

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE ACESSOS TRADICIONAIS DE FEIJOEIROS ATRAVÉS DE CARACTERÍSTICAS DA SEMENTE

GENETIC DIVERGENCE OF ACCESS THROUGH TRADITIONAL BEAN CHARACTERISTICS OF THE SEED

Danilo de Lima GONÇALVES¹; Valdete Campos AMBROZIO¹;
 Marco Antonio Aparecido BARELLI²; Leonarda Grillo NEVES²;
 Severino Paiva SOBRINHO³; Petterson Baptista da LUZ²; Claudete Rosa da SILVA⁴

1. Engenheiro Agrônomo, Mestre, Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Cáceres, MT, Brasil. dlg_net@hotmail.com; 2. Engenheiro Agrônomo, Doutor, Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Cáceres, MT, Brasil; 3. Engenheiro Agrônomo, Doutor, Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Cáceres, MT, Brasil; 4. Bióloga, Pós Doutorado, Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Cáceres, MT, Brasil.

RESUMO: Este trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade do Estado de Mato Grosso via características das sementes de 65 acessos de feijoeiro do Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da Unemat, onde a caracterização da semente foi realizada por meio de oito descritores morfológicos qualitativos e cinco descritores quantitativos, submetidos a dois métodos de agrupamento, de Otimização Tocher e Hierárquico UPGMA, comparando seus resultados. Os dados qualitativos apresentaram a formação de seis grupos pelo método de Otimização Tocher e cinco grupos pelo UPGMA, já para as características quantitativas ocorreu a formação de dois grupos pelo método de Tocher e quatro grupos pelo UPGMA, baseado na distância *Euclidiana*. O estudo possibilitou verificar os acessos mais divergentes e o comportamento dos dois métodos de agrupamento, que demonstraram semelhança no agrupamento dos acessos, possibilitando uma boa visualização da distância genética entre os acessos, tanto para características qualitativas baseado em variáveis multicategóricas quanto para características quantitativas, evidenciando a existência de materiais geneticamente diferentes. O uso conjunto dos dois métodos associados a análises de caracteres qualitativos e quantitativos possibilitou uma avaliação mais precisa dos acessos e em ambos os casos o UPGMA complementou o Tocher.

PALAVRAS-CHAVE: *Phaseolus vulgaris*. Melhoramento de plantas. Métodos de agrupamento.

INTRODUÇÃO

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância agrícola e alimentar, amplamente distribuída em todo o território brasileiro, e constitui-se num alimento proteico básico da dieta diária do homem (SILVA; COSTA, 2003). Caracteriza-se por apresentar ampla variabilidade genética organizada dentro de dois grupos principais de germoplasma representados pelos centros de domesticação Mesoamericanos e Andinos. Tais grupos têm sido subdivididos dentro de raças, baseados principalmente em avaliações morfológicas, agronômicas e bioquímicas do germoplasma correspondente (SINGH et al., 1991).

Segundo a FAO (2010), a produção mundial aproximou-se de 21 milhões t, sendo a Índia o maior produtor, com 4.870.000 t, seguidos pelo Brasil (com 3.202.150 t), Mianmar (3.029.800 t), Estados Unidos (1.442.470 t) e México (com aproximadamente 1.156.250 t). Típico produto da alimentação brasileira é cultivado por pequenos e grandes produtores em todas as regiões, alcançando uma produção total de aproximadamente 3.787,1 mil t, com produtividade média de 925 kg ha⁻¹, valor este considerado baixo, devido ao pouco uso

tecnológico e de insumos agrícolas, se comparado com o potencial produtivo de outros países, como China, Estados Unidos ou Canadá, que varia em média de 1.622 kg ha⁻¹, 1.864 kg ha⁻¹ e 1.996 kg ha⁻¹ respectivamente.

De acordo com Carvalho et al. (2008) o feijão é cultivado tradicionalmente em pequenas propriedades pouco tecnificadas, mas vem passando por grandes transformações. Os maiores estados produtores, registrados para a safra 2010, são os estados do Paraná, com 821,2 mil t, Minas Gerais (610,9 mil t), São Paulo (348,0 mil t), Bahia (262,9 mil t), o Mato Grosso ocupa a sétima posição no ranque com a sua produção de 234,8 mil t para o mesmo período, com produtividade de aproximadamente 1.615 kg ha⁻¹, colhidos em uma área de plantio de 145,7 mil hectares, sendo este o terceiro maior produtor de feijão do Centro-Oeste (CONAB, 2011).

Uma das características das espécies do gênero *Phaseolus* é apresentar variabilidade quanto a características morfológicas, genéticas e fisiológicas (SILVA; COSTA, 2003). Tem grande variabilidade fenotípica, adaptabilidade às condições ecológicas, além de resistência a pragas e doenças, esses fatores são de grande importância

para a pesquisa, caracterizando os materiais existentes em banco de germoplasma para futuros trabalhos. Entretanto, esta ampla adaptabilidade tem favorecido o surgimento de pragas e de doenças que afetam a produtividade (VIEIRA et al., 1998).

