & Saad, 2001). Percebe-se, então, que o trabalho de elaboração de listas de descritores é bastante complexo e exige recursos numerosos, considerando-se a necessidade de se repetirem ensaios em vários locais ou mesmo em vários anos, buscando- se selecionar características estáveis (Moçambique, 2010).

2.4.2 Caracterizações morfoagronômica

A planta de feijoeiro apresenta grande variabilidade morfológica, que vai desde o hábito de crescimento até ao tamanho das folhas, das flores, das vagens e tamanho e cor das sementes, permitindo separar as formas selvagens das cultivadas (Singh et al., 1991). Essas diferenças favorecem o melhoramento genético da espécie e consequentemente a obtenção de novas cultivares, adaptadas aos diversos sistemas de produção prevalecentes no País e resistentes aos principais estresses bióticos da cultura, tornando-a mais competitiva.

No entanto, o sucesso do melhoramento genético depende de uma série de informações, dentre as quais destaca-se o conhecimento das características morfoagronômicas, bem como da contribuição de tais caracteres para a produção de grãos. Algumas características da cultivar, como altura de inserção da primeira vagem e comprimento da vagem podem ser determinantes na escolha do material quando se leva em consideração a possibilidade da colheita mecanizada (Kappes et al., 2008).

Conforme o IBPGR (1982), os descritores de feijoeiro são divididos em três grupos: dados de passaporte ou identificação dos acessos, de caracterização e de avaliação preliminar. O IBPGR sugere uma lista que possui 60 descritores botânicos, mas geralmente nos programas de melhoramento são utilizados de 25 a 30 descritores. Fonseca (1993) cita que, com base em proposições de diversos autores, os descritores de feijoeiro mais comumente utilizados são dias para emergência, cor do hipocótilo e dos cotilédones, cor da flor, pigmentação e número de nós da haste principal, hábito de crescimento, altura da planta, comprimento e largura da folha (folíolo central), dias da emergência até a floração, dias da emergência até a colheita, cor da vagem durante a maturação e madura (seca), número de vagens por planta, comprimento de vagem, número de sementes por vagem, massa de 100 ou 1000 sementes, produtividade, cor e brilho da semente, grupo comercial e comportamento em relação às pragas e doenças.

A importância e utilidade da caracterização dos acessos está relacionada aos objetivos dos seus usuários. Para estudos genéticos e evolutivos que se realizam em bancos de germoplasma, dados de características botânicas são necessários, enquanto a descrição varietal empregada pelo melhoramento genético necessita de características agronômicas e comerciais que têm importância para o agricultor e o agronegócio (Muñoz et al., 1993).

2.4.3 Divergências genética

De acordo com Silva (1999), a análise multivariada é um ramo da estatística que trata de relações entre grupos de variáveis dependentes e os indivíduos nas quais elas se apresentam, é possui grande importância para estudos de divergência genética Nesta análise considera-se um grande número de caracteres simultaneamente. Então, a denominação “Análise Multivariada” corresponde a um grande número de métodos e técnicas que utilizam, simultaneamente, todas as variáveis na interpretação teórica do conjunto de dados obtidos (Moita Neto, 2015).

Grande parte das análises realizadas em trabalhos científicos obtém os resultados apenas de uma variável aleatória, ou seja, os métodos estatísticos empregados são univariados. As Análises multivariadas têm por objetivo avaliar um conjunto de variáveis relacionadas entre si, onde cada uma possui o mesmo grau de importância. A análise multivariada fornece coeficientes de distância genética entre os genótipos, proporcionando grande contribuição ao melhoramento genético. Neste conceito, parte-se da hipótese de que quanto maior a distância genética entre dois genótipos, maiores são as chances de combinações mais promissoras. Linhagens que possuem grande número de alelos em comum para um determinado caráter são designadas como similares, e inadequadas para produzir cruzamentos superiores. Contrariamente, linhagens divergentes com diferenças na frequência dos locos considerados, podem ser apropriadas para cruzamentos (Chiorato, 2004).

De acordo com Regazzi (2000), apesar das técnicas de análise multivariada terem sido desenvolvidas para resolver problemas específicos, principalmente de biologia e psicologia, podem ser também utilizadas para resolver outros tipos de problemas em diversas áreas do conhecimento. A análise de componentes principais é a técnica mais conhecida, contudo é importante ter uma visão conjunta de todas ou quase todas as técnicas da estatística multivariada para resolver a maioria dos problemas práticos.

As metodologias aplicadas aos estudos das coleções de germoplasma, baseiam-se em estatística uni ou multivariadas. Os métodos mais utilizados são as análises por componentes principais e variáveis canônicas e os métodos de agrupamentos. O enfoque desses estudos destaca-se na análise da diversidade genética, no estudo de divergência genética, e na classificação dos acessos de coleção de acordo com sua similaridade ou dissimilaridade (Moreira, 1994).

O conceito de similaridade ou dissimilaridade é fundamental na análise de agrupamento. Existem diversas medidas de dissimilaridade para medir a relação entre dois indivíduos. Essas medidas definem critérios para avaliar se dois indivíduos estão próximos ou distantes e distinguir se podem fazer parte de um mesmo grupo ou não (Messelitti, 2007).

As medidas de dissemelhanças são classificadas em quatro categorias: coeficientes de similaridades ou dissimilaridades; coeficientes de correlação; coeficientes de associação e medidas de semelhança probabilística. Em geral, nos trabalhos publicados, basicamente três medidas predominam na análise de agrupamento: coeficientes de

dissimilaridade (ou similaridade), coeficientes de correlação e coeficientes de associação (Aldenderfer & Blashfield, 1984).

Segundo Messetti (2007), o estabelecimento de uma medida de dissimilaridade entre dois indivíduos constitui-se o ponto de partida para várias técnicas multivariadas. O primeiro passo na análise de agrupamento é transformar a matriz de dados em uma matriz de dissimilaridades quando os caracteres são morfológicos. De acordo com Cormack (1971), a mais utilizada é distância euclidiana. Além da distância euclidiana, a distância euclidiana média e a distância de Mahalanobis também são frequentemente utilizadas nos trabalhos científicos de melhoramento genético e os resultados medem a distância genética entre os indivíduos.

De acordo com Cruz & Carneiro (2003), a distância euclidiana não necessita da existência de informações em nível de repetições, estimando-se apenas a média padronizada, isto pode ser considerado como uma vantagem no uso deste método. No entanto, apresenta como desvantagem o fato de ser alterada com as mudanças de escala de medidas, com o número de caracteres estudados, além de desprezar parâmetros que envolvam o grau de correlações entre as variáveis. Para solucionar o problema do número de caracteres envolvidos recomenda-se o uso da distância euclideana média. Os coeficientes de dissimilaridade têm sido muito utilizados nas estimativas da divergência genética entre acessos. A distância euclideana pode ser estimada, portanto, tomando-se por base dados sem repetições, como geralmente ocorre em Banco Ativo de Germoplasma (Carvalho et al., 2003).

Dentre as metodologias disponíveis, de estudo da divergência genética, destaca-se o uso da distância generalizada de Mahalanobis, cujo cálculo, ao contrário de outras distâncias, envolve a estrutura de variabilidade, logo necessita de repetições para estimar as médias originais e a matriz de covariâncias residuais entre características mensuradas. Esta é recomendada por medir objetivamente a posição multidimensional de cada indivíduo em relação ao centro médio das observações e tem propriedades estatísticas que viabilizam testes de significância (Messetti, 2000).

2.4.3.1 Análises de agrupamento

A análise de agrupamento ou *cluster analysis*, consiste em dividir os elementos da amostra ou população em grupos. Desta forma, os elementos pertencentes a um mesmo grupo são similares entre si de acordo com as características avaliadas e os elementos de grupos diferentes, heterogêneos em relação a estas mesmas características (Mingoti, 2007). Também pode ser definida como conjunto variado de técnicas e algoritmos que objetivam identificar e agrupar objetos segundo a similaridade sobre algum atributo ou característica particular que possuem. É utilizada em muitas áreas do conhecimento, principalmente para identificação de padrões de comportamento nos dados de observações (Alencar et al., 2013). A aplicação desta técnica não pressupõe qualquer característica da estrutura do agrupamento; apenas se baseia em medidas de semelhança ou distância entre objetos e na escolha de critérios de agregação (Ferreira, 2000).

A utilização da distância genética por meio de caracteres fenotípicos representa uma técnica auxiliar de grande importância nos programas de melhoramento genético de plantas, fornecendo informações úteis na caracterização, conservação e utilização dos recursos genéticos disponíveis. O emprego de caracteres morfológicos em associação a técnicas multivariadas tem sido amplamente utilizado na quantificação da distância genética (Bertan et al., 2006).

Existem diversos métodos de agrupamento que são utilizados para representar as matrizes de distância genética, os mais utilizados são os hierárquicos. De acordo com Silva (2012), nos métodos hierárquicos de agrupamento os indivíduos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma (diagrama bidimensional em forma de árvore), que é o principal objetivo. O dendrograma pode ser considerado a representação simplificada da matriz de dissimilaridade. Uma das maneiras de verificar a capacidade do dendrograma em reproduzir a matriz de dissimilaridade é construir a matriz cofenética, que é a matriz de distâncias entre os objetos a partir do dendrograma. A verificação da proximidade das duas matrizes de dissimilaridade é fornecida pelo coeficiente de correlação entre os valores da matriz de dissimilaridade e os correspondentes da matriz cofenética, que é chamado coeficiente de correlação cofenética (Bussab et al., 1990; Meyer, 2002; Silva, 2012; Biagiotti, 2013).

As técnicas de análise de agrupamento hierárquicas são as mais amplamente difundidas e envolvem basicamente duas etapas. A primeira se refere à estimativa de uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre os indivíduos, e a segunda refere-se à

adoção de uma técnica de formação de grupos (Santana & Malinovski, 2002; Siegmund et al., 2004; Silva, 2012).

De acordo com Silva (2012), os principais métodos de agrupamento hierárquicos são: o método do vizinho mais próximo, o método do vizinho mais distante, o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*), o método do centróide, o método da mediana (ou WPGMC) e o método da variância mínima de Ward. Todos esses métodos operam sobre a matriz de distâncias, dispensando recorrer aos dados originais (Cruz *et al.*, 2011; Meyer, 2012).

Segundo Cruz & Carneiro (2003), o UPGMA tem sido comumente utilizado em estudos de diversidade genética, tendo vantagem sobre os demais métodos por considerar médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os indivíduos considerados, como ocorre com os métodos do vizinho mais próximo e do vizinho mais distante. Outra razão que também favorece o método UPGMA é que ele tende a gerar valores mais altos do coeficiente de correlação cofenética (Sokal & Rohlf, 1962). Isso significa dizer que ele produz menor distorção quanto à representação das similaridades entre indivíduos de um dendrograma (Silva, 2012). Na presença de observações discrepantes, Milligan (1980) verificou que o agrupamento com os métodos de ligação simples, centróide e mediana não foram afetados, ao contrário dos métodos de Ward e UPGMA.

O método de Ward tem sido preferido, em alguns casos, devido ao efeito gráfico gerado pelo dendrograma, possibilitando a visualização de grupos bem definidos (Rosemburg, 1984; Oliveira et al, 2009b). De forma geral, os dendrogramas obtidos com os métodos hierárquicos apresentam estruturas de agrupamentos de objetos homogêneos, embora não exista critério objetivo para determinar um ponto de corte no dendrograma, ou seja, para determinar quais grupos foram formados (Meyer, 2002, Silva, 2012;).

Segundo Khattree & Naik (2000) e Mingoti (2005) não existe uma resposta exata para se escolher o número de grupos. A definição do número de grupos nos métodos hierárquicos pode ser realizada por alguns critérios: razões práticas do pesquisador; análise visual das ramificações do dendrograma, sendo o corte estabelecido em pontos onde há mudança abrupta da ramificação e; critérios estatísticos, como por exemplo: desvio padrão médio e coeficiente de determinação; método de Mojena (1977), baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendrograma.

De acordo com Silva (2012), após de obter o dendrograma, faz-se necessário quantificar a consistência do agrupamento. O coeficiente de correlação cofenética é um coeficiente que quantifica a semelhança entre a matriz de distâncias do dendrograma (matriz cofenética) e a matriz de distâncias originais. Quanto maior for o valor da correlação, menor será a distorção provocada pelo agrupamento, ou seja, valores próximos à um indicam uma melhor representação (Cruz e Carneiro, 2003a). Segundo Cargnelutti Filho et al. (2010), o coeficiente de correlação cofenética é a correlação linear de Pearson entre os elementos da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética. Manly (2008) afirma que o valor da correlação entre as duas matrizes pode ser testado pela aplicação do teste de aleatorização de Mantel (1967). Dessa forma, é recomendado aplicar mais de um método hierárquico ao conjunto de dados e o que apresentar o maior valor do coeficiente de correlação cofenética seja aceito como o mais adequado. Isso evita que a classificação seja um mero artefato da técnica utilizada, já que cada técnica impõe determinada estrutura aos dados (Bussab *et al.* 1990; Silva,2012).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 CARACTERIZAÇÕES DO MATERIAL GENÉTICO

Os acessos utilizados neste trabalho pertencem ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Arroz e Feijão, localizada em Santo Antônio de Goiás, Goiás. São acessos 248 da coleção de feijoeiro comum e foram, predominantemente, coletados em feiras livres e pequenas propriedades rurais do Estado de Goiás, no período de 1980 a 2003 (Figura 1).

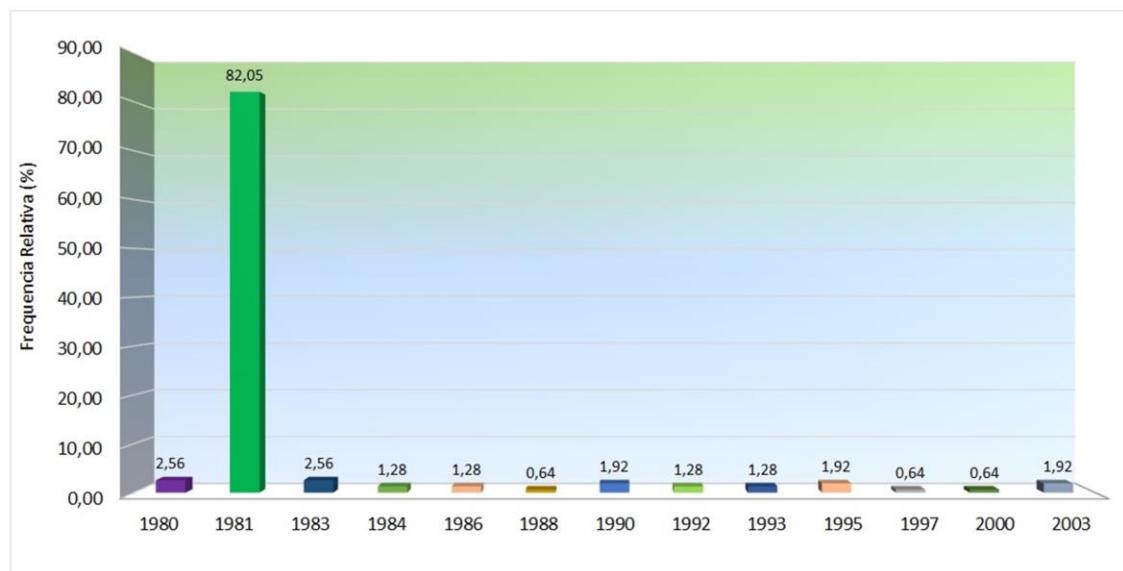


Figura 1Distribuição de Frequênciade coleta dos acessos ao longo dos anos.

No ensaio foram utilizados 156 acessos que apresentaram número suficiente de sementes. É provavelmente que entre estes acessos existam variedades cultivadas por longo tempo as quais são denominadas, também de crioulas. A coleção utilizada no trabalho pode ter tanto acessos crioulos, quanto originados de programas de melhoramento (linhagens e cultivares). Sendo assim, estes acessos foram denominados como acessos tradicionais.

Os dados gerais de passaporte dos acessos utilizados encontram-se no (Anexo A). Neste, estão disponibilizadas ainda informações suplementares sobre a cultura (cor

principal da semente, coloração do halo, brilho e grupo comercial e peso de sementes) e, local de coleta de cada acesso (Origem, ano de coleta). De acordo com a Figura 2, nota-se, que os acessos foram coletados em 36 municípios do Estado de Goiás e que onze acessos não possuem a identificações dos municípios referentes à sua coleta.

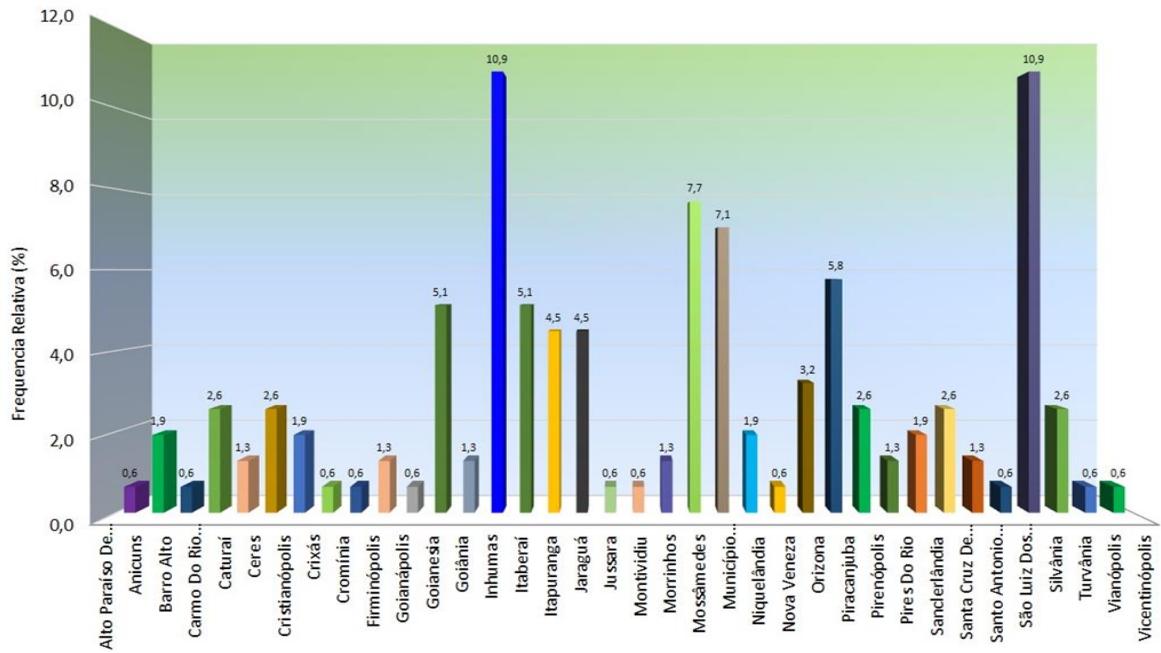


Figura 2 Distribuição de Frequência de coleta dos acessos em 36 municípios do Estado de Goiás.