A variabilidade genética presente no germoplasma do feijão em uso na agricultura familiar é essencial na estratégia de sobrevivência dos pequenos agricultores, esta variabilidade está diretamente ligada à diversidade de preferência dos consumidores e agricultores, pois estes utilizam materiais adaptados às suas condições econômicas e agroecológicas, sendo que a eficiência da conservação e o aproveitamento desta variabilidade aumentam quando esta é devidamente caracterizada (RODRIGUES et al., 2002). O estudo de características das plantas cultivadas é importante para se conhecer a divergência genética do conjunto de germoplasma disponível para fins de utilização em programa de melhoramento genético (ELIAS et al., 2007).

O papel do melhoramento genético na cultura do feijão tem como uma das funções melhorar o material crioulo de uma determinada

região, buscando informação quanto à variabilidade e a divergência genética dentro de uma espécie tornando essenciais para o uso racional dos recursos genéticos (OLIVEIRA et al., 2011). Sendo de grande importância para a pesquisa, a preservação e a caracterização dos genótipos existentes em bancos de germoplasma para realização de novos trabalhos de melhoramento.

Em vista do exposto, este trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros (*Phaseolus vulgaris* L.) do Banco Ativo de Germoplasma-BAG da UNEMAT, via características das sementes.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado no laboratório de sementes da Universidade do Estado de Mato Grosso-UNEMAT, Campus de Cáceres. Para a pesquisa foram utilizados 65 acessos coletados na região de Cáceres e pertencentes à coleção do Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade do Estado de Mato Grosso (Tabela 1).

Tabela 1. Acessos tradicionais de feijoeiros do Banco Ativo de Germoplasma de feijão da UNEMAT-Cáceres-MT, 2012.

Ord	Acessos	Ord	Acessos	Ord	Acessos
01	Branco (55)*	23	Carioca de Copinha (80)	45	NI 01 (88)
02	Rosinha (73-G2)	24	Carioca (59)	46	Rosinha 11 anos (84)
03	Rosinha (53-G1)	25	Cara Suja (62)	47	Carioquinha 11 anos (85)
04	Rosinha Copinha (64)	26	Rosinha (83)	48	NI FASE (86)
05	Bolinha (51)	27	Terrinha (67)	49	NI 06 (92)
06	Carioca (60)	28	Roxinho (76-G1)	50	NI 07 (93)
07	Cara Suja (63)	29	Rosinha (82)	51	NI 08 (94)
08	Carioca (58)	30	Carioca de Arvinha (57-G1)	52	NI 05 (91)
09	Terrinha (77)	31	Carioquinha (52-G2)	53	Bico de Ouro (98)
10	Carioquinha (78)	32	Carioca de Arvinha (57-G2)	54	Cara Suja (96)
11	Rosinha (50-G1)	33	Carioca (74)	55	NI 03 (90)
12	Carioquinha (52-G1)	34	Rosinha (50-G2)	56	Manteiguinha (99)
13	Preto (54)	35	Rosinha (50-G3)	57	Rosinha Cipó (97)
14	Rins de Boi (71)	36	Carioca de Arvinha (79)	58	Carioquinha (100)

15	Cara-Suja (32)	37	Rosinha (53-G2)	59	NI 02 (87)
16	Roxinho (66)	38	Rosinha (53-G3)	60	Feijão Rasteiro (33)
17	Rosinha (31)	39	Carioca (61)	61	Rosinha (72)
18	Carioca (34)	40	Roxinho (76-G2)	62	Enxofrinho (68)
19	Carioquinha (65)	41	Carioquinha (75)	63	Maravilha (70)
20	Rosinha (73-G1)	42	Rosinha (1)	64	Cara-suja (69)
21	Paquinha (56)	43	Terrinha (95)	65	Desconhecido (41)
22	Rosinha (73-G3)	44	NI 04 (89)		

* = Código de entrada dos acessos na coleção de sementes. ** NI = Acessos não identificados.