3.2 EXPERIMENTO EM CASA DE VEGETAÇÃO

O ensaio em casa de vegetação foi formado por dois vasos por acesso, onde foram semeadas três sementes por vaso a uma profundidade média de 2,5 cm, totalizando seis plantas por acesso, não houve delineamento experimental. Durante o ciclo da cultura foram realizados todos os tratos culturais necessários para o bom desenvolvimento das plantas. A irrigação foi realizada regularmente durante todo o período de desenvolvimento das plantas.

Os acessos foram estudados quanto aos caracteres botânicos, agronômicos e fenológicos pertinentes às plantas e sementes nas fases vegetativa, reprodutiva, maturação, colheita e pós colheita. Na caracterização dos acessos utilizaram-se 39 descritores morfoagronômicos. Estes foram divididos em: descritores de semente, descritores de vagem e descritores de planta. Dos descritores, 29 são de natureza qualitativas e dez de natureza quantitativa.

Os descritores de natureza qualitativa foram: Presença de antocianina nos cotilédones (PACO); presença de antocianina no hipocótilo (PAH); senescência da folha primária (SF); rugosidade da folha (RFV); presença de antocianina no caule (PAC); pigmentação do caule principal (CCP); cor da vagem (uniformidade) (UCV); forma do dente apical da vagem (FDA); posição do dente apical da vagem (PDA); cor (uniformidade) (UCS); presença de venação (VN); cor da flor (CFL); cor do folíolo central (CFO); forma da Folha (FRF); perfil da vagem (PV); orientação do ápice da vagem (OA); forma da cor secundária das sementes (FCSS); brilho da semente (BR); Perfil da semente (PVS); cor primária da vagem (CPV); forma da cor secundária da vagem (FCSV); cor secundária da vagem (CSV); forma da semente (FORS); tamanho de sementes (TMS); cor secundária das sementes (CSS); cor do halo (CH); cor principal da semente(CPS); grupo comercial (CG); cor da vagem na maturação (CVDM).

Já os descritores de natureza quantitativa foram os seguintes: dias para floração inicial (FI); intervalo de florescimento (INF); número total de vagens (NV); número de vagens abortadas (VES); início da colheita (INC); intervalo de Colheita (IDE); número total de sementes normais (ST); número total de sementes abortadas (SES); massa total de sementes (PT); massa de cem sementes (P100).

Os 39 descritores morfoagronômicos qualitativos e quantitativos foram divididos em: descritores de semente, descritores de vagem e descritores de planta, conforme segue:

a) Descritores de semente

Os descritores de semente são importantes no programa de melhoramento de feijoeiro comum devido as exigências do mercado nacional para os tipos de grãos carioca e preto. O procedimento auxilia na determinação da origem genética do material e também na

decisão do melhoristas quanto à composição dos esquemas de cruzamentos (Carbonell, 1999).

a.1) Uniformidade da cor das sementes (UCS)

As sementes foram classificadas de acordo com sua uniformidade quanto a coloração do tegumento das sementes em: 1- Uniforme e 2 - Desuniforme. Esse descritor foi determinado em laboratório com sementes secas e recém colhidas.

a.2) Cor principal da semente (CPS)

Este descritor foi determinado em laboratório com sementes secas e recém colhidas. Foram levadas em consideração as cores predominantes das sementes, classificadas segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão(citação), dentro dos seguintes grupos: 1 - Branca; 2 - Bege; 3 - Amarela; 4 - Marrom; 5 - Rósacea; 6 - Roxa; 7 - Vermelho; 8 - Preta; 9 - Cinza; 10 - Outras; 11 – Alaranjado; 12-Arroxeadas; 13-Verde e 14- Rosada

a.3) Cor secundária das sementes (CSS)

A cor secundária foi determinada, em laboratório com sementes secas e recém colhidas utilizando as mesmas sementes em que se determinou a cor primária da semente. Desta forma, as sementes foram classificadas segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão(citação), dentro dos seguintes grupos: 1 - Branca; 2 - Bege; 3 - Amarela; 4 - Marrom; 5 - Rósacea; 6 - Roxa; 7 - Vermelho; 8 - Preta; 9 - Cinza; 10 - Outras; 11 - Alaranjado; 12 - Arroxeadas; 13 - Verde e 14 - Rosada.

a.4) Forma da cor secundaria das sementes (FCSS)

Foi determinada em laboratório com sementes secas e recém colhidas, seguindo a seguinte classificação: 1 - Estrias (rajas); 2 - Manchas; 3 - Pontuações; 4 - Estrias (rajas e pontuações) e 5 - Outras.

a.5) Cor do halo (CH)

Foi determinado em laboratório com sementes secas e recém colhidas. As sementes foram classificadas dentro dos seguintes grupos de cores: 1- Branca; 2 bege; 3- amarela; 4 - Marrom; 5 - Rósea; 6 - Roxa (vinho); 7 - Vermelha; 8 – Preta; 9 –Cinza; 10 - outras; 11- Alaranjado; 12 - Arroxeadas; 13 - Verde e 14 -Rosada.

a.6) Presença de venação (VN)

Foi determinado em laboratório com sementes secas e recém colhidas. As sementes foram classificadas de acordo com a presença (1) e ausência (2).

a.7) Grupo comercial do feijão (CG)

O grupo comercial foi determinado de acordo com a cor apresentada pelo tegumento das sementes classificadas nos seguintes grupos: 1-Branco; 2 - Bege (Mulatinho); 3 - Amarelo; 4 - Marrom; 5 - Rosa/Rosinha, 6 - Roxo, 7 - Vermelho, 8 - Preto; 9 - Carioca; 10 - Rajado; 11 - Jalo e 12 - Outros.

a.8) Número total de sementes (ST)

Na contagem do número total de sementes foram consideradas somente as sementes bem formadas, que sejam capazes de germinar e originar plantas normais. As mensurações foram realizadas em laboratório com sementes secas e recém colhidas. Foram utilizadas a produção das seis plantas por acesso.

a.9) Número de sementes abortadas (SES)

Após a colheita das vagens foi determinado número de sementes abortadas presentes na produção total de cada acesso.

a.10) Massa total de sementes (PT)

A massa total de sementes, expresso em gramas, foi avaliado em balança de precisão digital, quando estas estavam com umidade em torno de 13%. A massa foi obtido a partir de grãos de vagens debulhadas, provenientes da produção total de seis plantas de cada acesso, após a colheita.

a.11) Massa de cem de sementes (P100)

O massa de cem sementes, expresso em gramas, foi avaliado em balança de precisão digital, com umidade em torno de 13%. O peso foi obtido, aleatoriamente, a partir da produção total de grãos de cada acesso.

a.12) Tamanho de sementes (TMS)

Foi determinado por meio da análise de 100 sementes recém colhidas, secas e inteiras, escolhidas ao acaso e de acordo com a escala de avaliação:

- 1 - Muito pequena: menos que 20 g;
- 2 - Pequenas: 20 a 30 g;
- 3 - Mediana: 31 e 40 g;
- 4 - Normal: 41 a 50 g;
- 5 - Grande: mais que 50 g.

a.13) Brilho (BR)

Foi determinado em laboratório com sementes recém colhidas e secas, seguindo as respectivas classificações: 1 - Opaco, 2 - Intermediário e 3 - Brilhante.

a.14) Comprimento da semente (COMPS)

Foi avaliada a partir de uma amostra dez sementes obtidas ao acaso de cada acesso. A mensuração, expressa em milímetros, foi realizada com auxílio de paquímetro digital.

a.15) Largura da semente (LARGS)

A largura da semente, expressa em milímetros, foi obtida com o auxílio de paquímetro digital. Utilizando-se as mesmas dez sementes utilizadas para a obtenção do descriptor de comprimento de sementes.

a.16) Espessura da semente

A espessura da semente, expressa em milímetros, foi obtida com o auxílio de paquímetro digital. Utilizando as mesmas sementes avaliadas para o COMPS e LARGS. As mensurações foram realizadas em dez sementes escolhidas ao acaso da produção total de cada acesso.

a.17) Forma da semente (FORS)

A relação comprimento/largura foi determinada pelo coeficiente J (tabela 1), segundo Puerta Romero (1961) utilizando as mesmas dez sementes avaliadas para o comprimento de sementes e largura de sementes. Desta forma:

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

Tabela 1 Forma de semente de acordo com o coeficiente (J).

Forma da semente	Valor J
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.18) Perfil da semente (PVS)

A relação espessura/largura da semente é determinada pelo coeficiente H (Tabela.2), segundo Puerta Romero (1961). Foi obtida utilizando as mesmas dez sementes avaliadas para o comprimento e largura.

Dessa forma:

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

Segundo Puerta Romero (1961). O coeficiente H, o perfil da semente pode ser classificado em:

Tabela 2 Perfil da semente de acordo com o coeficiente (H).

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

b Descritores de vagem

b.1) Cor da vagem durante a maturação (CVDM)

A avaliação da cor primária da vagem foi realizada quando as plantas atingiram o estádio R9, ou seja, em sua maturação morfológica com a seguinte classificação: 1 - Verde; 2 - Verde com estrias roxas; 3 - Verde com estrias vermelhas; 4 - Amarelas; 5 - Amarelas com estrias roxas; 6 - Amarelas com estrias vermelhas; 7 - Rósea; 8 - Vermelha com tonalidade avermelhada; 9 - Roxa; 10 - Arroxeadas; 11 - Arroxeadas com estrias roxas; 12 - Outras; 13 - Rosada e 14 - Vermelha.

b.2) Cor secundária (CSV)

Esta avaliação foi realizada com plantas no estádio R9, levando-se em consideração a seguinte classificação: 1 - Ausência de cor secundária e 2 - Presença da cor secundária.

b.3) Forma da cor secundária da vagem (FCSV)

Este descritor foi determinado em laboratório com vagens secas e recém colhidas após a maturação fisiológica. Foram levados em consideração as cores predominantes das vagens, classificadas segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão, dentro dos seguintes grupos 1 - Estrias, 2 - Manchas, 3 - Estrias, 4 - Manchas e pontuações. Sendo determinado a maior frequência (moda) em 6 plantas por parcela.

b.4) Número de vagens (NV)

O número de vagens por plantas foi determinado pela contagem do número de vagens das plantas amostradas. Foram avaliadas no período de pós - colheita.

b.5) Cor primaria da vagem (CPV)

No período de colheita foi determinado a cor da vagem - segundo Formulário de Descritores Mínimos para Caracterização de Feijão em uso na Embrapa Arroz e Feijão (Citação), em: 1 - Amarelo claro; 2 - Amarelo escuro; 3 - Marrom; e 4 - Roxo.

b.6) Uniformidade da cor da vagem (UCV)

A uniformidade da cor da vagem foi avaliada no período de pós-colheita, a partir das vagens totais produzidas por acesso. Foram classificadas em: 1 - Uniforme e 2 - Desuniformes.

b.7) Perfil da vagem (PV)

As avaliações foram realizadas no período de pós - colheita, a partir de vagens bem formadas. As avaliações foram realizadas, baseado no grau de curvatura do eixo central da vagem classificando-se em: 1 – Reto; 2 - Recurvado e 3 - Arqueado.

b.8) Posição do dente apical (PDA)

A posição do dente apical foi determinada, no período de pós-colheita, a partir de vagens bem formadas, sendo uma vagem amostrada ao acaso. As posições foram classificadas, segundo Silva (2005), como: 1 - Marginal e 2 - Não-marginal.

b.9) Forma do dente apical da vagem (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), Moçambique(2010), como: 1 - Reto; 2 - Arqueado e 3 - Semi-arqueado.

b.10) Orientação do ápice da vagem (OA)

A orientação do ápice foi determinada, no período de pós-colheita, a partir de vagens bem formadas. Foram classificadas em: 1 - Para cima (no sentido dorsal); 2 - Direito (2); e 3 - Para baixo (no sentido ventral).

b.11) Número vagens abortadas (VES)

No período de pós-colheita foi realizada a contagem do número total de vagens estéreis produzidas por cada acesso. Com objetivo de se obter o número de vagens abortadas por acesso.

c) Descritores de planta

c.1) Presença de antocianina nos cotilédones (PACO)

.....
A presença ou ausência de antocianina nos cotilédones foi observada nos acessos, após a germinação. As plântulas foram avaliadas quanto a presença (1) ou ausência (2) de antocianina nos cotilédones

c.2) Presença de antocianina no hipocôtilo (PAH)

A Presença de antocianina no hipocôtilo foi observada nos acessos, após a germinação. As plântulas foram avaliadas para presença (1) ou ausência (2) de antocianina no hipocôtilo.

c.3) Dias para 50% da floração (FI)

Este descritor corresponde ao número de dias desde a emergência até ao estádio em que 50% das plantas da parcela estiverem em floração.

c.4) Intervalo de florescimento (INF)

O intervalo do florescimento corresponde ao período de floração em dias de cada acesso, contados a partir do florescimento de 50% da parcela até o final do florescimento.

c.5) Cor da flor (CFL)

Realizado no período do estádio de desenvolvimento R6, quando 50% das plantas tiveram uma ou mais flores, classificadas em: 1 - Branca, 2 - Rósea e 3 - Violeta.

c.6) Senescênciā da folha primaria (SF)

A senescênciā da folha primaria foi avaliada no início da floração de cada acesso. Os acessos foram avaliados: (1) ausência de senescênciā ou (2) presença senescênciā da folha primária do feijoeiro.

c.7) Presença de antocianina no caule (PAC)

Na ocasião da floração foi avaliado a presença (P) ou ausência (A) de antocianina no caule.

c.8) Cor do folíolo central do 4º nó da planta (CFO)

A cor do folíolo central foi determinada na ocasião da floração, pois os folíolos podem apresentar tons verdes de diferentes intensidades que variam de muito claro até muito escuro. Então foram classificados de acordo com a escala de cores em: Verde claro (1), Verde (2) e Verde Escuro (3) (UPOV, 1994).

c.9) Rugosidade da folha (RFV)

A rugosidade das folhas foi avaliada para a presença (1) ou ausência (2) de rugosidade nas folhas, pois os folíolos podem ser lisos ou apresentar aspecto rugoso, de intensidade variável, na face adaxial. A avaliação foi feita por observação.

c.10) Forma da folha (FRF)

A forma da folha foi determinada com a utilização do coeficiente F (Tabela 3) expresso em milímetros (Villordo et al, 1996). Este coeficiente é razão entre comprimento e largura. Esta avaliação foi realizada no início da floração.

O comprimento e largura foliar, em centímetros, foi determinado pela média do comprimento de quatro folhas, com auxílio de uma régua. As medições foram realizadas no folíolo central da folha inserida no terceiro internódio do caule principal no período de floração. O comprimento foi medido da base ao ápice do folíolo, longitudinalmente à nervura central. Já a medida de largura foi realizada a mensuração da parte mais larga do folíolo, perpendicularmente à nervura central, para cada acesso.

Tabela 3 Coeficiente F é razão entre comprimento e largura da folha.

Forma da folha	Valor de F (mm)
Acuminada (1)	0,89 a 1,09
Bruscamente acuminada (2)	1,10 a 1,30
Longamente acuminada (3)	> 1,31

c.11) Dias da emergência à maturação colheita (INC)

Foi obtido pela diferença entre o dia que cada parcela pelos dias transcorridos da emergência até aproximadamente 90 - 95% das vagens estivessem em maturação (secas).

c.12) Intervalo de Colheita (IDE)

Número de dias transcorridos do início da colheita até o final da colheita, ou seja, é o período em que a colheita é realizada.

c.13) Pigmentação do caule principal (PCP);

Na ocasião da maturação foi avaliado a presença (P) ou ausência (A) de pigmentação no caule, pois assim como nos cotilédones e hipocótilo, o caule pode ser verde ou apresentar pigmentação rósea ou roxa de intensidade variável (Muñoz et al., 1993).

3.3 EXPERIMENTOS EM CAMPO

O experimento foi conduzido durante a safra de inverno de 2015, na Fazenda Capivara da Embrapa Arroz e Feijão, com irrigação realizada via pivô central. O experimento foi instalado no Município de Santo Antônio de Goiás, GO ($16^{\circ}28' S$, $49^{\circ}17' W$ e altitude de 823 metros), com solo classificado como Latossolo Vermelho, textura franco-argilosa (EMBRAPA, 1997). Foram avaliados os 156 acessos oriundos do Banco de germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão (Anexo A).

Os 156 acessos foram distribuídos em 4 blocos de tamanho k=43 parcelas (39 acessos + 4 testemunhas). Foram utilizadas as testemunhas, cultivares comerciais, sendo uma do grupo carioca (BRS Notável), uma do grupo mulatinhos (BRS Agreste), uma do grupo roixinho (BRS Pitanga) e uma do grupo preto (BRS Esteio). A semeadura foi realizada no dia 15 de junho 2015, manualmente, com densidade de semeadura de 10 sementes por metro linear. A parcela experimental foi constituída por uma linha de 5 m, espaçamento entre fileiras de 0,45 m. Os tratos culturais foram realizados de acordo com a necessidade da cultura e recomendação técnica da Embrapa. A colheita manual foi realizada de acordo com o grau de maturação fisiológica de cada acesso.