A caracterização dos acessos de feijoeiro foi baseada nos descritores morfológicos para *Phaseolus vulgaris* L. padronizados segundo os Descritores Mínimos para Caracterizar Cultivares/Varietades de Feijão comum (SILVA, 2005), onde foram avaliados:

Caracteres Qualitativos - Observação: a forma da semente e o grau de achatamento foram caracterizados utilizando uma amostra de 50 sementes por acessos, medidos com um paquímetro graduado em milímetro: 01) Nervuras da semente: (0) Ausente; (1) Presente; 02) Padrão do tegumento da semente: (0) Ausente; (1) Marmoreado; (2) Listrado; (3) Malhado rombóide; (4) Ponteadado; (5) Manchado circular; (6) Padrão de cor marginal; (7) Listas largas; (8) Bicolor; (9) Malhado bicolor; (10) Padrão à volta do hilo. 03) Forma da semente: Baseada no coeficiente J (mm) = Comprimento/Largura: (1) Esférica (1,16 a 1,42); (2) Elíptica (1,43 a 1,65); (3) Oblonga/Reniforme curta (1,66 a 1,85); (4) Oblonga/Reniforme média (1,86 a 2,00); (5) Oblonga/Reniforme longa (>2,00). 04) Grau de achatamento: Baseada no coeficiente H (mm) = Espessura/Largura: (1) Achatada (< 0,69); (2) Semi-cheia (0,70 a 0,79); (3) Cheia (> 0,80). 05) Halo da semente: (1) Ausente; (2) Presente. 06) Cor do halo da semente: (1) Mesma cor da semente; (2) Cor diferente da semente. 07) Cor da semente - Uniformidade: (1) Uniforme; (2) Desuniforme. 08) Cultivar - Grupo Comercial a que pertence: (1) Branco; (2) Carioca; (3) Jalo; (4) Mulatinho; (5) Preto; (6) Rosinha; (7) Roxo; (8) Outros.

Caracteres Quantitativos - Estas foram avaliadas, ao acaso, com o uso de um paquímetro, medindo 50 sementes de cada acesso: 01) Peso das sementes (g): com o uso de uma balança digital, analisando quatro repetições de 100 sementes, com umidade média de 12-14%, por acesso; 02) Tamanho das sementes (cm): onde foram realizadas

a medições do comprimento (medida paralelamente ao hilo); 03) Largura da semente (cm); 04) Espessura da semente (cm): medida desde o hilo até ao lado oposto. 05) Dimensão da semente (cm): valor obtido pela multiplicação do comprimento, com a largura e a espessura.

A análise da divergência entre os acessos, para as variáveis qualitativas consistiu na obtenção da matriz de dissimilaridade com base em variáveis multicategóricas, e para as variáveis quantitativas, a matriz obtida foi baseada na distância euclidiana, em ambos os conjuntos de dados foram empregados os agrupamento pelo método de otimização de Tocher (RAO, 1952) e o hierárquico de agrupamento médio entre grupos (UPGMA). A consistência dos agrupamentos pelo método hierárquico foi verificada por meio do coeficiente de correlação cofenética. Os procedimentos estatísticos foram realizados por meio do programa computacional GENES (CRUZ, 2010).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de agrupamento com a utilização do método de otimização Tocher, fundamentado na matriz de dissimilaridade, baseado em descritores qualitativos multicategóricos, possibilitou as distribuições dos acessos avaliados em seis grupos distintos (Tabela 2). De forma que os grupos I e II foram constituídos por um maior número de acessos, (47,69% e 40,00% dos acessos, respectivamente). O grupo I se destacou por apresentar como características principais para o agrupamento dos acessos, similaridade quanto a nervuras da semente; halo da semente; cor do halo e cor da semente – uniformidade. Já o grupo II se destacou por ser similar apenas para as características nervuras da semente e cor do halo. O grupo III foi formado por apenas três acessos,

correspondendo a 4,61%, apresentando similaridade para as características nervuras da semente; grau de

achatamento; halo da semente; cor do halo e cor da semente – uniformidade.

Tabela 2. Representação do agrupamento pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 65 acessos de feijoeiro mediante a utilização de oito características qualitativas (Cáceres – MT, 2012).

GRUPO	ACESSOS	%
I	4, 52, 1, 26, 34, 53, 56, 57, 29, 48, 35, 38, 37, 42, 17, 11, 2, 28, 46, 13, 27, 21, 7, 15, 64, 3, 54, 61, 43, 14 e 20.	47,69
II	6, 45, 51, 10, 18, 32, 33, 41, 49, 58, 59, 63, 8, 19, 23, 30, 39, 47, 50, 60, 12, 24, 36, 55, 31 e 25.	40,00
III	9, 16 e 22.	4,61
IV	44 e 65.	3,07
V	5 e 62.	3,07
VI	40.	1,53

Enquanto os grupos IV e V apresentaram em sua formação apenas dois acessos cada, caracterizando um bom grau de divergência em relação aos acessos avaliados. Sendo que o grupo IV foi similar para as características padrão do tegumento da semente; forma da semente; grau de achatamento; halo da semente; cor do halo e cor da semente – uniformidade, já o grupo V apresentou similaridade para as características nervuras da semente; padrão do tegumento da semente; grau de achatamento; halo da semente e cor do halo. O grupo VI, formado apenas pelo acesso Roxinho (76-G2) sugerindo que este seja o mais divergente entre os acessos analisados via características multicategóricas das sementes.