As variáveis avaliadas foram: Dias entre a emergência e a maturação de colheita (CICLO); habito de crescimento (HC); e produtividade de grãos em Kg.ha⁻¹ (REND) à 13% de umidade. Estas avaliações foram realizadas segundo a escala proposta pelo CIAT (1991). A emergência foi avaliada no estádio V1e a colheita no estádio R9, quando 50% das vagens da parcela estavam aparentemente em maturação fisiológica.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos aumentados de Federer, com recuperação de informação intergenotípica assumindo efeitos genotípicos como aleatórios (Boyle & Montgomery, 1996; Marcos, 1994; Duarte, 2000; e Nunes, 2014), sendo o modelo geral:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_j + \tau_i + \varepsilon_{ij}, \text{ onde}$$

Y_{ij} : é a resposta observada do i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco (totalizando n observações);

μ : é a constante comum às observações (uma referência à média geral das observações);

β_j : é o efeito do j -ésimo bloco ($j=1,2,\dots,b$);

τ_i : é o efeito do i -ésimo tratamento ($i=1, 2, \dots, p, p+1, p+2, \dots, p+t$; sendo p o número de acessos, t o número de testemunhas e $p+t=v$, o número total de tratamentos); e

ε_{ij} : é o erro experimental aleatório associado à parcela com o i -ésimo tratamento, no j -ésimo bloco, distribuído *normal* e independentemente, com média zero e variância σ_e^2 .

A partir deste modelo, foram realizadas análises com a modelagem alternativa, modelo Misto B (análise com recuperação de informação intergenotípica): efeitos fixos para blocos e aleatórios para tratamentos, exceto testemunhas (de efeitos sempre fixos). Além da independência entre μ , β_j , τ_i e ε_{ij} , admite-se: $\tau_i \sim N(0, \sigma_g^2)$, com $i=1,2,\dots,p$ e $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$ (Duarte, 2000).

3.4 ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA

3.4.1 Coeficiente de similaridade pelo modelo de Harrison

Inicialmente as variáveis quantitativas foram convertidas em variáveis multicategóricas, visando a obtenção de uma única matriz de zero e um. Neste caso, tomando

por base a curva normal teórica, foram utilizados os intervalos proporcionados pela média (x) e desvio padrão (s) para compor as variáveis fictícias. Portanto, foram utilizados o referencial teórico da curva padrão, com as proporções de 68%, 95% e 99% da área da curva, equivalendo os valores de $x \pm s$, $x \pm 2s$ e $x \pm 3s$, respectivamente. Tais intervalos foram suficientes para contemplar todas as observações encontradas (Centeno, 1999).

Os descritores morfoagronômicos tanto qualitativos e quantitativos foram transformadas em variáveis binárias por meio da criação de variáveis fictícias (Oliveira et al., 2009). De acordo com Oliveira et al (2009) quando uma variável qualitativa possui mais de dois níveis é possível transformá-la em variáveis binárias por meio da criação de variáveis fictícias (Bussab et al., 1990). Sendo assim, os 39 descritores morfológicos referentes aos 156 acessos foram transformados em variáveis binárias por meio da criação de 236 variáveis fictícias. Utilizando o modelo de Harrison (1968), seja y' uma variável qualitativa, formada por um vetor de variáveis qualitativas nominais: $y' = (y_1, y_2, \dots, y_l)$, em que a i -ésima componente assume níveis, codificados de modo que $y_i = j$, com $j = 1, 2, \dots, l_i$. Ao transformar essa variável em uma variável binária, cada componente (critério qualitativo) contribuirá para a geração de l_i variáveis binárias $x_k(i)$ tal que:

$$x_k(i) = \begin{cases} 1 & \text{se } y_i = k \\ 0 & \text{caso contrário} \end{cases}$$

Assim o vetor y de dimensão, é transformado no vetor x de dimensão p formado apenas por componentes binários, e por consequência, y' se transforma em x' :

$$y' = (y_1, y_2, \dots, y_l) \rightarrow x' = (\underbrace{0, \dots, 1, \dots, 0}_{l_1}; \dots; \underbrace{0, \dots, 1, \dots, 0}_{l_i})$$

Os vetores de variáveis binárias permitem gerar uma tabela de dupla entrada. Essa tabela possibilita estimar o coeficiente de parecença entre dois acessos (Johnson & Wichern 2002; Oliveira et al., 2009). Condensando os valores binários em uma tabela de dupla entrada tem-se:

		Objeto 1 (o ₁)	
		1	0
Objeto 2 (o ₂)	1	a	b
	0		

0	c	d
---	---	---

Em que, a : representa o par (1,1), e corresponde ao total de concordâncias positivas ocorridas entre os dois objetos; b : representa o par (0,1), e corresponde ao total de discordâncias ocorridas entre o objeto um e o objeto dois, respectivamente; c : representa o par (1,0), e corresponde ao total de discordâncias ocorridas entre o objeto um e o objeto dois, respectivamente e d : representa o par (0,0), e corresponde ao total de concordâncias negativas ocorridas entre os dois objetos, (Dunn & Everitt, 1980; Oliveira et al., 2009; Meyer, 2010).

A partir dos valores gerados pela tabela de dupla entrada (a, b, c, d), estima-se o coeficiente de parecença. Vários coeficientes de parecença podem ser encontrados em Bussab et al. (1990) e Gower (1985). Aqui se fez opção por usar o coeficiente proposto por Harrison (1968). Tal opção baseia-se no fato de que alguns coeficientes não são aplicáveis quando suas variáveis geram uma indefinição matemática por conta de valores nulos. Por outro lado, coeficientes que levam em consideração o par (0,0) representado por d , na tabela de dupla entrada, podem ter o valor do coeficiente de parecença poluído (enviesado) devido ao elevado número de coincidências de zeros, já esperado por conta do tipo de transformação. Alguns coeficientes não seriam adequados para variáveis binárias oriundas de dados qualitativos de mais de dois níveis (Oliveira et al 2009).

Como o número de níveis de cada variável possui heterogeneidade (p.e. três níveis para cor de folha, três cores de flor etc.), no coeficiente de Harrison (s), cada variável é ponderada pelo número de níveis que possui atenuada pelo cálculo do seu logaritmo. O modelo matemático de Harrison é:

$$s(o_1, o_2) = \sum_{i=1}^l \frac{\ln l_i}{\sum_{i=1}^l \ln l_i} I(y_i(o_i), y_i(o_2)) = \sum_{i=1}^l w_i I(y_i(o_i), y_i(o_2)) \text{ com } w_i = \ln l_i / \sum_{i=1}^l \ln l_i$$

Em que a função I é indicadora de coincidência de níveis, isto é,

$$I(y_i(o_i), y_i(o_2)) = \begin{cases} 1 & \text{se } y_i(o_i) = y_i(o_2) \\ 0 & \text{se } y_i(o_i) \neq y_i(o_2) \end{cases}$$

A divergência genética entre os acessos foi determinada por técnicas multivariadas, que se baseiam na análise de agrupamento. De acordo Meyer (2002) a matriz de similaridade deve ser transformada em uma matriz de dissimilaridade, pois os métodos de análise de agrupamento utilizam a matriz de dissimilaridade. Sendo assim, a similaridade

(sg_{ij}) obtida a partir desses do modelo de Harrison foram transformadas em medidas de dissimilaridade (dg_{ij}) pela seguinte equação:

$$dg_{ij} = 1 - sg_{ij}$$

Os valores de dg_{ij} foram organizados em matrizes de dimensão 156 x156 (número de acessos), sendo que todas elas satisfazem às pressuposições para a transformação de similaridades em dissimilaridades descritas por Jonhson & Wichern (1988). O coeficiente de similaridade foi calculado utilizando- se o software Microsoft® Excel 2013 (MS-Excel). Esta transformação fez-se necessária para aplicar dos métodos de análise de agrupamento, os quais trabalham com a matriz de dissimilaridade.

3.4.2. Análises de agrupamento

A matriz de dissimilaridade foi utilizada para a análise de agrupamento dos acessos por meio dos seguintes métodos hierárquicos: Método da ligação média entre grupo (UPGMA); Método do vizinho mais distante (complete); Médias ponderadas de grupos pareados(WPGMA); Método do vizinho mais próximo (Single); Método de Ward(1963); Centroide não ponderada do par de grupos (UPGMC) e Centroide ponderada do par de grupos (WPGMC) (Cruz & Regazzi, 1997; Barroso & Artes, 2003; Cruz & Carneiro, 2003;2006a; Ferreira, 2008).

Por fim, foram obtidos sete dendrogramas resultantes da aplicação de sete métodos de agrupamento à matriz de dissimilaridade. Para avaliar a consistência dos sete agrupamentos, ou seja, verificar a capacidade do dendrograma em reproduzir as matrizes de dissimilaridade, calculou-se o coeficiente de correlação cofenética - CCC (Barroso & Artes, 2003; Cruz & Carneiro, 2003). O método de agrupamento que for considerado mais consistente, ou seja que apresentou o maior valor de CCC foi escolhido.

Pelo método da ligação média entre grupos não ponderado, mais conhecido como UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages), utiliza-se as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade, evitando assim, caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (mínimo e máximo) entre os acessos considerados (Silva ,2012).

Como regra geral, a construção do dendrograma é estabelecida pelos acessos de menor dissimilaridade. A distância entre um acesso k e um grupo, formado pelos acessos i e j, é dada por:

$$d_{(ij)k} = \text{média}(d_{ik}; d_{jk}) = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

ou seja, $d_{(ij)k}$ é dada pela média do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos (i e k) e (j e k).

3.4.3 Determinações do Número de Grupos

Para determinar o ponto de corte do dendrograma e definir o número de grupos foi usado o critério proposto por Mojena (1977), citado por Silva (2012) baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendrograma. A proposta é selecionar o número de grupos no passo j que, primeiramente, satisfizer a seguinte inequação:

$$\alpha_j > \theta_k$$

em que α_j é o valor de distância do nível de fusão correspondente aos passo j ($j=1, 2, \dots, g-1$), θ_k é o valor referencial de corte, dado por:

$$\theta_k = \bar{\alpha} + k\tilde{\sigma}_\alpha$$

onde: $\bar{\alpha}$ e $\tilde{\sigma}_\alpha$ são, respectivamente, a média e o desvio padrão dos valores de α ; k é uma constante cujo valor a ser adotado, conforme sugerido por Milligan e Cooper (1985), é de $k=1,25$ como regra de parada na definição do número de grupos.

Assim, tem-se que:

$$\bar{\alpha} = \frac{1}{g-1} \sum_{j=1}^{g-1} \alpha_j \text{ e } \tilde{\sigma}_\alpha = \sqrt{\frac{\sum_{j=1}^{g-1} \alpha_j^2 - \frac{1}{g-1} (\sum_{j=1}^{g-1} \alpha_j)^2}{g-2}}$$

3.4.4 Coeficientes de Correlação Cofenética

Depois de obtido o dendrograma, foi verificada a consistência do agrupamento utilizando o coeficiente de correlação cofenética, que é um coeficiente que quantifica a semelhança entre a matriz de distâncias do dendrograma (matriz cofenética) e a matriz de distâncias originais. O valor da correlação entre as duas matrizes foi testado pela aplicação do teste de aleatorização de Mantel (1967) com 1000 reamostragens, considerando o nível de 5% de significância (Silva, 2012).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA

4.1.1 Modelos de Harrison

Para os 39 descritores as variáveis fictícias variaram de dois a 38 níveis (Tabela 4). Descritores com dois e três níveis representaram 48,71 % dos descritores e 19,49% das variáveis fictícias. Por outro lado, 23,07% dos descritores, de oito níveis acima, representaram 56,35% das variáveis fictícias.

Tabela 4 . Os 39 descritores morfológicos avaliados com seus respectivos níveis de variáveis fictícias (N VF) e Frequência de similaridade Wi (%) obtidos pelo algoritmo de Harrison.

Descritores morfológicos	NFV	Wi (%)
Presença de antocianina nos cotilédones (PACO)	2	1,21
Presença de antocianina no hipocótilo (PAH)	2	1,21
Senescênci a da folha primaria (SF)	2	1,21
Rugosidade da folha (RFV)	2	1,21
Presença de antocianina no caule (PAC)	2	1,21
Cor do caule principal (PCP)	2	1,21
Cor da vagem (uniformidade) (UCV)	2	1,21
Forma do dente apical da vagem (FDA)	2	1,21
Posição do dente apical da vagem (PDA)	2	1,21
Cor (uniformidade) (UCS)	2	1,21
Presença de venação (VN)	2	1,21
Cor da flor (CFL)	3	1,91
Cor do folíolo central (CFO)	3	1,91
Forma da Folha (FRF)	3	1,91
Perfil da vagem (PV)	3	1,91

Tabela 4. (Continuação)

Descritores morfológicos	NFV	W _i (%)
Orientação do ápice da vagem (OA)	3	1,91
Forma da cor secundária das sementes (FCSS)	3	1,91
Brilho da semente (BR)	3	1,91
Grau de achatamento (PVS)	3	1,91
Cor primária da vagem (CPV)	4	2,41
Forma da cor secundária da vagem (FCSV)	4	2,41
Cor secundária da vagem (CSV)	5	2,80
Forma da semente (FORS)	5	2,80
Número total de sementes estéreis (SES)	5	2,80
Tamanho de sementes (TMS)	5	2,80
Peso de 100 sementes (P100)	5	2,80
Número total de vagens (NV),	6	3,12
Cor secundária das sementes (CSS)	6	3,12
Número total de sementes normais (ST)	6	3,12
Peso total de sementes (PT)	6	3,12
Cor do halo (CH)	8	3,62
Cor principal da semente(CPS)	9	3,82
Grupo comercial (CG)	10	4,00
Dias para floração inicial (FI)	11	4,17
Cor da vagem na maturação (CVDM)	11	4,17
Número de vagens estéreis (VES)	11	4,17
Início da colheita (INC)	14	4,59
Intervalo de florescimento (INF)	21	5,30
Intervalo de Colheita (IDE)	38	6,33

Observou-se que 29 acessos apresentaram variáveis fictícias de característica privada, ou seja, o aparecimento da característica em apenas um acesso, correspondendo a 18,58% dos acessos proporcionado por dezessete descritores em 37 variáveis fictícias. Tal fato ocorreu nos seguintes acessos: 2, 13, 29, 39, 41, 45, 54, 58, 83, 87, 93, 95, 96, 99, 103, 112, 114, 115, 120, 122, 125, 131, 136, 141, 148, 151 e 156.

Características raras, aparecimento da característica em até cinco acessos, foram observadas em 82,69 % dos acessos, geradas por dezenove descritores em 91 variáveis fictícias. As características comuns, aparecimento da característica em mais de 30% dos acessos, foram observadas em 96,74% dos acessos, compreendendo 36 descritores em 45 variáveis fictícias.

As ocorrências de variáveis fictícias variaram de um a 151 (0,64% a 96,79%, respectivamente). As variáveis mais comuns foram referentes aos descritores morfológicos ausência de pigmentação do caule e folhas lisas, com 96,79% dos acessos possuindo esta característica. Quanto a variáveis fictícias de característica privada, constatou-se a presença em 28 acessos. Sendo que destes, 22 acessos possuem apenas uma variável privada, três acessos com duas e por fim, três acessos com três, totalizando 37 variáveis fictícias de natureza privada.

Aplicando-se o modelo de Harrison foi possível obter as frequências de similaridade (W_i). As frequências de similaridade (W_i) encontradas nos descritores morfológicos variam de 1,21% para descritores de dois níveis, ou seja, com duas variáveis fictícias a 6,33% para descritores de trinta e oito níveis, com trinta e oito variáveis fictícias (Tabela 5). Esta análise mostrou que descritores com muitos níveis contribuem com maior frequência relativa para a similaridade no caso de coincidência entre dois acessos.

Não foram encontrados acessos redundantes, ou seja, que apresentasse valor de similaridade igual a 1,00 (100%). Este fato evidencia a existência de divergência genética entre os acessos, é importante para os programas de melhoramento genético, pois indica que estes podem ser utilizados como fontes de variabilidade para a cultivares modernas, ou até mesmo serem utilizados em hibridações e obtenção de populações segregantes.

Altas similaridades foram observadas entre o par de acessos 86 x 103 (0,84) Figura 3, os quais se diferiram em apenas três variáveis fictícias, correspondendo a três descritores morfológicos. Os acessos 97 x 45, 89 x 79, 67 x 103, 46 x 97, apresentaram similaridade de 0,80 (Figura 4). Sendo assim, valores altos do coeficiente de similaridade indicam que estes acessos podem possuir algum parentesco, devido a utilização de algum genitor em comum.



Figura 3 Acessos com o maior coeficiente de similaridade 0,84 obtido pela matriz de similaridade de Harisson foi observada entre o par de acessos 86 x 103 (0,84).

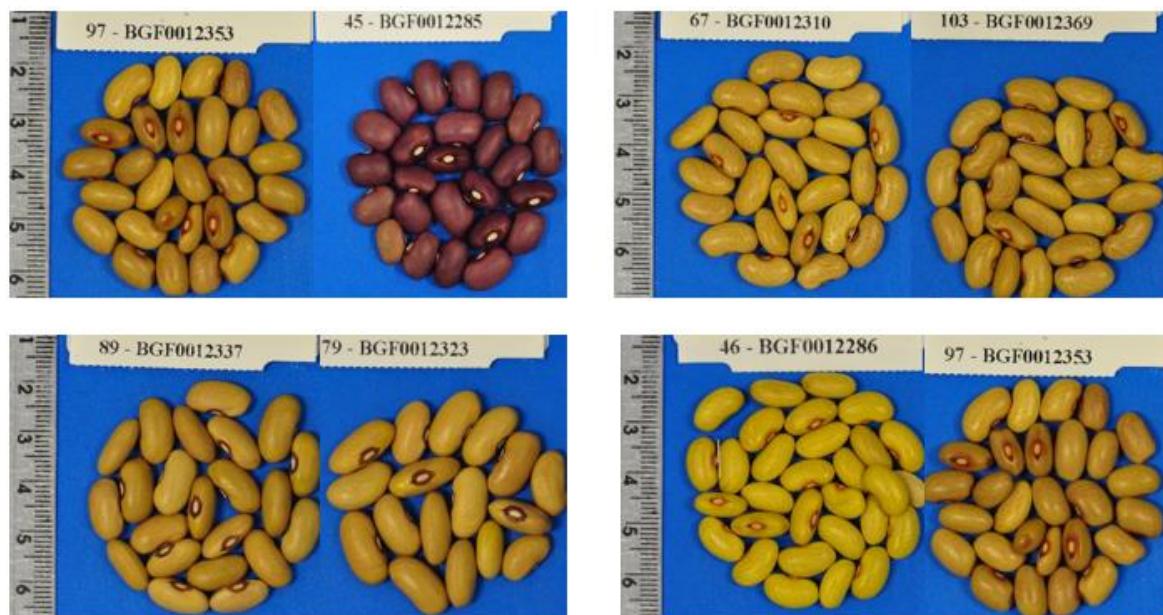


Figura 4 Acessos com coeficiente de similaridade de 0,80, segundo a matriz de similaridade.

Por outro lado, a maior divergência foi observada no acesso 152, variando de 0,11 a 0,52 de similaridade (Figura 5). Os acessos 101 x 145 e 120 x 152 apresentaram o menor valor de similaridades 0,11 entre acessos, seguidos pelo par de acessos 47 x 120 com similaridade igual a 0,13. Os acessos que apresentaram as menores similaridades são os mais divergentes e estes podem ser selecionados para futuros cruzamentos, pois podem ser utilizados como fonte de alelos, contribuindo para o aumento da variabilidade genética das futuras cultivares.



Figura 5 Acesso mais divergente apresentando o menor coeficiente de similaridade, variando de 0,11 a 0,52 de similaridade, segundo a matriz.

Dessa forma, pode-se selecionar os indivíduos mais divergentes dentro de cada grupo de cores, pois maior será a probabilidade de se encontrar alelos de interesse. Segundo Crestanii et al., (2008) o conhecimento da diversidade genética também permite a escolha do genótipo adequado e dos métodos de seleção a serem utilizados, em função dos recursos disponíveis e da distância genética entre os genótipos a serem recombinados, de acordo com os objetivos do programa de melhoramento, pois estes podem ser utilizados em programas de melhoramento como verdadeiras fontes de variabilidade.

Em relação ao grau de similaridade entre os acessos, observou-se que a distância mínima por acesso variou de 0,11 a 0,28 e máxima de 0,50 a 0,84 com medias de 0,19 e 0,68, respectivamente, como é possível observar na Figura 6. A grande variação nos valores observados mostra que o modelo de Harrison foi eficiente para detectar o nível de parecença entre acessos sendo uma ferramenta de decisão e definição para a identificação de genótipos similares, bem como seleção de acessos divergentes.

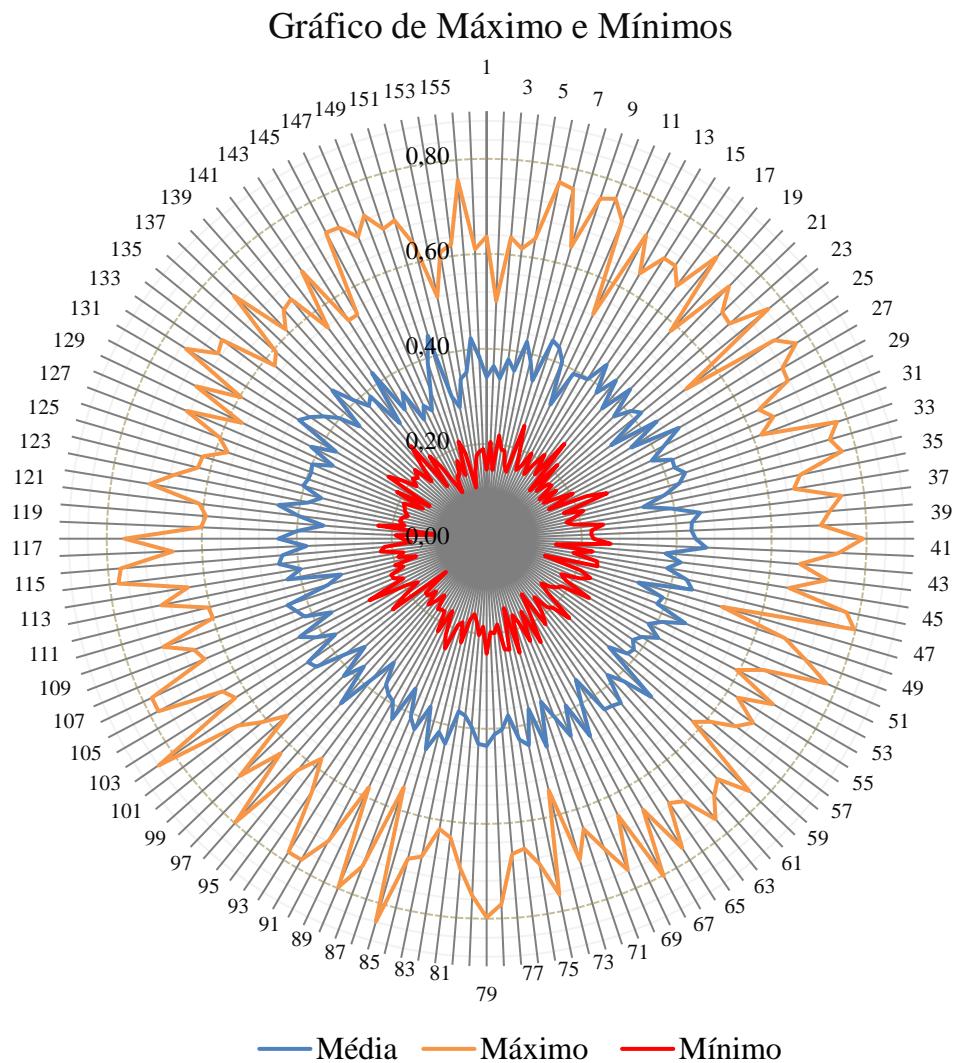


Figura 6 Distâncias de similaridade máximas, mínimas e médias, por acesso obtidas da matriz de similaridade pelo modelo Harisson dos 156 acessos de feijoeiro comum.

As frequências de distâncias máxima e mínima de similaridade, entre os acessos, foram acima dos valores médios (Figura 6). Em relação a distância média máxima, 82 acessos apresentaram valores acima da distância média máxima que foi de 0,68. A distância média mínima foi de 0,19, oitenta acessos ficaram abaixo. A distância média geral entre os acessos foi de 0,40. Os dos acessos que ficaram acima da distância média máxima são os mais similares entre si. Este fato evidencia que estes são os menos divergentes, podendo apresentar alelos em comum. Em relação a distância média mínima os acessos que ficaram abaixo, significa que apresentaram a menores similaridades, por tanto são os acessos mais divergentes. Os resultados obtidos permitem identificar os acessos com maior e menor

similaridade. Ambas são importantes dependendo dos objetivos e das metodologias empregadas no melhoramento genético.

4.1.2 Análise de agrupamento

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) variou de 0,37 a 0,75 para os diferentes métodos (Tabela 5), o método de agrupamento UPGMA apresenta o maior valor do coeficiente de correlação cofenética (CCC), representando com maior eficiência a matriz de dissimilaridade. De acordo com Cargnelutti filho et al. (2010), verificou que o método UPGMA apresenta maior consistência do padrão de agrupamento quando avalia agrupamento de cultivares de feijão, obtidos a partir da matriz de dissimilaridade.

Tabela 5 Métodos de agrupamento com os respectivos valores dos coeficientes de correlação cofenética (CCC) e p-valor pelo teste Mantel.

Método de Agrupamento	CCC	p-value
Método da ligação média entre grupo (UPGMA)	0,75	<0,001
Método do vizinho mais distante (complete)	0,66	<0,001
Médias ponderadas de grupos pareados(WPGMA)	0,64	<0,001
Método do vizinho mais próximo (Single)	0,59	<0,001
Método de Ward	0,54	<0,001
Centroide não ponderada do par de grupos (UPGMC)	0,39	<0,001
Centroide ponderada do par de grupos (WPGMC)	0,37	<0,001

Segundo Rocha et al., (2010) a melhor adequação dos dados, quando se utiliza o método UPGMA, pode ser explicada pelo fato de que este método se baseia nas médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, enquanto o método do Vizinho Mais Próximo considera o menor valor entre dois acessos e o Ward, por sua vez, considera a menor soma de quadrados em cada etapa do processo de formação dos grupos.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) do método UPGMA baseado na distância de similaridade de Harrison foi de 0,75, indicando boa representação das distâncias no dendrograma. Esse valor foi significativo pelo teste de Mantel ($P < 0,001$) baseado em 1000 reamostragens. Sendo assim, o método de agrupamento UPGMA foi utilizado por ser o que melhor representa a matriz de dissimilaridade.

Foi construído um dendrograma, a partir das medidas de dissimilaridade. Seguindo o recomendado pelo método UPGMA, considerou-se inicialmente os 156 acessos, que foram então agrupadas de forma sucessiva, baseando-se em sua proximidade. Foram formados assim, pares de indivíduos mais próximos. A cada grupo formado foi necessário reconstruir a matriz de dissimilaridade, definindo a distância entre o novo grupo com cada um dos demais, usando para tanto a média entre os valores individuais de dissimilaridade dos indivíduos de um dos grupos com cada um dos outros grupos. Esse processo se repetiu até a reunião de todos os indivíduos em um único grupo.

Os passos dos agrupamentos foram então representados graficamente no dendrograma, sob a forma de diagramas de árvore nos quais o eixo das ordenadas representa os níveis em que os indivíduos foram agrupados e o eixo das abcissas representa os indivíduos. O dendrograma foi construído usando o programa computacional R estatístico (R Core Team, 2016), portanto cada acesso foi considerado um indivíduo.

De acordo com o ponto de corte estabelecido pelo método de Mojena (1977) com $k = 1,25$ (Milligan & Cooper, 1985) foi possível identificar um ponto de corte no dendrograma (Figura 2) na distância de 1,61, valor do critério θ_k que corresponde a 64,4% da distância máxima observada nos níveis de fusão.

Dessa forma, o dendrograma (Figura 7) obtido pelo agrupamento de UPGMA, com base na matriz de dissimilaridade obtidas pelo modelo de Harrison, alocou os acessos em 17 grupos distintos, com número de acessos variando de 43 à um acesso por grupo. Quatro grupos foram formados por apenas um indivíduo, que, não obstante, apresenta bastante dissimilaridade em relação a vários outros acessos. O método de Harrison foi eficiente na discriminação dos grupos, demonstrando que a análise simultânea de dados qualitativos e quantitativos é viável e apresenta eficiência no conhecimento da divergência entre acessos de coleções de germoplasma.

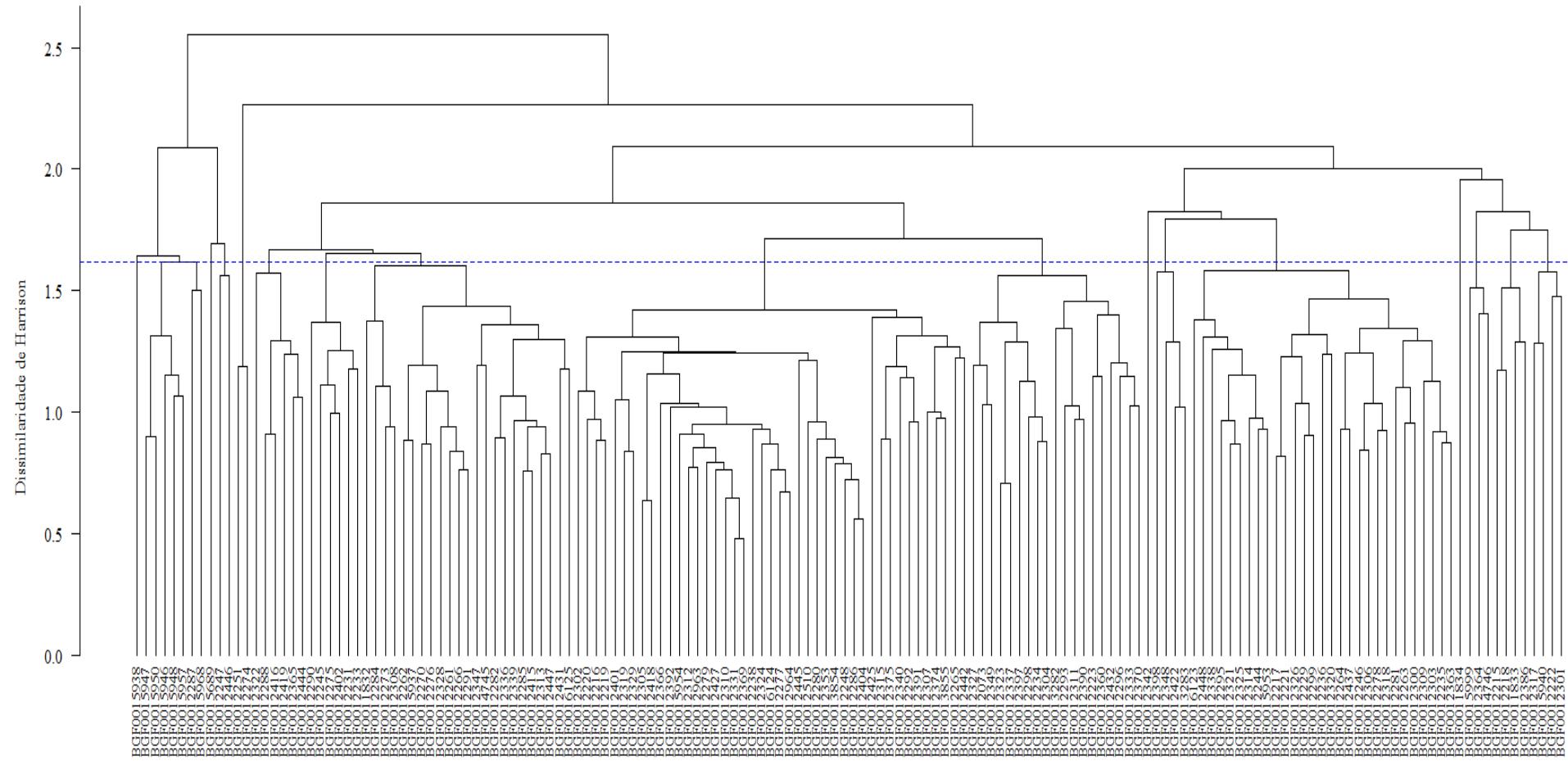


Figura 7 Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 156 acessos crioulos de feijoeiro comum coletados no Estado de Goiás, obtido pelo método UPGMA com base na matriz de dissimilaridade obtida pelo modelo de Harrison, utilizando-se 39 descritores morfoagronômicos

Observando-se o dendrograma obtido pela análise de agrupamento (Figura 7) com a partição em dezessete grupos, verificou-se que quatro grupos reuniram o maior número de acessos em relação aos outros. De acordo com a Tabela 6 é possível notar que o Grupo IX foi o maior dentre os agrupamentos, com 43 acessos, correspondendo a 27,56% do número total. Seguido pelo Grupo XIII com 29 acessos, correspondendo a 18,59 % do total de acessos, o Grupo VIII com 23 acessos, 14,74% do total de acessos e o Grupo X com o quarto maior número de acessos, totalizando 19 acessos, ou seja, 12,18% do total de acessos.

Nos dezessete agrupamentos formados, observou-se quatro grupos com apenas um acesso. Os acessos 143, 141, 93 e 3 ficaram isolados nos grupos I, III, XI e XIV (Tabela 6), respectivamente. Bertan *et al.* (2006) constataram fato semelhante ao estudarem métodos de agrupamento para representar a distância morfológica entre acessos de trigo, verificando-se que o método UPGMA apresentou resultados similares quanto aos genótipos mais divergentes, ou seja, alguns acessos não formaram agrupamentos. Silva (2012) também encontrou resultados semelhantes no estudo de divergência genética em acessos de alho, utilizando o método de agrupamento UPGMA. Por outro lado, observou-se que os quatro acessos, estudados aqui neste trabalho, apresentaram valores elevados em relação ao coeficiente de dissimilaridade. Tais valores foram 0,82 (Grupo 1), 0,86 (Grupo 3), 0,82 (Grupo 11) e 0,85 (Grupo 14) indicando alta divergência genética.

Tabela 6 Números de acessos por agrupamento(NAG), frequência de acessos por agrupamento (%) e acessos por agrupamento formado. Obtidos pelo método de agrupamento de UPGMA com base no algoritmo de Harrison utilizando-se 39 descritores morfoagronômicos.

Agrupamento	NAG	Frequência (%)	Acessos								
			143	145	146	147	148	151	152		
I	1	0,64									
II	7	4,49	47	145	146	147	148	151	152		
III	1	0,64	141								
IV	2	1,28	24	129							
V	2	1,28	26	35							
VI	6	3,85	48	78	101	117	119	127			
VII	6	3,85	15	16	22	36	49	114			
VIII	12	7,69	1	27	28	32	33	34	37	43	44
	11	7,05	70	84	88	91	94	116	123	130	139
			6	9	10	20	25	31	38	40	41
											46
IX	43	27,56	51	59	62	64	67	69	72	75	80
			86	92	97	102	103	105	106	109	110
			115	118	121	122	126	128	132	133	134
X	19	12,18	4	13	17	52	54	55	61	68	79
			87	89	96	98	104	108	111	124	135
XI	1	0,64	93								
XII	4	2,56	95	112	120	136					
			7	11	14	18	19	21	23	29	30
XIII	29	18,59	42	53	56	57	60	63	66	71	74
			77	81	82	90	99	125	131	149	154
XIV	1	0,64	3								
XV	3	1,92	100	140	153						
XVI	4	2,56	2	5	6	107					
XVII	4	2,56	12	58	73	144					

De acordo com a análise de agrupamento pode-se verificar que vários acessos com a mesmo nome foram agrupados em grupos diferentes. Este fato pode ser explicado pelo motivo destes acessos apresentarem menos descritores morfológicos em comum, ou seja, se diferem em vários outros atributos. Como por exemplo, os acessos com denominações Roxinho, de números de entrada BGF0012231 e BGF0016125 ficaram em grupos distintos, VII e VIII, respectivamente, e os acessos com denominação e Amarelinho, BGF0012416 e BGF0016124, nos grupos VI e IX.