Para as características qualitativas, utilizando o método Tocher, foi capaz de agrupar os acessos similares no mesmo grupo. Fato semelhante observado por Sudré et al. (2006), avaliando a divergência genética entre acessos de *Capsicum* ssp. e verificando a eficiência da utilização de medidas de dissimilaridade, concluindo que as características qualitativas analisadas pelo método de Tocher foram capazes de diferenciar as espécies avaliadas em seus determinados grupos. De acordo com Ferrão et al.

(2002) estudos a respeito de divergência genética apresentam grande relevância no melhoramento de plantas, por fornecerem parâmetros para identificação de progenitores que, quando cruzados, possibilitam o aparecimento de materiais superiores, além de facilitarem o conhecimento da base genética da população avaliada.

A análise intergrupos revelou que os valores mais elevados de divergência genética ocorreram entre os grupos I e IV (0,73), III e VI (0,71), e maior similaridade genética entre os grupos I e III (0,42), sugerindo que a descendência do cruzamento entre os acessos dos grupos I e IV possuiria uma base genética bem mais ampla do que aqueles descendentes do cruzamento dos acessos dos grupos I e III (Tabela 3). Com relação à distância intragrupo, o grupo II (0,21), apresenta a menor distância entre os acessos pertencentes a este grupo e a maior distância intragrupo foi observada no grupo V (0,37). Segundo Vasconcelos et al. (2007), o método de Tocher apresenta a distância média dentro dos grupos sempre menor que a distância média entre os grupos, portanto haverá mais homogeneidade entre os acessos de um mesmo grupo do que os acessos de diferentes grupos.

Tabela 3. Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 65 acessos de feijoeiro mediante a utilização de oito características qualitativas (Cáceres – MT, 2012).

GRUPOS	I	II	III	IV	V	VI
I	0,28	0,54	0,42	0,73	0,43	0,62
II		0,21	0,57	0,52	0,54	0,52
III			0,33	0,64	0,58	0,71
IV				0,25	0,62	0,50
V					0,37	0,68
VI						-

A análise realizada através do método hierárquico UPGMA considerando-se o corte de 75% de distância genética, significativo pelo programa estatístico Genes, apresentou a formação

de cinco grupos, sendo o grupo I formado por um grande número de acesso, um total de 49,2% dos 65 acessos analisados, apresentando similaridade para

as características de padrão do tegumento da semente e halo da semente (Figura 1).

O grupo II foi formado por quatro acessos, sendo similares para as características; nervuras da semente; padrão do tegumento da semente; halo da semente e cor do halo. Já o grupo III apresentou em sua formação um total de 25 (38,46%) acessos analisados, onde estes foram similares para as características nervuras da semente e halo da semente. Os grupos IV e V foram os menos representativos, onde o grupo IV, formado pelos acessos NI 04 (89) Facão e Desconhecido (41) sendo similares para as características padrão do tegumento da semente; forma da semente; grau de achatamento; halo da semente; cor do Halo e cor da semente – uniformidade, e o grupo V formado pelo acesso Roxinho (76-G2).

O coeficiente da correlação cofenética (CCC), aplicado ao método de agrupamento pelo teste T, apresentou valores significativos para os métodos, com $r = 0,81$ (a 1% de probabilidade – $P < 0,01$) demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma, com um juste muito bom, possibilitando a realização de inferências por meio da avaliação visual. Para Monteiro et al. (2010), quanto mais próximo da unidade, melhor a representação da matriz de dissimilaridade na forma de dendrograma.

Ambos os métodos demonstraram semelhança no agrupamento dos acessos, porém não idênticos, podendo ser observado que os acessos constituintes dos grupos I, III e V do método Tocher, agruparam-se nos grupos, I e II, pelo método UPGMA.

O grupo II pelo método de Tocher é constituído pelos mesmos acessos do grupo III pelo método de UPGMA, diferenciando apenas pelo acesso Cara Suja (62) que se alocou no grupo I do UPGMA, enquanto os grupos IV e VI do Tocher, são constituídos pelos mesmos acessos dos grupos IV e V pelo método de UPGMA, respectivamente. Uma vez que o UPGMA ofereceu uma apresentação mais detalhada, possibilitando visualizar as distâncias dentro de um determinado grupo, complementando o Tocher, que por sua vez, forneceu grupos distintos. De acordo com Bonett et al. (2006), avaliando a divergência genética entre 63 cultivares de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, concluíram que os resultados observados demonstraram a eficiência do método UPGMA em agrupar genótipos similares, estes agrupamentos mostra que a origem geográfica não reflete, necessariamente, a diversidade genética, pois cultivares de diferentes regiões foram incluídas

dentro de um mesmo grupo, isso evidência, que a divergência genética nas cultivares está relacionada aos genes que as mesmas possuem.

Para as características quantitativas a análise pelo método de otimização de Tocher formou dois grupos (Tabela 4). O grupo I foi o que teve maior número de representantes, uma vez que incorporou 98,46% dos acessos analisados, enquanto o segundo grupo foi o menos expressivo, sendo formado apenas pelo acesso, Carioquinha 11 anos (85), sugerindo que este seja o mais divergente do total analisado.

O método de otimização de Tocher alocou os acessos previamente definidos como mais divergentes de forma isolada em grupo distinto. Resultado semelhante foi verificado por Almeida et al. (2011), fazendo uso do método de Tocher, possibilitou a separação das doze cultivares avaliadas em dois grupos, sendo o grupos I composto por onze das cultivares analisadas, indicando que os possíveis cruzamentos dessas cultivares entre si diminuem a possibilidade de obtenção de genótipos superiores. Podendo verificar à dificuldade em analisar a divergência entre acessos de feijoeiros, pois a maioria dos acessos encontram agrupado em um mesmo grupo.

De acordo com o dendrograma obtido pelo método Hierárquico UPGMA (Figura 2), considerando um corte significativo pelo programa estatístico Genes de 60% de distância genética, possibilitou a formação de quatro grupos, onde dentro de cada grupo possuem acessos com características similares e entre os agrupamentos verificam-se características distintas para os acessos analisados, conforme mencionado por Cruz; Carneiro (2003), onde os pontos de alta mudança de nível são considerados delimitados do número de genótipos para determinado grupo.

O grupo I foi o mais numeroso sendo dividido em três subgrupos, onde o subgrupo I.a, é formado por um total de 60,00% dos acessos avaliados, onde a principal característica para a junção desses acessos neste subgrupo foi por apresentarem maior largura da semente, se comparado com os demais grupos. O subgrupo I.b sendo formado por 24,61% dos acessos avaliados, teve como característica similar menor comprimento, largura e espessura da semente. Já o subgrupo I.c, formado com 9,23% dos acessos, agrupando os acessos Rosinha (50-G3), Rosinha (53-G3), Branco (55), Rins de Boi (71), Rosinha (73-G3) e Carioca (34), agrupando os acessos similares para a característica comprimento da semente.