Em outros casos, acessos com os mesmos nomes foram classificados no mesmo grupo, como por exemplo os acessos com denominação Banha de Galinha, BGF0012277 e BGF0012510, foram classificados no mesmo grupo (XLIII) e os nove acessos com denominação de feijão preto que foram classificados no mesmo grupo (XIII). Fonseca & Silva (1997, 1999) constataram fato semelhante ao estudarem cultivares locais com as denominações de Chumbinho, Taquara e Mamoninha, em 1997, e Amendoin e Chita Fina, em 1999. Rodrigues et al (2002) também constataram resultados semelhantes ao estudar a divergência genética de cultivares locais de feijoeiro-comum provenientes do Rio Grande do Sul. Desta forma evidencia-se a necessidade de caracterizar cada um dos acessos que chegam a determinado programa de conservação de germoplasma, visto que a simples denominação é uma informação pouco confiável.

De acordo com a análise de agrupamento foi possível observar que a maioria dos acessos foram agrupados de acordo com o seu grupo comercial. Desta forma, em um total de 32 acessos pertencentes ao grupo comercial roxo, dezenove foram dispostos dentro do mesmo grupo, o Grupo 8. Em relação ao grupo de feijão amarelo 35 acessos foram agrupados no Grupo 9, de um total de 38 acessos. Outra constatação foi que dos 34 acessos do grupo comercial preto, 29 foram dispostos dentro do mesmo grupo, o Grupo 13. Este fato evidencia um possível grau de similaridade genética entre estes acessos. Esta similaridade pode ser devida a algum ancestral em comum, podendo ter ocorrido misturas varietal entre as cultivares “modernas” e as crioulas. Estes fatos podem ser responsáveis pela maior similaridade genética dentro dos grupos.

A primeira cultivar do grupo preto lançada no Brasil foi a Rico 23 em 1959 pela Universidade Federal de Viçosa em Minas Gerais. As cultivares antigas lançadas na década 60 são: Preto G, Cuva 168 N e Costa Rica. Na década de 70 são Rio Tibagi, Iguaçu, Tambo, Maquin, Turrialba, Quateian 6662, Venezuela 350, Moruna, Mineiro precoce e Irai (Voystest, 2000). Deve ser citada a origem comum de Rio Tibagi e Guateian 6662, que foram

introduzidas a partir do Instituto Interamericano de Ciências Agrícolas (IICA), da Costa Rica, e chegaram à Região Sul do Brasil, através do Ministério da Agricultura, no fim da década de 60. A cultivar Rio Tibagi, em particular, foi muito utilizada em cruzamentos, não só no Brasil, mas também no CIAT, estando presente na genealogia de inúmeras cultivares. (Rodrigues et al, 2002). Considerando que 88,2 % dos acessos do grupo preto foram coletados em 1981 é bem provável que uma destas cultivares possa ter contribuído de alguma forma como fontes de alelos para estes acessos.

Alguns acessos mesmo pertencendo ao mesmo grupo comercial foram agrupados em grupos diferentes, ou seja, não foram agrupados com a maioria. É o caso do acesso 93, que pertence ao grupo comercial de feijão preto e não foi agrupado com nenhum acesso, formando o agrupamento XI. Indicando que este acesso apresenta uma maior divergência genética em relação aos acessos do agrupamento XIII.

Os acessos mais divergentes dentro do mesmo agrupamento ou pertencentes ao mesmo grupo são importantes em trabalhos em que o cruzamento objetiva a recombinação das características dos genitores, pelo possível aporte de novas combinações gênicas que estes podem proporcionar. Portanto, além de prover maior segregação em um programa de melhoramento, aumentando a possibilidade de selecionar indivíduos superiores nas populações segregantes. Exemplo disso é o caso do acesso 93, que pertence ao grupo comercial de feijão preto e não foi agrupado com nenhum acesso do seu grupo comercial, formando o agrupamento XI. Este fato indicando que este acesso apresenta uma maior divergência genética em relação aos acessos do grupo preto. Certamente, o cruzamento entre estes genótipos não levaria a nenhum estreitamento da base genética, pois estes genótipos são bem divergentes em relação aos demais materiais.

De acordo com a análise de agrupamento e a matriz de similaridade do modelo de Harrison, observou-se que existem acessos com maior e menor similaridade dentro dos grupos. De acordo com Crestanii et al.,(2008) a presença de alta similaridade encontrada dentro de cada grupo quando utilizada em conjunto com características morfológicas e adaptativas dos acessos, pode ser importante para trabalhos de melhoramento que objetivem a transferência de uma ou de poucas características, para um genótipo cultivado, por meio de retrocruzamento. No entanto, pode atuar como fator limitante para trabalhos de melhoramento de feijão visando a recombinação de características dos genitores.

4.1.2.1 Perfis dos agrupamentos formados

Grupo 1

O agrupamento um foi formado por apenas um acesso com as seguintes características: Ausência de antocianina no cotilédone e hipocótilo; flor de cor branca; dias para floração inicial variando de 35 a 38 dias; intervalo de florescimento de 17 dias; folha de coloração verde; não apresenta senescência da folha primária; folhas rugosas; ausência de antocianina do caule; folhas de forma longamente acuminada; ausência de pigmentação no caule; vagem de coloração amarela com estrias vermelhas durante a maturação; uniformidade da cor da vagem; vagem de perfil arqueado; forma do dente apical da vagem de arqueado; posição do dente apical não-marginal; vagem de coloração primaria amarela; vagem de coloração secundaria roxa em forma de estrias; orientação do ápice para baixo (no sentido ventral); número de vagens variando de 42 a 61; apresentando somente uma vagem estéril; sementes de coloração uniforme; sementes com coloração primaria beige; coloração secundária da semente roxa em forma de estrias; halo amarelo; sementes opacas; não apresenta venação; pertence ao grupo comercial de feijão rajado; sementes de forma esféricas; sementes de perfil achatada; número total de sementes variando de 195 a 297; numero de sementes estéril variando de 2 a 10; peso total de sementes variando de 64 a 82 gramas; sementes de tamanho mediano; massa de 100 sementes; colheita aos 76 dias.

Grupo 2

O grupo dois foi formado por sete acessos que apresentam as seguintes características em comum: Ausência de antocianina no cotilédone, hipocótilo e caule; folhas rugosas, folhas de forma longamente Acuminada; flores de cor rosa; ausência de pigmentação do caule principal; não apresenta senescência da folha primária, vagens de cor secundária roxa; forma da cor secundária da vagem em estrias; não apresenta senescência da folha primária; venação ausente. Quanto ao grupo comercial todos acessos pertencem ao grupo alaranjado.

Grupo 3

Este agrupamento foi formado por apenas um acesso que apresentou as seguintes características: Ausência de antocianina no cotilédone e hipocótilo; flor de cor rosa; dias para floração inicial variando de 56 a 59 dias; Intervalo de florescimento de doze dias; folha de coloração verde; não apresenta senescência da folha primária; folhas rugosas; ausência de antocianina do caule; folhas de forma bruscamente acuminada; ausência de pigmentação no caule; vagem de coloração amarela durante a maturação; uniformidade da cor da vagem; vagem de perfil arqueado; dente apical da vagem do formato reto; posição do dente apical não-marginal; vagem de coloração primaria amarela; vagem de coloração secundaria roxa em forma de manchas; orientação do ápice para baixo (no sentido ventral); Número de vagens variando de dois a 42; apresentando três vagens estéreis; sementes de coloração uniforme; sementes com coloração primaria bege; coloração secundária da semente preta em forma de estrias; halo marrom; sementes opacas; não apresenta venação; pertence ao grupo comercial de feijão carioca; sementes de forma oblonga/reniforme curta; sementes de perfil semi-achatadas; número total de sementes variando de 9 a 102; numero de sementes estéril variando de dois a dez; peso total de sementes variando de cinco a 25 gramas; sementes muito pequenas; peso total de 100 sementes; colheita aos 74 dias.

Grupo 4

O grupo quatro foi formado por dois acessos que apresentam as seguintes características em comum: Ausência de antocianina no cotilédone e hipocótilo; flor de cor branca; não apresenta senescência da folha primária; folhas rugosas; ausência de antocianina do caule; folha de forma bruscamente acuminada; ausência de pigmentação do caule principal; vagem de coloração verde durante a maturação; uniformidade da cor da vagem; vagens de coloração primaria amarela; orientação do ápice para baixo (no sentido ventral); número de vagens variando de dois a 22 vagens; sementes de coloração uniforme; sementes de cor primária bege; presença de venação; sementes de perfil cheio; colheita iniciando aos 81 dias. Quanto ao grupo comercial: 50 % dos acessos são do grupo mulatinho e 50 % do grupo carioca.

Grupo 5

O grupo quatro foi formado por dois acessos que apresentam as seguintes características em comum: Ausência de antocianina no cotilédone e hipocótilo; flor de cor branca; dias para floração inicial variando de 39 a 41 dias; apresenta senescência da folha primária; folhas rugosas; ausência de antocianina do caule; folhas de forma bruscamente acuminada; pigmentação do caule principal ausente; vagens de cor da verde durante a maturação; vagens de coloração uniforme; vagens com coloração primaria amarela; orientação do ápice para baixo (no sentido ventral); numero de vagens variando de dois a 22 vagens; sementes de coloração uniforme; sementes de coloração primaria roxa; ausência de cor secundária da semente; halo de cor vinho; sementes de forma elíptica; sementes classificadas como muito pequenas. Quanto ao grupo comercial todos os acessos pertencem ao grupo comercial de feijão roxo.

Grupo 6

O grupo quatro foi formado por seis acessos que apresentam as seguintes características em comum: Ausência de antocianina no cotilédone e hipocótilo; apresenta senescência da folha primária; flores brancas; folhas rugosas; ausência de antocianina do caule; vagens de cor da verde durante a maturação; vagens de coloração uniforme; ausência de cor secundária da vagem; ausência de cor secundária da semente; colheita com início aos 81 dias. Quanto ao grupo comercial 16,66 % dos acessos pertencem ao grupo mulatinho; 16,66% pertencem ao grupo rosinha, 16,66% do grupo marrom, 16,66% ao grupo amarelo e 33,33% ao grupo de feijão roxo.

Grupo 7

O grupo quatro foi formado por seis acessos que apresentam as seguintes características em comum: Ausência de antocianina no cotilédone e hipocótilo; flores brancas; folhas rugosas; folhas de forma bruscamente acuminada; ausência de pigmentação do caule principal; vagem de coloração primaria amarela; sementes de coloração primaria roxa; ausência de cor secundária da semente; sementes opacas; sementes de forma elíptica; sementes classificadas como muito pequenas. Todos os acessos deste grupo pertencem ao grupo comercial de feijão roxo.

Grupo 8

O grupo oito foi formado por 23 genótipos que apresentam as seguintes características em comum: Ausência de antocianina no cotilédone, flor da coloração branca, ausência de pigmentação do caule principal na maturação, cor secundaria da semente ausente, sementes pequenas; 95,65% dos acessos possuem folhas rugosas e uniformidade da cor de vagem; 86,95% sementes de coloração uniforme, sementes de coloração primária roxa, halo de cor vinho e sementes de forma elíptica, 82,60% sementes opacas ,82,6 % pertencentes ao grupo comercial de feijão roxo, 13,04% pertencem ao grupo de feijão rosinha e 4,34 % de feijão rajado.

Grupo 9

O grupo nove foi formado por 43 acessos que apresentam as seguintes características em comum: Ausência de antocianina no cotilédone e hipocôtilo; ausência de pigmentação do caule principal na maturação; ausência de cor secundaria da semente. 97,67% dos acessos do grupo possuem folha da cor verde e uniformidade de coloração de vagem; 95,35% possuem flor da coloração branca, folha rugosa, ausência de antocianina no caule, uniformidade da cor da semente e presença de venação. 93,02% ausência da cor secundária, 90,70% possuem orientação do ápice para cima (no sentido dorsal), sementes pequenas. 79,07% dos acessos possuem coloração do halo alaranjado, 62,79% cor primária da semente amarela. Quanto ao grupo comercial 67,44% dos acessos pertencem ao grupo amarelo, 9,3 % grupo mulatinho, 9,3 % grupo marrom, 6,9% grupo rosinha, 4,6% do grupo preto e 2,3% do grupo carioca.

Grupo 10

O grupo dez foi formado por 19 genótipos que apresentam 100 % das seguintes características em comum: Ausência de antocianina no cotilédone, hipocôtilo, ausência de cor secundária da vagem e da semente; 94,74 % ausência de antocianina no cotilédone, folha rugosa, ausência de antocianina do caule, uniformidade de coloração da vagem; 89,47% apresenta número de semente estéreis variando de duas a dez sementes; 84,21 % são sementes opacas; 78,95 % apresentam venação e possuem perfil de semente cheio; 73,68%

folha de forma longamente acuminada; 36,84% cor primaria da sementes amarela; 31,58 % possuem cor primaria da sementes bege; 10,53% semente de coloração primaria roxa ou marrom; 5,26 % dos acessos com semente de coloração primaria rosa ou branco. Quanto ao grupo comercial os indivíduos do grupo foram classificados em: 31,4 % do grupo jalo, 26,31% do grupo mulatinho, 21,05% do grupo amarelo, 15,78 % do grupo marrom e 5,2 % do grupo preto.

Grupo 11

O agrupamento foi formato por apenas um acesso que apresentou as seguintes características: Presença de antocianina no cotilédone e hipocótilo; flor de cor violeta; dias para floração inicial variando de 35 a 38 dias; intervalo de florescimento: doze dias; folha de coloração verde claro; não apresenta senescência da folha primária; folha rugosa; ausência de antocianina no caule durante a maturação; folhas de forma longamente acuminada; ausência de pigmentação do caule principal; vagem de coloração roxa durante a maturação; uniformidade da cor da vagem; vagem de perfil recurvado; dente apical da vagem do formato arqueado; posição do dente apical marginal; vagem de coloração primaria roxa; vagem de coloração secundaria marrom em forma de manchas, estrias, manchas e pontuações; orientação do ápice para cima (no sentido dorsal); número de vagens variando de 42 a 61; apresentando uma vagens estéreis; Sementes de coloração uniforme; sementes com coloração primaria preta; ausência de cor secundária da semente; halo preto; semente brilhante; venação ausente; pertence ao grupo comercial de feijão preto; sementes de forma elíptica, semente de perfil achatado; número total de sementes variando de 195 a 287; numero de sementes estéril variando de dois a 10; Peso total de sementes variando de 26 a 44 gramas; sementes pequenas; peso total de cem sementes; colheita aos 75 dias.

Grupo 12

O grupo doze foi formado por quatro acessos que apresentam as seguintes características em comum: Presença de antocianina no cotilédone, flor da coloração branca; folhas de coloração verde; folhas rugosas; ausência de pigmentação do caule; vagem de coloração verde durante a maturação; ausência de senescência da folha primaria; vagens de coloração uniforme; vagens de coloração primaria marrom ;posição do dente apical de

posição marginal; sementes de coloração uniforme; sementes de coloração primaria preta; ausência de cor secundária; halo de coloração preta; sementes opacas; pertencem ao grupo comercial de feijão preto.

Grupo 13

O grupo treze foi formado por 29 genótipos que apresentam as seguintes características em comum: Ausência de antocianina no cotilédone; folha rugosa; ausência de cor secundária da semente; halo de coloração preta; 96,55% dos acessos do grupo possuem ausência de antocianina no hipocôtilo; vagens de coloração uniforme; uniformidade de coloração de sementes; 93,10% com folhas verdes; pigmentação do caule principal na maturação ausente; 89,66% com ausência de venação; cor primaria da semente preta. Quanto ao grupo comercial 89,6% pertencem ao grupo comercial preto, 6,8 % de feijão roxo e 3,44 % de feijão pertencentes ao grupo comercial de feijão amarelo.

Grupo 14

O agrupamento foi formato por apenas um acesso que apresentou as seguintes características: Presença de antocianina no cotilédone e hipocôtilo; flor de cor branca; dias para floração inicial variando de 35 a 38 dias; intervalo de florescimento: 14 dias; folha de coloração verde; não apresenta senescênciada folha primária; folha rugosa; presença de antocianina no caule durante a maturação; folhas de forma longamente acuminada; ausência de pigmentação do caule principal; vagem de coloração amarelas com estrias vermelhas durante a maturação; uniformidade da cor da vagem; vagem de perfil recurvado; dente apical da vagem do formato arqueado; posição do dente apical marginal; uniformidade da cor da vagem; vagem de perfil reto; dente apical da vagem do formato arqueado; posição do dente apical não-marginal; vagem de coloração primaria amarela; vagem de coloração secundaria roxa em forma de estrias; orientação do ápice para cima (no sentido dorsal); número de vagens variando de 02 a 22; apresentando duas vagens estéreis; sementes de coloração uniforme; sementes com coloração primaria bege; semente de coloração secundária marrom em forma de estrias; halo amarelo; semente brilhante; venação ausente; pertence ao grupo comercial de feijão carioca; sementes de forma elíptica, semente de perfil cheia; número total de sementes variando de 103 a 194; numero de sementes estéril variando de 2 a 10;

peso total de sementes variando de 26 a 44 gramas; sementes pequenas; peso total de 100 sementes:2; colheita aos 74 dias.

Grupo 15

O grupo quinze foi formado por três acessos que apresentam as seguintes características em comum: ausência de antocianina no cotilédone e hipocótilo; flor da coloração branca; folhas de coloração verde; ausência de pigmentação do caule; ausência de senescência da folha primária; ausência de antocianina no caule; vagens de coloração verde durante a maturação; vagens de coloração uniforme; dente apical com formato arqueado; ausência de cor secundária da vagem; orientação do ápice para cima (no sentido dorsal); sementes de coloração uniforme; sementes opacas; vagem com cor primária amarela; ausência de cor secundária da vagem; 66,6 % dos acessos com sementes de cor primária bege e 33,3% dos acessos com sementes de cor primária marrom; 66,6 % cor secundária da semente marrom e 33,3% com ausência de cor secundária da semente; 66,6 % dos acessos com sementes com formar da cor secundária em estrias. Quanto ao grupo comercial um acesso pertence ao grupo amarelo, um ao grupo rosinha e um ao grupo carioca.