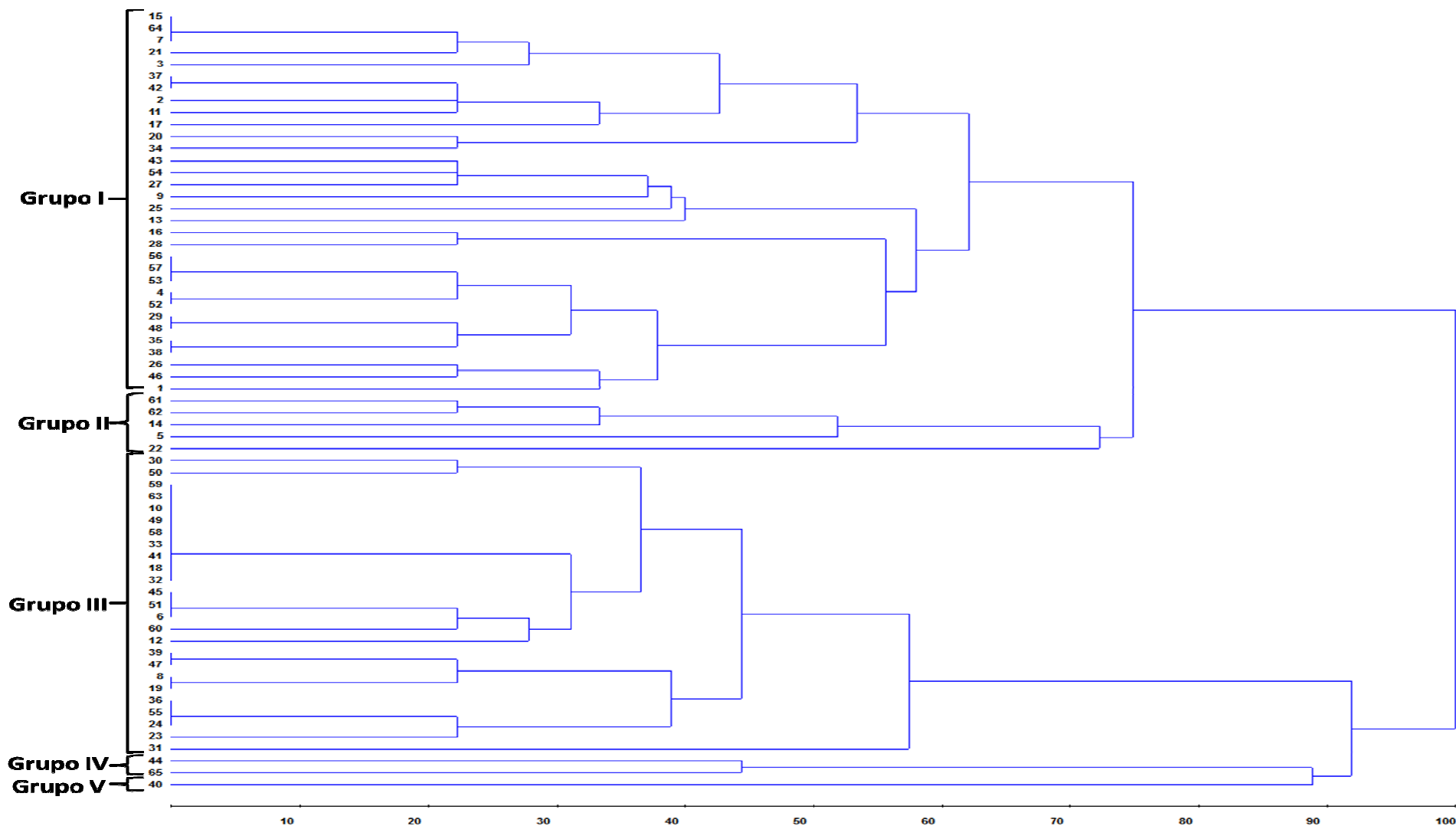


Figura 1. Dendrograma representativo do agrupamento de 65 acessos de feijão, pelo Método UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de oito características qualitativas da semente (Cáceres-MT, 2012).

Tabela 4. Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 65 acessos de feijoeiro mediante a utilização de cinco características quantitativas (Cáceres – MT, 2012).

GRUPO	ACESSOS	%
I	16, 39, 48, 13, 58, 33, 45, 60, 11, 63, 3, 20, 25, 23, 61, 28, 6, 7, 2, 37, 36, 27, 24, 34, 55, 50, 26, 59, 21, 42, 31, 52, 29, 44, 49, 64, 15, 51, 8, 46, 12, 9, 4, 19, 32, 30, 54, 57, 62, 10, 53, 17, 38, 1, 43, 18, 35, 14, 5, 22, 56, 41, 40 e 65.	98,46
II	47.	1,54