Grupo 16

O grupo dezesseis foi formado por quatro acessos que apresentam as seguintes características em comum: ausência de antocianina no cotilédone e hipocótilo; flor da coloração branca; folhas de coloração verde; ausência de pigmentação do caule; dias para floração inicial variando de 35 a 38 dias; dente apical da vagem de forma arqueada; sementes de coloração uniforme; ausência de cor secundária da semente; Início de colheita aos 74 dias. Quando ao grupo comercial os acessos foram classificados em 50% do grupo amarelo; 25 % do grupo marrom e 25 % classificado em outros, pois este não se encaixa em nenhum grupo comercial.

Grupo 17

O grupo dezessete foi formado por 4 acessos que apresentaram as seguintes características em comum: ausência de antocianina no cotilédone e presença de antocianina

no hipocôtilo; flor de coloração violeta; folhas rugosas; ausência de antocianina no caule; pigmentação do caule principal ausente; dente apical da vagem de forma arqueada; vagem de coloração primária amarela; vagem de cor secundária roxa, sementes de forma elíptica; forma da cor secundária da vagem em estrias. Quanto ao grupo comercial todos os acessos pertencem ao grupo de feijão amarelo.

4.2 ANÁLISE DO EXPERIMENTO DE CAMPO

4.2.1 Resultados experimentais e interpretação biométrica

Os resultados da análise de variância dos ensaios de campo estão apresentados na Tabela 7. A estrutura de controle local do delineamento adotado (blocos aumentados de Federer – BAF) não foi eficiente em controlar as variações ambientais erráticas da área experimental, uma vez que a magnitude do resíduo foi elevada. Neste sentido, não foi possível rejeitar a hipótese de nulidade ($H_0: \sigma^2_{\text{acessos}} = \sigma^2_{\text{testemunhas}} = 0$) ao nível de probabilidade de 5% ($p > 0,05$).

A ausência de significância entre os acessos ($p > 0,05$) pode ser um indício da ausência de variabilidade genética para o caráter produção. Este fato, no entanto, deve ser tomado com ressalvas devido ao baixo poder de discriminação do experimento.

Tabela 7 Análise de variância para o experimento em blocos aumentados de Federer, coeficiente de variação experimental (CV%) dos 156 acessos de *Phaseolus vulgaris L.* para o caráter produção de grãos (PG), (em kg ha⁻¹).

FV	GL	QM	F	Pr > F
Bloco	3	53328,16	2,04	0,18 ns
Tratamentos totais	159	34958,90	1,34	0,33 ns
Acessos (A)	155	34953,00	1,34	0,33 ns
Testemunhas (T)	3	35277,00	1,35	0,32 ns
Tipo (A vs T)	1	58001,73	2,22	0,17 ns
Resíduo Médio	9	26095,14	-	-
Total	171			
CV% = 24,17				

* e **: teste F significativo a 5% e 1%, respectivamente. ns : Não significativo pelo teste F.

Apesar da não significância estatística, em valores absolutos, alguns acessos apresentaram produtividade maior que as testemunhas. Por exemplo, acessos como BGF0012215 (4832 kg ha^{-1}) e BGF0012437 (4256 kg ha^{-1}) apresentaram desempenho superior em relação a melhor testemunha CNFM7958 ($816 \text{ g parcela}^{-1}$) em 48% e 30,4%, respectivamente (ver item 4.2.2). Se for comprovada a existência de materiais superiores estes poderão ser utilizados em programas de pré-melhoramento ou até mesmo para futuros programas de repatriamento aos agricultores familiares. Dessa forma, os acessos devem ser melhor avaliados em programas de pré-melhoramento, com o uso de repetições e avaliação em vários locais para futuro uso em programas de melhoramento ou repatriação. Para isso programa de melhoramento participativo, com participação dos agricultores na seleção poderia ser recomendado.

É possível que o delineamento em BAF não tenha sido o mais indicado para o estudo destes materiais e do elevado número de acessos nas condições ambientais do experimento. Além disso, esta estrutura de tratamentos não possuiu repetição para os acessos, repercutindo em um baixo número de graus de liberdade para o resíduo experimental. Tendo em vista que a qualidade de um experimento pode ser avaliada pela magnitude do resíduo experimental, que consiste na variação não controlada entre as unidades experimentais, se forem conhecidas suas causas, pode-se contorná-las e mantê-lo em níveis aceitáveis (Storck et al., 2011). Contudo, a melhor forma de lidar com esse efeito seria aumentando o número de repetições e aplicando uma melhor estrutura de controle local.

Uma das estimativas de qualidade ambiental mais usadas em delineamentos experimentais aplicáveis ao melhoramento é o coeficiente de variação (CV%), cuja importância reflete a relação entre estimativa do erro experimental e média geral do ensaio. Considera-se que quanto menor for a estimativa do CV%, maior será a precisão do experimento e vice-versa e, quanto maior a precisão (maior qualidade) experimental, menores diferenças entre estimativas de médias serão significativas (Cargnelutti Filho & Storck, 2007). Observa-se que o CV apresentou alta magnitude para o caráter avaliado para o método analisados de 24,17%. Embora a precisão experimental neste delineamento seja inferior, o maior número de acessos avaliados permite explorar melhor a variabilidade genética de coleções de Bancos de Germoplasma. Deve-se considerar ainda a baixa disponibilidade de sementes dos acessos, o que limitou o uso de delineamento com repetições.

4.2.2 Rendimento de grãos

As produções ajustadas em (g parcela^{-1}) dos 156 acessos e as médias ajustas da produção das quatro testemunhas estão apresentadas na Figura 8. A testemunha que apresentou a maior produção foi a BRS Agreste e a pior produção foi a BRS Notável.

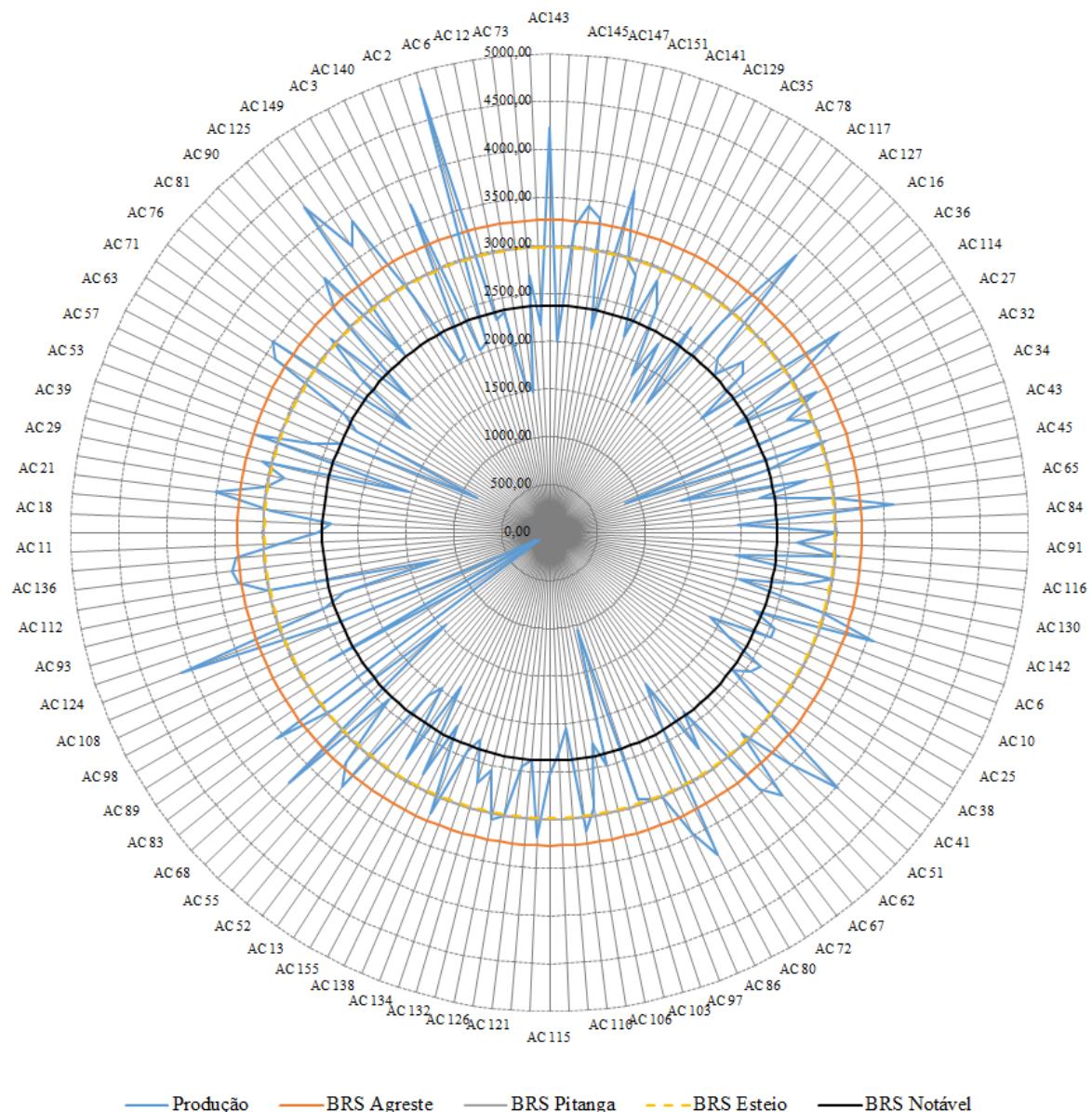


Figura 8 Dados de produção em gramas por parcela dos 156 acessos e a média das quatro testemunhas (BRS Agreste, BRS Pitanga, BRS Esteio e BRS Notável)

O acesso AC 5 (BGF0012215) apresentou a maior produtividade de grãos 4832,5 kg.ha⁻¹, enquanto que a melhor testemunha, com produtividade equivalente a 3265,0 kg.ha⁻¹. Já a pior testemunha apresentou produtividade 2375,0 kg.ha⁻¹. Do total de acessos, apenas 31 apresentaram produtividades superiores a melhor testemunha, com média de 3674,12 Kg.ha⁻¹. Já 53 acessos obtiveram média de produtividade inferiores a pior testemunha, BRS Notável, com produtividade de 1834,76 Kg.ha⁻¹. Embora os acessos não tenham diferido significativamente das testemunhas.

A produtividade média de grãos foi de 2649,6 kg.ha⁻¹ para os acessos e de 2902,5 kg.ha⁻¹ para as testemunhas. No entanto, a amplitude de variação em relação à média obtida nos acessos foi maior, e o limite superior foi de 1,82 vezes acima da média dos acessos, enquanto nas testemunhas foi de 1,12 vezes. Nesse caso, a chance de se obter genótipos superiores aumenta à medida que se aumenta a amplitude em relação à média.

O acesso que apresentou a maior produção foi o acesso AC 5 (Figura 9) este possui as seguintes características: flor de coloração branca; semente de coloração marrom, halo de coloração preta, semente de forma oblonga; semente de perfil cheio; sementes de tamanho normal, variando de 41 a 50 gramas, ciclo precoce; pertencente ao grupo comercial de feijão marrom e nome popular: Jalo vagem roxa. De acordo com a matriz de dissimilaridade obtida com base no modelo de Harrison verificou-se que este acesso apresentou dissimilaridade variando de 0,80 a 0,36, com média de dissimilaridade igual a 0,64 e amplitude de 0,45. A análise de agrupamento pelo método UPGMA mostrou que este acesso foi alocado no grupo 16 (juntamente com os acessos 2, 6 e 107). Esse material foi coletado em 1981 (35 anos desde de sua coleta). Durante este período o acesso não passou por nenhum programa de melhoramento. Indicando este possa ser um genótipo superior que deve ser melhor avaliado em programas de pré-melhoramento para possível repatriamento.

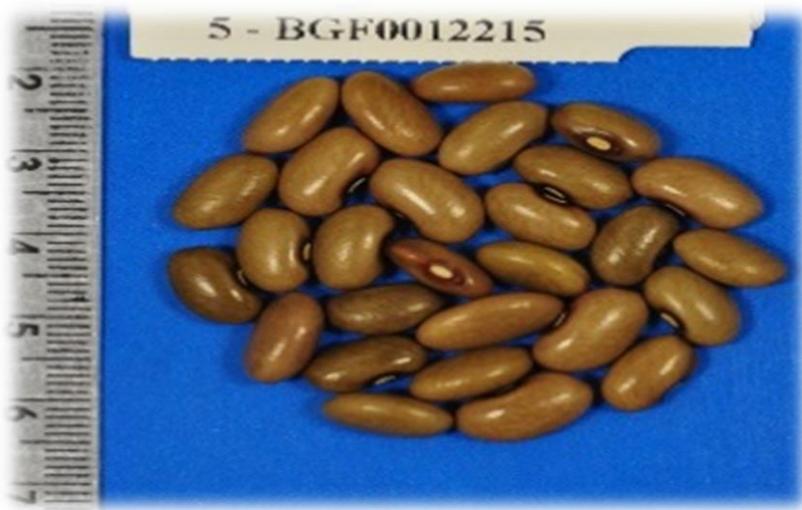


Figura 9 Acesso que apresentou a maior produção ($4832,52\text{Kg.ha}^{-1}$).

4.2.3 Ciclo de desenvolvimento

Foi possível observar que os acessos apresentaram variabilidade quanto ao ciclo total (Figura 10). O ciclo variou dos acessos variou de 71 dias (AC 47) a 95 dias (AC 89). Os acessos foram classificados em ciclo tardio, normal, semi-precoce e precoce, segundo a classificação de Zimmermann et al. (1996). A maioria dos acessos é de ciclo normal (85-95 dias), seguidos por de ciclo semi - precoce (75-85 dias), precoce (<75 dias) e tardio (>95 dias). No Brasil a maioria das cultivares de feijão em cultivo apresentam ciclo normal de, aproximadamente, 90 dias; enquanto que, as cultivares precoces apresentam ciclo de cerca de 70 dias (Zimmermann et al., 1996).

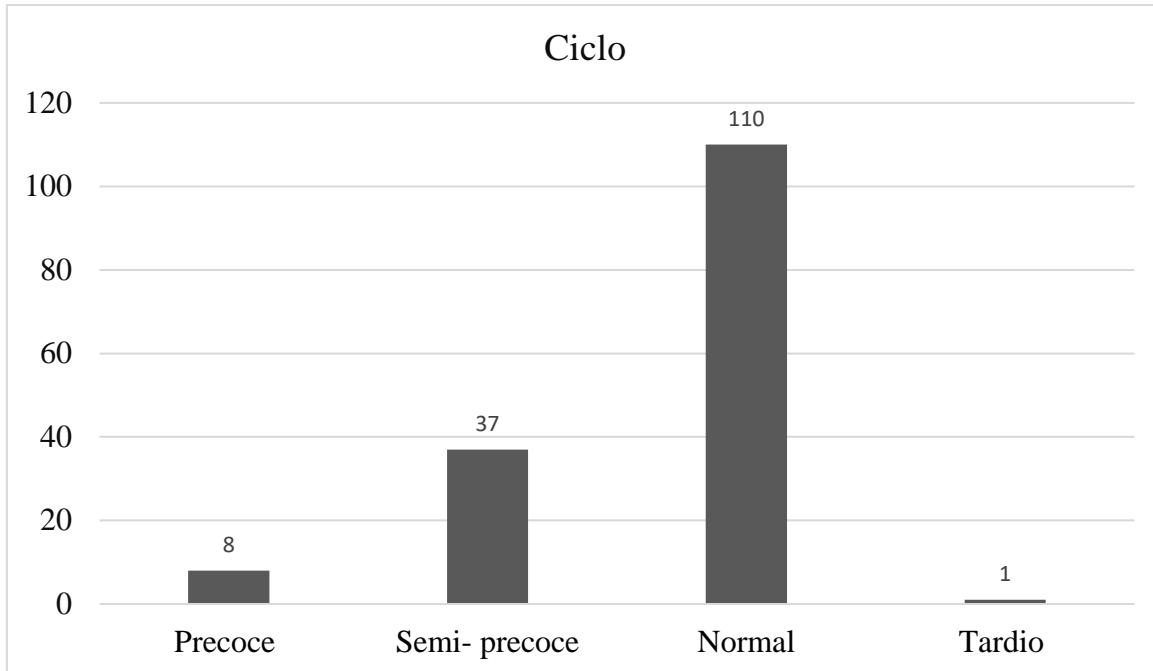


Figura 10 Ciclo: P- precoce (< 75 dias); SP-semi-precoce (75 -85 dias); N- normal (85-95 dias); T- tardio (> 95 dias).

O uso de cultivares de feijão de ciclo precoce possibilita o melhor aproveitamento da área de cultivo e a adequação das épocas de semeadura e de colheita para períodos mais favoráveis (Ribeiro et al., 2004; Santos, 2014). O uso de cultivares de ciclo precoce proporciona a diminuição do consumo de água em cultivos irrigados e a redução das perdas na colheita, evitando que esta coincida com o período mais chuvoso, que aumenta o risco de deterioração das vagens devido ao contato com o solo úmido (Buratto et al., 2007).

Para os programas de melhoramento de plantas, a presença de variabilidade genética dentro de uma espécie é fundamental para o uso racional dos recursos genéticos (Loarce et al., 1996). Dessa forma, os acessos apresentaram variabilidade para os quatro tipos de ciclo (Semi-precoce, precoce, normal, tardio), podendo ser utilizados como fonte de alelos para os programas de melhoramento.

Uma outra possível explicação para não ter havido diferença significativa entre os acessos e as testemunhas, e que estes sejam tão bons quanto as testemunhas. Que ao longo do tempo estes foram melhorados pelos próprios agricultores tradicionais no processo de domesticação, selecionando-se as cultivares mais produtivas. O cultivo do feijoeiro comum no Brasil pelos pequenos agricultores é predominantemente de subsistência e tem como característica principal a não aquisição periódica de semente. Os quais utilizavam os seus próprios grãos como sementes por vários anos e, muitas vezes, esses germoplasma foram passados de uma geração para outra. Desse modo, o cultivo contínuo de um mesmo

germoplasma tornou-se possível a fixação de mutações. Os materiais que apresentassem alguma vantagem adaptativa foram selecionados e preservados. Com o passar do tempo alguns agricultores com maior vivência na cultura, selecionaram dentre os materiais tradicionais, tipos diferentes de feijão, que mais se adaptavam a suas condições agroecológicas e socioeconômicas e que provavelmente iriam proporcionar alguma vantagem.

5 CONCLUSÃO

- (i) O modelo de Harrisson é capaz de quantificar a similaridade existente entre os acessos e a presença ou ausência de redundância entre estes, por meio da matriz de similaridade. Tornando-se possível realizar a análise de agrupamento;
- (ii) Os acessos possuem divergência genética para o conjunto de variáveis morfológicas avaliadas, podendo estes serem utilizado como fonte de variabilidade genética para futuros programas de melhoramento.

6 REFERÊNCIAS

ALDENDERFER, M.S.; BLASHFIELD, R. K. **Cluster Analysis.** Sage University Paper Series On Quantitative Applications in the Social Sciences, 1984.p.95.

ALENCAR, B. J., BARROSO, L. C.; ABREU, J. F. Análise Multivariada de Dados no Tratamento da Informação Espacial: uma abordagem com análise de Agrupamentos. **Revista Iberoamericana de Sistemas, Cibernética e Informática**, v. 10, n. 2, p. 6–12, 2013.

ALVES, B. M.; FILHO, A. C.; SILVA,L. P.; TOEBE, M.; BURIN,C.;PRETTO, A. Análise de agrupamento em cultivares superprecoce de milho em relação à produtividade de grãos e à qualidade proteica. **Revista da Estatística da Universidade Federal de Ouro Preto**, v. 3, n. 3,p. 94-98, 2014.

BARROSO, L.P.; ARTES, R. **Análise multivariada.** In: 10º Simpósio de estatística aplicada à experimentação agronômica. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2003.151p.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I .F.; OLIVEIRA, A. C.;VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A .G.; SHINDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, G. R. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 12, n. 3, 2006.

BIAGIOTTI, D.; SARMENTO, J. L.R.; Ó, A.O.; RÊGO N.A.A.; SANTOS, G. V.; SANTOS, N.P.S.; TORRES, T. S.; NERI, V.S. Caracterização fenotípica de ovinos da raça Santa Inês no Estado do Piauí. In: CONGRESSO DE FEIJÃO CAUPI,2013, Recife. **Resumo...Recife:UFPE,2013.** p.433.

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

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA. **Feijão.** Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/vegetal/culturas/feijao>>. Acesso em: 8 jun. 2016.

BRASIL. Instrução Normativa nº 25, de 23 de maio de 2006. Estabelece os critérios mínimos a serem observados para a determinação do valor de cultivo e uso - VCU de feijão e os respectivos formulários anexos para inscrição de cultivares no Registro Nacional de Cultivares. Anexo I. Requisitos mínimos para determinação do valor de

cultivo e uso de feijão (*Phaseolus vulgaris*) para a inscrição no Registro Nacional de Cultivares – RNC. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, 19 jun. 2006.

BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. de. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo: USP-IME, 1990. 105 p. Trabalho apresentado no 9. Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística, São Paulo, julho de 1990.

BURATTO, J. S.; MODA-CIRINO,V.; FONSECA JUNIOR, N. D.S.; PRETE, C. E. C.; FARIA, R. D. et al. Adaptabilidade e estabilidade produtiva em genótipos precoces de feijão no estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 28, n. 3, p. 373-380, jul./set. 2007.

CARBONELL, S.A.M. A cultura do feijão no Brasil: tendências do melhoramento. In: FANCELLI A.L. & DOURADO, D. (ed.). **Feijão irrigado: estratégias básicas de manejo**. Piracicaba: ESALQ, 1999, p. 9-23.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 01, p. 17-24, 2007.

CARBONELL, S.A.M. A cultura do feijão no Brasil: tendências do melhoramento. In: CARGNELUTTI FILHO, A., RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P.; SOUZA, J. R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v. 38, n. 8, p. 2138–2145, 2008.

CARGNELUTTI FILHO, A; RIBEIRO, N. D.; BURIN, C. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de feijão conforme medidas de dissimilaridade e métodos de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 3, p. 236-243, 2011.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; BURIN, C. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de feijão conforme medidas de dissimilaridade e métodos de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 3, p. 236-243, 2010.

CARVALHO, L.P.; LANZA, M.A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J.W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v. 38, n. 10, p. 1149–1155, 2003.

CENTENO, A. J. **Curso de estatística aplicada à biologia**. Universidade Federal de Goiás, 1999.234p.

CHIORATO, A. F. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do banco de germoplasma do instituto agronômico-IAC**, 2004. 98 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Instituto Agronômico, Campinas, 2004.

COIMBRA, J.;CARVALHO, F. Divergência genética em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) com grão tipo carioca. Current Agricultural Science and Technology. **Revista de Agrociência**, v.4, n.3, p.211-217,1998.

COIMBRA, R.R., MIRANDA, G.V., CRUZ, C.D., MELO, A.V.; ECKERT, F.R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 41, n. 1, p. 159–166, 2010.

CORMACK, R.M. A review of classification. **Journal of the Royal Statistical Society. Series A (General)**, 1971. v.134. p. 321–367.

CONAB (Compania Nacional de Abastecimento). Series Históricas. 2016. Disponível em:http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1252&&Pagina_objcmsconteudos=2#A_objcmsconteudos > Acesso em: 04 dez. 2016.

CRESTANII, M. F. D. C. M.; FARASI, F. L.; BOGOI, J. L. M. C. A.; GUIDOLINI, A. F. (2008). Caracterização da diversidade genética entre acessos crioulos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) coletados em Santa Catarina por marcadores RAPD. **Ciência Rural**, v. 38, n. 6, 2008.

CRONQUIST, A. **The evolution and classification of flowering plants**. Thomas Nelson e Sons Ltd, London , 1968 , 555 p.

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

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585p. Lavras, 2003b. 151p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1997.390 p.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.

DEBOUCK, D.G. *Phaseolus* germplasm exploration. In: GEPTS, P (ed.). **Genetic resources of Phaseolus beans**. Dordrecht. Kluwer, p. 3-29, 1988.

DEBOUCK, D. Systematics and morphology. In: SCHOOONHOVEN, 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: **Common bean improvement in the twenty-first century**. Springer Netherlands, 1999. p. 25-52.

DUART,J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do demineamento em blocos aumentados no melhoramento genetico vegetal**.2000. 293 f. Tese (Doutorado em Agronomia, area de concentração :Genética e Melhoramento de Plantas.)- Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2000.

ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária**

EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária). **Socioeconomia**. 2016. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>> Acesso em: 04 dez. 2016.

ENGELS, J. M. M.; VISSER, L. **A Guide to Effective Management of Germplasm Collections**. 6.ed. IPGRI: International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 174p. 2003.

FAO (Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação). **Production Yearbook**. 2012. Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/>>. Acesso em: 04 dez. 2016.

FERNÁNDEZ, F.; GEPTS, P.; LÓPEZ, M. **Etapas de desarrollo de la planta de fríjol común**. Cali:CIAT. 1983.26p.

FERREIRA, D. F. **Estatística multivariada**. 1. ed. Lavras :Universidade Federal de Lavras, 2008. 662 p.

FERREIRA, P.L. Estatística multivariada aplicada. , 2000.100p.

FONSECA, J.R. **Emprego da análise multivariada na caracterização de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1993. 123 f. Tese (Doutorado em Genetica e Melhoramento de Plantas) –Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras,1993

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

FONSECA, J. R.; SILVA, H. T. da. Identificação de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 3, p. 409-414, mar. 1999.

FRANCO, M.C.; CASSINI, S.T.A.; OLIVEIRA, V.R.; TSAI, S.M.; FREITAS, F. O. Caracterização da diversidade genética em feijão por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 2, p. 381–385, 2001.

GEPTS, P.; BLISS, F. A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. **Economic Botany**, v. 40, n. 4, p. 469–478, 1986.

GEPTS, P.; KMIECIK, K.; PEREIRA, P.; BLISS, F. Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) deduced from phaseolin electroporetic variability. II. **Economic botany**, New York, v. 42, n. 1, p. 73-85, 1988.

GEPTS, P.L. **Nutritional and evolutionary implications of phaseolin seed protein variability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Madison: University of Wisconsin-Madison, 1984.209 p.

GOWER, J. C. Measures of similarity, dissimilarity, and distance. In: KOTZ, S.; JOHNSON, N. L.; READ, C. B. (Ed.). **Encyclopedia of statistical sciences**. New York: J. Wiley, 1985. v. 5. p. 397-405.

GUEDES, J. M.; VILELA, D. J. M.; REZENDE, J. C.; SILVA, F. L.; BOTELHO, C. E.; CARVALHO, S. P. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasma Maragogipe. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 2, p. 127-132, 2013.

HARLAN, J. R. Agricultural origins: centers and noncenters. **Science**, Washington, v. 174, n. 4008, p. 468-474, 1971.

HARLAN, J. R. Geographic patterns of variation in some cultivated plants. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 66, n. 4, p. 182-191, 1975.

HARRISON, P.J. A method of cluster analysis and some applications. **Journal of the Royal Statistical Society. Series C. Applied Statistics**, London, v. 17, n. 3, p. 226-236, 1968.

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

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

IDRIS, S.; SAAD, M.S. Characterization of plant genetic resources. In: SAAD, M.S.; RAO, V. R. **Establishment and management of field genebank**. Serdang: International Plant Genetic Resources Institute Bioversity International, 2001. v. 1. cap 13, p. 81-86.

IICA, P. Recursos fitogenéticos en los trópicos suramericanos. . p.367, 2010. Brasília: Brasília (Brasil). PROCITROPICOS; IICA. INTERNATIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE. **Descriptores para Phaseolus vulgaris L.** Rome, 2001. 45 p.(CORRIGIR,ESTRANA)

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey: Prentice-Hall, 1988. 607p.

JOHNSON, R. A.; Wichern, D. W. Clustering, distance methods and ordination. (Ed.). **Applied multivariate statistical analysis**. 6.ed. Upper Saddle River, New Jersey: Prentice hall, 2002. 794p.

KAPPES, C.; WRUCK, F.J.; CARVALHO, M.A.C.; YAMASHITA, O.M. Feijão comum: características morfoagronômicas de cultivares. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO. 2008. Santa Carmem. **Anais...** Campinas: Instituto Agronomico de Campinas. v. 9, p.506–509, 2008.

KHATTREE, R.; NAIK, D. N. **Multivariate data reduction and discrimination with SAS Software**. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2000. 338p.

KENDALL,M. **Multivariate analysis.**London:Charles griffin,1980.200p

LOARCE, Y.; GALLEGOS, R.; FERRER, E. A comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 88, n. 8, p. 107-115, Aug. 1996.

MACHADO, A. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. **Revista Brasileira de agroecologia**, v. 9, n. 1, p. 35-50, 2014.

MANLY, B. F. J. **Métodos estatísticos multivariados:** uma introdução (tradução Sara Ianda Carmona). 3 ed. Porto Alegre: Bookman, 2008. 229p.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Res.**, v.27, p.209-220, 1967.

MARTINS, D. A. **Caracterização molecular de acessos de jabuticabeira do banco de gaermoplasma da UTFPR com marcadores microssatélites.** 2013. 71 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal do Paraná, 2013.

MENDONÇA,F.R. **Seleção De Linhagens de Feijoeiro-Comum Com Escurecimento Lento, Tamanho Comercial e Alta Produtividade de Grãos e Arquitetura Ereta.** 2015. 96f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.2015.

MELCHIOR, H. **Engler's Syllabus der Pflanzenfamilien.** Berlin: Nikolassee.1964. 444 p.

MESSETTI, A.V.L. **Utilização de técnicas multivariadas na avaliação da divergência genética de populações de girassol (*Helianthus annuus* L.).** 2007. 98 f. Tese(Doutorado em Agronomia: Energia na agricultura)-Universidade Estadual Paulista , São Paulo,2007.

MESSETTI, A.V.L. **Estudo da semelhança de genótipos de girassol (*Helianthus annuus* L.) com uso da distância generalizada de Mahalanobis na análise de agrupamento.** 2000. 86f. Dissertação (Mestrado Agronomia-Área de Concentração: Energia na Agricultura). Universidade Estadual Paulista, Botucatu, SP, 2000.

MEYER, S, A. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análises de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes.** 2002. 118f. Dissertação (Mestrado em Agronomia, Área de Concentração: Estatística e Experimentação Agronômica- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. **Psychometrika**, v. 50, n. 2, p. 159-179, 1985.

MILLIGAN, G. W. Na examination of the effect of sixs types of error perturbation on fifteen clustering algorithms. **Psychometrika**, v.45, p.325 342, 1980.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada.** Belo Horizonte: UFMG, 2007. 295 p.

MOÇAMBIQUE, P. **Caracterização fenotípica de acessos crioulos de Phaseolus vulgaris L. do tipo carioca baseada em análise multivariada,** 2010. 101f. Dissertação (Mestrado em: Genética e Melhoramento de Plantas)- Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2010.

MOJENA, R. Hierárquical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, v.20, p.359-363, 1977.

MOREIRA, J. DE A. Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma. **Embrapa/CNPA**, p. 115, 1994.

MUÑOZ, G.; GIRALDO, G.; SOTO, J.F. **Descriptores varietales: Arroz, frijol, maíz, sorgo.** Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), 1993. 167 p.

MOITA NETO, J.M. Estatística multivariada. **Revista de Filosofia e Ensino.** 2015. Acesso em : 28 maio 2015. Disponível em: http://www.criticarede.com/cien_estatistica.html. Acesso em: 28 maio 2015.(substituir essa referência)

OLIVEIRA, J. P. PELOSO, M. J. D.; MORAIS, O. P.; MELO, L.C. Parecença entre acessos de feijoeiro comum de grãos brancos utilizando o método de Harrison. **Embrapa Arroz e Feijão. Comunicado técnico**, 2009a.

OLIVEIRA, J. P.; BARROS, L. R.; PELOSO, M. J. D.; MORAIS, O. P.; MELO, L.C. Parecença entre Acessos Tradicionais de Feijão Jalo Utilizando o Método de Ward. **Embrapa Arroz e Feijão. Comunicado técnico**, 2009b.

PENNAS, F. **Recursos genéticos da biodiversidade e conhecimento tradicionais associados: Acessos e repartição de benéficos no Brasil.** 2015. 156 f. Dissertações (Mestrado em Direito) - Universidade Católica de Santos, Santos, 2015.

PUERTA ROMERO, J. **Variedades de judias cultivadas em Espanha.** Madrid: Ministério da Agricultura, 1961. 798p

R CORE TEAM. R: **A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing.** Vienna, Austria, 2014. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em 3 jun. 2015.

REGAZZI, A.J. Análise multivariada. **Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa**, v. 2, 2000.

RIBEIRO, N. D.; HOFFMANN JUNIOR, L.; POSSEBON, S. B. Variabilidade genética para ciclo em feijão dos grupos preto e carioca. **Revista Brasileira Agrociência**, Pelotas, v. 10, n. 1, p. 19-29, jan./mar. 2004.

ROCHA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; SILVA, P. D.; CARMO, M. D.; Abboud, A. C. D. S. (2010). Uso do algoritmo de Gower na determinação da

divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. *Acta Scientiarum Agronomy*, 32(3), 423-431.

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**, v.37, p.1275-1284, 2002.

Rosemburg, H.C. **Cluster analysis for researchers**. Malabar, Robert E. Krieger Publishing, XV.1982. 334 p.

ROTILI, E.A.; CANCELLIER, L.L.; DOTTO, M.A.; PELUZIO, J.M.; CARVALHO, E.V. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 43, n. 3, p. 516–521, 2012.

SANTANA, C. M.; MALINOVSKI, J. R. Uso da análise multivariada no estudo de fatores humanos em operadores de motosserra, **Cerne**, v.8, n.2, p.101–107, 2002.

SANTOS, E. R.; BARROS, H. B.; CAPONE, A.; Melo, A. V.; CELLA, A. J. S.; SANTOS, W. R. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 7, n. 2, p. 247–254, 2012.

SANTOS, G.G. **Seleção de linhagens de feijão de ciclo precoce, arquitetura ereta, alta produtividade e cozimento rápido**. 2014. 50 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Produção Vegetal) - Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria,2014.

SIEGMUND, K. D.; LAIRD, P. W.; LAIRDOFFRINGA, I. A. A comparison of cluster analysis methods using DNA methylation data. **Bioinformatics**, v.20, n.12, p.1896-1904, 2004.

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, A. R. **Métodos de agrupamento: avaliação e aplicação ao Estudo de divergência genética em acessos de alho**. 2012.83 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa,2012.

SILVA, H.T . **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, 1999.

SILVA, J.A.G.; SCHWERTNER, D.V.; CARBONERA, R.; KRUGER, C. A. M. B.; CRESTANI, M.; GABIRAGHI, F.; SCHIAVO.; ARENHARDT, E. G. Distância genética em genótipos de girassol. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 17, n. 3-4, p. 326–337, 2011.

SILVA, R. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Porafos,1996. 789 p.

SILVA, A. R. I. **Métodos de agrupamento: avaliação e aplicação ao Estudo de divergência genética em acessos de alho.** 2012.83 f. Dissertação (Mestrado Estatística Aplicada e Biometria) -Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, New York, v. 45, n. 3, p. 379–396, 1991.

SMARTT, J. The evolution of pulse crops. **Economic Botany**, New York, v. 32, n. 2, p. 185–198, 1978.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendograms by objective methods. **Taxon**, v.11, p.30-40, 1962.

STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Valores genéticos de linhas puras de soja preditos com o uso do método de Papadakis. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p. 753-758, 2011.

UPOV - International Union for the Protection of new Varieties of Plants. **Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability:** french bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Geneva, 1994. 42 p.