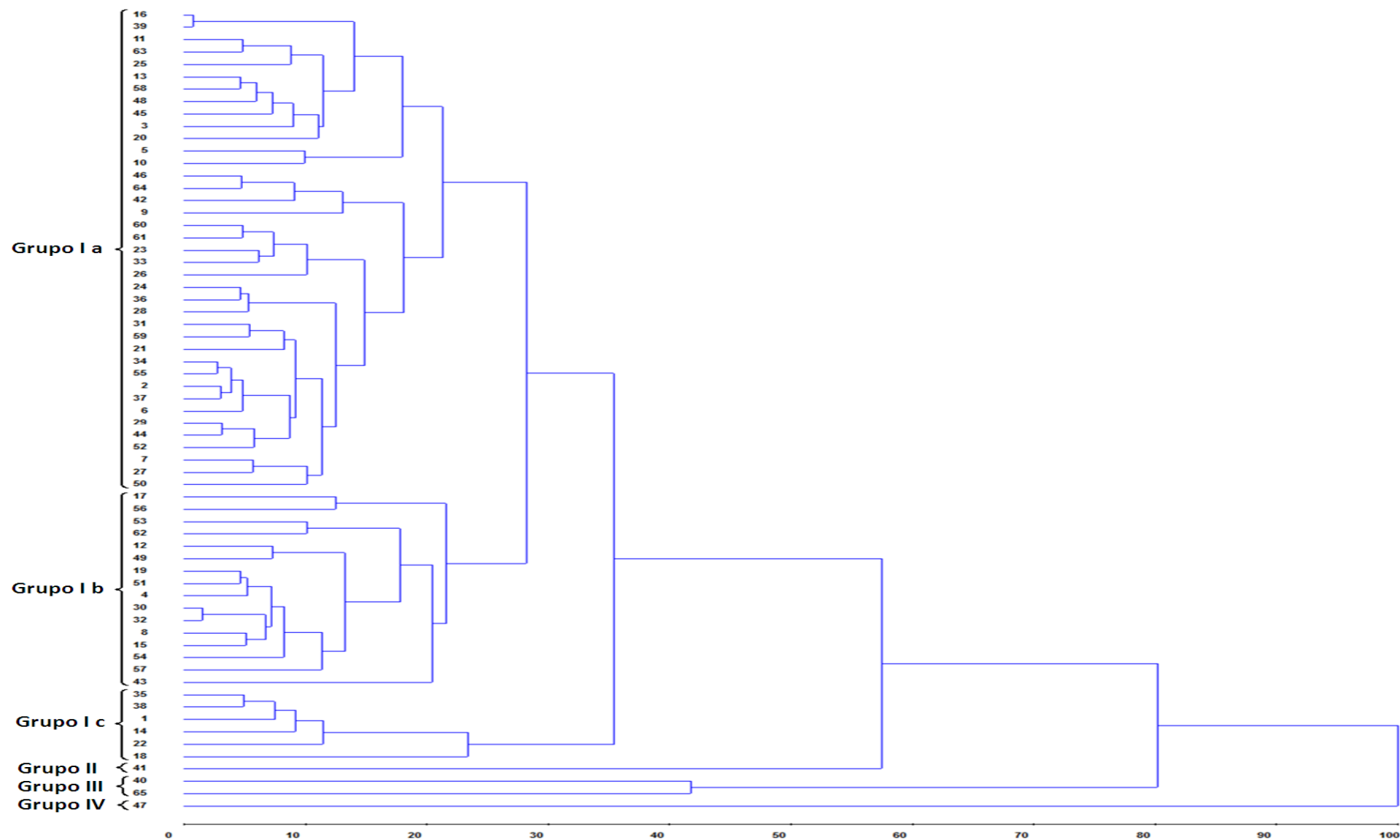


Figura 2. Dendrograma representativo do agrupamento de 65 acessos de feijão, pelo Método UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de cinco características quantitativas da semente (Cáceres-MT, 2012).

O grupo II e IV foi formado por apenas um acesso cada, sendo o grupo II representado pelo acesso Carioquinha (75) e o grupo IV pelo acesso Carioquinha 11 anos (85), onde o grupo II se destacou por apresentar maior valor para peso de 100 sementes, e o grupo IV, apresentou menor peso e espessura das sementes. Já o grupo III caracterizou-se por apresentar maior comprimento e dimensão das sementes, agrupando 3,06% dos acessos avaliados, constituindo apenas pelos acessos, Roxinho (76-G2) e Desconhecido (41).

Fazendo o emprego do coeficiente da correlação cofenética (CCC), aplicado o método de agrupamento pelo teste T, apresentou valor significativo para o método, com $r = 0,91$ (a 1% de probabilidade – $P < 0,01$) demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e os métodos utilizados, com ajuste muito bom. Sendo que valores entre 0,9 a 1,0 indicam um ajuste muito bom entre a matriz de dissimilaridade e o gráfico (dendrograma). Entretanto, faz-se necessário identificar se estes valores são significativos pelo teste T, indicando assim a significância de cada um dos métodos avaliados sobre a sua representação gráfica.

Ambos os métodos demonstraram semelhança no agrupamento dos acessos, porém não idênticos, podendo ser observado o grupo I do método Tocher, é formado pelos mesmos acessos dos grupos, I.a, I.b, I.c. II e III do método UPGMA. O método hierárquico UPGMA e o método de agrupamento de otimização Tocher, baseados nos descritores quantitativos, foram concordantes em agrupar de forma isolada o acesso Carioquinha 11 anos (85).

Com o método UPGMA foi possível agrupar os acessos mais similares, representando de forma mais detalhada além de possibilitar a visualização da distância existente entre cada acesso em cada grupo. Em relação ao Tocher, o UPGMA apresenta uma formação mais complexa, referindo-se as menores distâncias, permitindo uma visualização de acessos mais similares dentro dos grupos.

Os descritores qualitativos multicategóricos permitiram uma melhor diferenciação interespecífica em relação aos descritores quantitativos provavelmente em função do tipo de herança gênica, pois tais descritores são controlados por poucos genes e, portanto, menos afetados pelo ambiente (MONTEIRO et al., 2010). O uso

conjunto de dados quantitativos e qualitativos através do método de agrupamento de UPGMA obteve resultados que não foram concordantes na forma de agrupamento dos acessos.

O agrupamento pelo método de Tocher utilizando dados quantitativos foi diferente do agrupamento utilizando dados qualitativos, pois na análise de dados quantitativos houve a formação de dois grupos enquanto o agrupamento de dados qualitativos houve a formação de seis grupos distintos, onde todos os grupos apresentaram alteração no agrupamento para ambos os grupos formados. Resultado semelhante foi encontrado por Neitzke et al. (2010), avaliando a dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental, onde obtiveram diferenças em relação ao número de grupos formados pelo método de Tocher.

A descrição e avaliação dos acessos de feijoeiro através das oito características qualitativas apresentou um agrupamento de forma mais detalhada, com a formação de um maior número de grupos, enquanto que as cinco características quantitativas, formou um número menor de grupos, isto ocorre por utilizar uma pequena quantidade de características onde as mesmas foram insuficientes para formar um bom agrupamento dos acessos, sendo indicado para futuros trabalhos o uso maior de características qualitativas e quantitativas de sementes. De acordo com Rocha et al. (2010) a análise conjunta de dados qualitativo e quantitativo pode permitir melhor compreensão das características consideradas e, principalmente, conclusões mais robustas do ponto de vista estatístico sobre o relacionamento genético entre os acessos estudados.