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.

VASCONCELOS, M. J. V. **Avaliação da variabilidade genética de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) pelo uso de marcadores moleculares RAPD.**1995.54 f. Dissertação (Mestrado em Genética)- Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 1995..(Corrigir o ano da citação)

VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão.** 2. ed. Viçosa: Editora UFV. 2008. 600p.

VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. S. Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2005. v. 1, p. 301-391.

VILLORDO, B.W.; MIKUSINSKI, O.M.F.; BURIN, M.E.; GANDOLF, V.H. Morfologia. In: ARAÚJO, R.S., RAVA, C.A., STONE, L.F. ZIMMERMANN, M.J.O. 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. 70-167

VOYSEST, O. **Mejoramiento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): legado de variedades de América Latina 1930-1999.** Ciat, 2000. 220p.

ZIMMERMAN, M.J.O.; TEIXEIRA, M.G.; ARAUJO, R.S.; RAVA, C.A.; STONE, L.F.Bancos de germoplasma. **Cultura do Feijoeiro Comum no Brasil. Potafos, Piracicaba.** p.65–66, 1996.

ANEXO

Anexo A Dados de passaporte de coleta dos acessos, nome vulgar, municípios, ano da coleta, cor principal das sementes (CP), cor do halo (CH), brilho (BR), grupo comercia (GC) e peso de 100 grãos (P100).

Ordem	Acesso	Nome Vulgar	Origem	Coleta	CPS	CH	BR	GC	P100
1	BGF0011832	Roxinho	Outros	1980	6	6	3	6	42,82
2	BGF0011833	Verde	Outros	1980	13	4	1	11	55,8
3	BGF0011834	60 dias	Outros	1980	2	3	3	9	39,18
4	BGF0012073	Frango	Outros	1980	3	3	1	2	37,98
5	BGF0012215	Jalo vagem roxa	Anicuns	1981	4	8	2	4	38,12
6	BGF0012216	Canário	Piracanjuba	1981	3	11	2	3	42,86
7	BGF0012217	Café torrado vagem roxa	Itapuranga	1981	8	8	1	8	34,92
8	BGF0012218	Mulatinho	Mossâmedes	1981	4	4	2	4	49,26
9	BGF0012219	Amarelinho goiás	Mossâmedes	1981	3	11	1	3	40,36
10	BGF0012220	Preto de penca e amarelinho	Piracanjuba	1981	0	11	2	3	44,66
11	BGF0012221	Preto vagem branca	Inhumas	1981	8	8	1	8	40,8
12	BGF0012222	Variedade desconhecida	Itapuranga	1981	2	2	2	2	27,94
13	BGF0012223	Jalo	Pirenópolis	1981	2	11	1	3	48,4
14	BGF0012229	Preto vagem branca	Inhumas	1981	8	8	1	8	38,26
15	BGF0012231	Roxinho	Inhumas	1981	6	6	1	6	34,58
16	BGF0012233	Roxinho	Mossâmedes	1981	6	6	1	11	37,76
17	BGF0012234	Rim de porco	Inhumas	1981	8	3	1	8	68,58
18	BGF0012235	Preto 60 dias	Itaberaí	1981	8	8	1	8	31,36

Anexo A. (Continuação)

Ordem	Acesso	Nome Vulgar	Origem	Coleta	CPS	CH	BR	GC	P100%
19	BGF0012236	Preto vagem roxa	Inhumas	1981	8	8	1	3	38,14
20	BGF0012238	Amarelinho	Itapuranga	1981	3	11	2	8	36,18
21	BGF0012244	Preto manteiguinha	Goianésia	1981	8	8	2	8	50,24
22	BGF0012245	Roxão vagem roxa	Carmo Do Rio Verde	1981	6	11	1	6	29,4
23	BGF0012246	Preto vagem roxa	Anicuns	1981	8	8	1	8	41,44
24	BGF0012247	Rosinha	Itaberaí	1981	5	11	2	9	40,92
25	BGF0012248	Canário-amarelo-rim de porco	Inhumas	1981	3	11	1	3	42,52
26	BGF0012251	Chumbinho	Orizona	1981	6	6	1	6	37,46
27	BGF0012261	Roxinho	Mossâmedes	1981	6	6	1	6	37,84
28	BGF0012262	Roxinho	Mossâmedes	1981	6	6	1	6	42,06
29	BGF0012263	Preto	Santa Cruz De Goiás	1981	8	8	1	8	32,98
30	BGF0012264	Preto café torrado	Mossâmedes	1981	8	8	1	8	32,7
31	BGF0012265	Rapé vagem branca	Orizona	1981	4	4	1	4	33,6
32	BGF0012266	Roxinho vagem roxa	Goianésia	1981	6	6	1	6	40,04
33	BGF0012270	Chumbinho	Anicuns	1981	6	6	1	6	37,5
34	BGF0012273	Rim de porco	Ceres	1981	3	6	2	6	39,58
35	BGF0012274	Roxinho claro	Itaberaí	1981	6	6	2	6	39,6
36	BGF0012275	Roxinho de vagem branca	Itaberaí	1981	6	6	1	6	38,68
37	BGF0012276	Roxinho	Silvânia	1981	6	6	1	6	49,3
38	BGF0012277	Banha de galinha	Itapuranga	1981	3	11	1	3	51,24
39	BGF0012278	Preto vagem roxa	Inhumas	1981	8	8	1	8	42,28
40	BGF0012279	Banha de galinha/enxofre	Carmo Do Rio Verde	1981	3	11	1	3	36,7
41	BGF0012280	Amarelinho	Turvânia	1981	3	11	1	3	40,46
42	BGF0012281	Preto vagem roxa	Pirenópolis	1981	8	8	1	8	36,44

Anexo A. (Continuação)

Ordem	Acesso	Nome Vulgar	Origem	Coleta	CPS	CH	BR	GC	P100
43	BGF0012282	Roxão	Silvânia	1981	6	6	1	6	40,42
44	BGF0012284	Roxinho mineiro	Silvânia	1981	6	6	1	6	43,7
45	BGF0012285	Roxinho	Mossâmedes	1981	6	6	1	6	43,56
46	BGF0012286	Jalo/amarelinho	Itapuranga	1981	3	11	1	3	51,08
47	BGF0012287	Variedade desconhecida	Inhumas	1981	4	6	1	10	81,94
48	BGF0012288	Mulatinho	Turvânia	1981	4	4	1	4	67,46
49	BGF0012290	Roxinho	Inhumas	1981	6	6	1	6	36,08
50	BGF0012291	Roxão	Firminópolis	1981	6	6	1	6	49,7
51	BGF0012292	Variedade desconhecida	Silvânia	1981	2	11	1	5	47,82
52	BGF0012293	Variedade desconhecida	Silvânia	1981	2	2	2	2	38,88
53	BGF0012295	Manteiguinha	Pirenópolis	1981	8	8	2	8	38,44
54	BGF0012296	Variedade desconhecida	Jaraguá	1981	2	4	1	4	40,52
55	BGF0012298	Jalo	Turvânia	1981	3	4	1	11	73,16
56	BGF0012299	Preto vagem branca	Sanclerlândia	1981	8	8	1	8	37,92
57	BGF0012300	Preto	Goianésia	1981	8	8	1	17	40,94
58	BGF0012301	Variedade desconhecida	Jaraguá	1981	2	11	1	2	35,6
59	BGF0012302	Variedade desconhecida	Jaraguá	1981	3	11	2	3	39,9
60	BGF0012303	Variedade desconhecida	Jaraguá	1981	3	8	1	8	41,22
61	BGF0012304	Jalo	Inhumas	1981	8	4	1	11	95,7
62	BGF0012305	Rapé nhambu	Goianésia	1981	4	4	2	4	74,8
63	BGF0012306	Preto	Inhumas	1981	8	8	1	8	32,08
64	BGF0012307	Rosinha	Mossâmedes	1981	5	6	1	5	42,46
65	BGF0012308	Roxão	Carmo Do Rio Verde	1981	6	6	1	6	38,46
66	BGF0012309	Preto	Mossâmedes	1981	8	8	1	8	40,66
67	BGF0012310	Amarelinho	Piracanjuba	1981	3	11	1	3	42,66

Anexo A. (Continuação)

Ordem	Acesso	Nome Vulgar	Origem	Coleta	CPS	CH	BR	GC	P100
68	BGF0012311	Listrado	Silvânia	1981	6	11	1	2	45,6
69	BGF0012312	Amarelo canário	Piracanjuba	1981	3	11	2	3	35,44
70	BGF0012313	Roxinho mineiro	Orizona	1981	6	6	2	6	34,2
71	BGF0012314	Preto	São Luiz Montes Belos	1981	8	8	1	6	29,66
72	BGF0012315	Branco	Goianésia	1981	2	11	1	2	45,36
73	BGF0012317	Rajado	Silvânia	1981	2	2	1	4	40
74	BGF0012318	Preto precoce	Itaberaí	1981	8	8	1	8	41,7
75	BGF0012319	Amarelinho	Silvânia	1981	2	11	1	3	47,52
76	BGF0012320	Preto de vagem roxa	Firminópolis	1981	8	8	1	8	26,9
77	BGF0012321	Preto	Silvânia	1981	8	8	1	8	44,18
78	BGF0012322	Roxinho curto	Silvânia	1981	6	6	1	6	38,34
79	BGF0012323	Jalo	Turvânia	1981	3	4	1	11	61,78
80	BGF0012324	Banha de galinha	Carmo Do Rio Verde	1981	3	11	1	3	55,36
81	BGF0012325	Preto de penca vagem roxa	Piracanjuba	1981	8	8	1	8	44,16
82	BGF0012326	Preto	Cristianópolis	1981	8	8	3	8	59,96
83	BGF0012327	60 dias (amarelo)	Santa Cruz De Goiás	1981	2	6	2	4	44,16
84	BGF0012328	60 dias (bico de ouro)	Pires Do Rio	1981	2	6	1	5	54,16
85	BGF0012329	Amarelinho	Piracanjuba	1981	3	11	1	3	56,32
86	BGF0012331	Paraná	Niquelândia	1981	3	11	1	3	42,52
87	BGF0012333	Variedade desconhecida	Ceres	1981	4	11	1	4	78,08
88	BGF0012336	Roxo semi-trepador	Pires Do Rio	1981	6	6	1	6	57,78
89	BGF0012337	60 dias	Cristianópolis	1981	5	4	1	11	77,2
90	BGF0012338	Variedade desconhecida	Inhumas	1981	8	8	3	8	51,54
91	BGF0012339	Roxinho	Jaraguá	1981	6	6	1	6	39,48
92	BGF0012340	60 dias	Ceres	1981	2	11	2	2	40,94

Anexo A. (Continuação)

Ordem	Acesso	Nome Vulgar	Origem	Coleta	CPS	CH	BR	GC	P100
93	BGF0012342	Manteiguinha	Itapuranga	1981	8	8	3	8	26,18
94	BGF0012347	Rosinha	Inhumas	1981	5	6	2	5	32,54
95	BGF0012348	Preto de penca vagem branca	Piracanjuba	1981	8	8	1	8	60,34
96	BGF0012349	Jalo	Goianésia	1981	3	11	2	2	72
97	BGF0012353	Variedade desconhecida	Goianésia	1981	3	11	1	3	43,08
98	BGF0012360	Jalo	Itaberaí	1981	3	4	1	3	78,88
99	BGF0012363	Preto 60 dias	Itaberaí	1981	8	8	1	8	38,26
100	BGF0012364	Branco	Silvânia	1981	2	3	1	2	44,2
101	BGF0012365	Rosinha	Silvânia	1981	2	4	1	5	44,08
102	BGF0012366	Carioca	Inhumas	1981	2	2	1	9	40,76
103	BGF0012369	Amarelinho	Barro Alto	1981	3	11	1	3	42,42
104	BGF0012370	Feijão de 60 dias	Santa Cruz De Goiás	1981	3	4	1	3	67,84
105	BGF0012374	Rosinha	Silvânia	1981	2	5	1	4	37,9
106	BGF0012375	60 dias	Santa Cruz De Goiás	1981	2	11	2	2	49,06
107	BGF0012386	Rosinha	Silvânia	1981	5	3	1	3	28,62
108	BGF0012390	Franguinho	Silvânia	1981	2	11	1	2	37,58
109	BGF0012391	Rosinha	Silvânia	1981	5	11	2	2	33
110	BGF0012392	Amarelo	Piracanjuba	1981	3	11	1	3	43,06
111	BGF0012397	Jalo	Inhumas	1981	3	4	1	11	80,42
112	BGF0012398	Preto vagem branca	Sanclerlândia	1981	8	8	1	8	32,68
113	BGF0012401	Amarelinho	Vianópolis	1981	3	4	1	3	41,24
114	BGF0012402	Roxinho	Mossâmedes	1981	6	6	1	6	34,02
115	BGF0012404	Amarelo (tipo rim de porco)	Morrinhos	1981	3	11	1	3	69,22
116	BGF0012415	Roxinho vagem roxa	Orizona	1981	6	11	1	6	43,14
117	BGF0012416	Amarelinho	Orizona	1981	3	4	3	3	39,96

Anexo A. (Continuação)

Ordem	Acesso	Nome Vulgar	Origem	Coleta	CPS	CH	BR	GC	P100
118	BGF0012418	Canário	Silvânia	1981	3	4	1	4	47,82
119	BGF0012419	Franguinho	Itapuranga	1981	3	3	1	2	54,72
120	BGF0012422	Dobra morro	Inhumas	1981	8	8	1	8	62,54
121	BGF0012425	Desconhecido	Cristianópolis	1981	3	11	1	9	38,82
122	BGF0012427	Olho de pomba	Piracanjuba	1981	2	11	1	3	40,02
123	BGF0012431	Variedade desconhecida	Jaraguá	1981	2	11	1	6	38,44
124	BGF0012432	Variedade desconhecida	Jaraguá	1981	3	4	1	11	67,2
125	BGF0012437	Preto café torrado	Mossâmedes	1981	8	8	1	6	36
126	BGF0012442	Jalo	Caturaí	1981	3	8	3	3	74,58
127	BGF0012444	Roxinho/paranázinho	Caturaí	1981	6	6	1	6	39,88
128	BGF0012445	Amarelinho	Mossâmedes	1981	3	11	2	3	44,8
129	BGF0012446	60 dias	Outros	1981	4	11	2	9	34,96
130	BGF0012447	Rosinha	Outros	1981	5	6	1	6	39,44
131	BGF0012448	Preto	Outros	1981	8	8	1	8	32,08
132	BGF0012510	Banha de galinha	Outros	1981	3	11	1	3	42,84
133	BGF0012963	Feijão de árvore	Santo Antônio De Goiás	1983	3	11	1	5	42,54
134	BGF0012964	Enxofre de cipó	Santo Antônio De Goiás	1983	3	11	1	3	45,26
135	BGF0013282	Roxão goiano "m.b.m."	Morrinhos	1983	6	6	1	3	43,46
136	BGF0013283	Preto de cacho	Goianésia	1983	8	8	1	6	36,84
137	BGF0013854	Trintinha 90	Crixás	1984	3	11	1	8	37,82
138	BGF0013855	Amarelo	Outros	1984	3	5	1	3	47,92
139	BGF0014745	Amarelo a	Outros	1986	3	5	1	5	37,64
140	BGF0014746	Carioca	Outros	1986	2	2	1	5	37,58
141	BGF0015689	Cavalo	Goianápolis	1988	5	4	1	9	72,7

Anexo A. (Continuação)

Ordem	Acesso	Nome Vulgar	Origem	Coleta	CPS	CH	BR	GC	P100
142	BGF0015937	Roxo	Itaberaí	1990	6	6	1	10	40,82
143	BGF0015938	Goiano	Cromínia	1990	3	3	1	6	79,24
144	BGF0015940	Barroso	Jussara	1990	8	8	1	2	79,64
145	BGF0015946	Pintado	Goiânia	1992	2	11	1	8	69,26
146	BGF0015947	Feijão de cores	Ceres	1992	5	11	3	10	38,12
147	BGF0015948	Carnaval	Vicentinópolis	1993	5	3	1	10	73,74
148	BGF0015950	Feijão de feira	Goiânia	1993	2	1	2	10	77,86
149	BGF0015953	Preto chumbinho	Pirenópolis	1995	8	8	1	8	35,28
150	BGF0015954	Mulatinho	Sanclerlândia	1995	2	11	1	3	29,16
151	BGF0015957	Fogo na serra	Inhumas	1995	5	4	1	10	69,76
152	BGF0015968	Doidão ou bonitão	Nova Veneza	1997	2	11	1	10	76,26
153	BGF0015999	Carioca caneludo	Montividiu	2000	2	2	1	9	39,92
154	BGF0016123	Preto manteiga antigo	Alto Paraiso De Goiás	2003	8	8	1	8	29,78
155	BGF0016124	Amarelinho	Niquelândia	2003	2	11	2	3	37,98
156	BGF0016125	Roxinho	Niquelândia	2003	6	6	1	6	41,3

Cor principal das sementes (CPS) foi classificada em: 1 - Branca; 2 - Bege; 3 - Amarela; 4 - Marrom; 5 - Rósacea; 6 - Roxa; 7 - Vermelho; 8 - Preta; 9 - Cinza; 10 - Outras; 11 - Alaranjado; 12 - Arroxeadas; 13 - Verde e 14 - Rosada. Cor do halo (CH) foi classificado em: 1 - Branco; 2 - bege; 3 - amarela; 4 - Marrons; 5 - Rósea; 6 - Roxa (vinho); 7 - Vermelha; 8 - Preta; 9 - Cinza; 10 - outras; 11 - Alaranjado; 12 - Arroxeadas; 13 - Verde e 14 - Rosada. Brilho (BR) foi classificado em: 1 - Opaco, 2 - Intermediário e 3 - Brilhante. Grupo comercial (CG) foi classificado em: 1 - Branco; 2 - Bege (Mulatinho); 3 - Amarelo; 4 - Marrom; 5 - Rosa/Rosinha, 6 - Roxo, 7 - Vermelho, 8 - Preto; 9 - Carioca; 10 - Rajado; 11 - Jalo e 12 - Outros.