CONCLUSÕES

Os acessos avaliados apresentam ampla variabilidade genética e que alguns são promissores a serem utilizados em futuros trabalhos de melhoramento.

Apesar de apresentar um número muito grande de acessos similares, os métodos foram eficazes em identificar alguns materiais que diferem completamente dos demais analisados.

Os métodos de agrupamento foram parcialmente concordantes, onde os acessos que apresentaram similaridade foram ordenados no mesmo grupo.

ABSTRACT: This study aimed to assess the genetic diversity of traditional bean accesses the Active Germplasm Bank at the University of Mato Grosso via characteristics of seeds of 65 common bean accessions of Active Germplasm Bank of Phaseolus Unemat, where the characterization of the seed foirealizada through eight morphological

descriptors qualitative and quantitative descriptors five, subjected to two methods of grouping, Tocher optimization and hierarchical UPGMA, compare their results. The characterization of the seed was performed using qualitative descriptors of eight and five quantitative descriptors. The characterization of the seed was performed using qualitative descriptors of eight and five quantitative descriptors. Qualitative data showed the formation of six groups by Tocher optimization method and five groups by UPGMA, as occurred for the quantitative formation of two groups by Tocher method four groups by UPGMA, based on *Euclidean* distance. The study enabled us to verify the access and the most divergent behavior of the two clustering methods, which showed similarity in the grouping of accessions, allowing a good view of the genetic distance between accessions for both quality characteristics based on multicategorical variables and for quantitative traits, showing the existence of genetically different materials. The combined use of two methods associated with analysis of qualitative and quantitative characters provided a more accurate assessment of access and in both cases the UPGMA complemented the Tocher.

KEYWORDS: *Phaseolus vulgaris*. Plant Breeding. Clustering methods.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Uberlândia, v. 42, n. 1, p. 108-115, jan-mar. 2011.
- BONETT, L. P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SCHUELTER, A. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONELA, A.; LACANALLO, G. F. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no Estado do Paraná, Brasil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 27, n. 4, p. 547-560, out-dez. 2006.
- CARVALHO, M. F.; CRESTANI, M.; FARIAS, F. L.; COIMBRA, J. L. M.; BOGO, A. GUIDOLIN, A. F. Caracterização da diversidade genética entre acessos crioulos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) coletados em Santa Catarina por marcadores RAPD. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 6, p. 1522-1528, set. 2008.
- CONAB. **12º Levantamento de grãos: Perfil Do Agronegócio Brasileiro**. Base 2011. http://www.agricultura.mg.gov.br/files/perfil/perfil_brasil.pdf Acesso em: fev. 2012.
- CRUZ, C. D. *Programa Genes – Versão Windows*. Viçosa: UFV, 2010.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v. 2, 2003. 585 p.
- ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, out. 2007.
- FAO. Faostat database gateway. **Food and Agricultural commodities production**. Base 2010. <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx> Acesso em: 26 abr. 2012.
- FERRÃO, M. A. G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. Divergência genética em feijoeiros em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 8, p. 1089-1098, aug. 2002.
- MONTEIRO, E. R.; BASTOS, E. M.; LOPES, Â. C. A.; GOMES, R. L. F.; NUNES, J. A. R. Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. **Ciência Rural**, Universidade Rural de Santa Maria, v. 40, n. 2, p. 288-293, fev. 2010.
- NEITZKE R. S.; BARBIERI R. L.; RODRIGUES W. F.; CORRÊA I. V.; CARVALHO F. I. F. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 1. p. 47-53, jan-mar. 2010.

- OLIVEIRA, J. P.; BARROS, L. R.; PELOSO, M. J. D.; MELO, L. C.; SILVA S. C. **Parecença entre Acessos Tradicionais de Feijão Jalo Utilizando o Método de Ward**. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. 2011. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/898073/1/3447.pdf> Acesso em: 10 de setembro de 2012.
- RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Willey, 1952. 390 p.
- ROCHA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; SILVA, P. R. A.; CARMO, M. G. F.; ABBOUD, A. C. S. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 3, p. 423-431, jul-set. 2010.
- RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Divergência genética entre cultivares local e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 9, set. 2002.
- SILVA, H. T. **Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005.
- SILVA, H. T.; COSTA, A. O. **Caracterização botânica de espécies silvestres do gênero *Phaseolus* L. (Leguminosae)**. Santo Antônio de Goiás, 40 p. Embrapa: 2003.
- SINGH, S. P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, Davis, v. 45, p. 379-396, jan-fev. 1991.
- SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SILVA, D. J. H.; PEREIRA, T. N. S. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, Campos dos Goytacazes, v. 24, n.1, p. 88-93, jan-mar, 2006.
- VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L. RESENDE JÚNIOR, M. F. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1421-1428, out. 2007.
- VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1998. 596 p.