

POTENCIAL DE UMA POPULAÇÃO F<sub>2</sub> DE FEIJÃO-DE-VAGEM  
PARA UTILIZAÇÃO EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO  
GENÉTICO

**DALCIRLEI PINHEIRO ALBUQUERQUE**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO – 2021

POTENCIAL DE UMA POPULAÇÃO F<sub>2</sub> DE FEIJÃO-DE-VAGEM  
PARA UTILIZAÇÃO EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO  
GENÉTICO

**DALCIRLEI PINHEIRO ALBUQUERQUE**

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Orientador: Prof. Geraldo de Amaral Gravina

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO – 2021

### FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

A345

Albuquerque, Dalcirlei Pinheiro.

Potencial de uma população  $F_2$  de feijão-de-vagem para utilização em programas de melhoramento genético / Dalcirlei Pinheiro Albuquerque. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

106 f. : il.

Bibliografia: 76 - 94.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2021.

Orientador: Geraldo de Amaral Gravina.

1. População segregante. 2. Análises multivariadas. 3. Correlações. 4. REML/BLUP. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

POTENCIAL DE UMA POPULAÇÃO F<sub>2</sub> DE FEIJÃO-DE-VAGEM  
PARA UTILIZAÇÃO EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO  
GENÉTICO

**DALCIRLEI PINHEIRO ALBUQUERQUE**


“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 08 de março de 2021

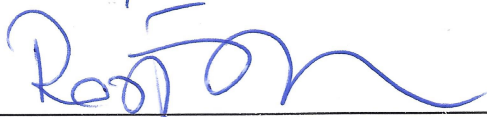
Comissão Examinadora:




Prof. Davi Henrique Lima Teixeira (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)  
UFRA



Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF



Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia - Produção Vegetal) - UENF  
(Orientador)

## **DEDICATÓRIA**

Aos meus pais, Maria Alice Pinheiro Lopes e Doraci Galdino Albuquerque;  
À minha irmã Darcilene Pinheiro Albuquerque;  
À minha sobrinha Evillyn Saphira da Silva Braga;  
Pelo incentivo, suporte e compreensão nos momentos em que estive ausente.

Dedico

## **AGRADECIMENTOS**

Ao meu âmago familiar, minha mãe Maria Alice Pinheiro Lopes, meu pai Doraci Galdino Albuquerque, minha irmã Darcilene Pinheiro Albuquerque e minha sobrinha Evillyn Saphira, por toda força e apoio que me deram para enfrentar os obstáculos que tive em meu caminho e por sempre acreditarem em mim. Vocês são minhas maiores inspirações;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, por possibilitar a realização de mais esta etapa de grande importância em minha vida;

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, pela oportunidade de trilhar esses dois anos de mestrado e pelos conhecimentos adquiridos;

Ao meu professor e orientador, Geraldo de Amaral Gravina, pela preciosa orientação, pelos ensinamentos, paciência, disponibilidade, dedicação e confiança depositada em mim nestes anos de trabalho;

À Geovana Entringer, minha coorientadora, por todo auxílio, ensinamentos e paciência;

Ao meu antigo orientador e amigo, professor Davi Henrique Lima Teixeira, por toda ajuda e incentivo;

Ao competentíssimo secretário do programa José Daniel Valle de Almeida, por sua incrível dedicação, sempre ajudando nos mais diversos assuntos acadêmicos, pela paciência e conselhos repassados;

Aos meus colegas do Laboratório de Engenharia Agrícola – Setor de Estatística, em especial Cleudiane Lopes, Derivaldo Cruz, Israel Martins e Rafael “Cabral” que foram essenciais no trabalho de campo e análises estatísticas, sem os quais eu não teria conseguido cumprir todas as etapas;

A todos os funcionários da PESAGRO-RIO de Campos dos Goytacazes por todo comprometimento e ajuda no decorrer da implantação e condução do experimento de campo;

Aos meus amigos Maricélio Souza, Ícaro Castro, Daniel Pereira, Suellem Sousa, Camila Rocha, Karina Reis, Rafael Miranda, Arianny Moraes, Francisco Rossetti Neto e Luzinete Romão, pela eterna amizade;

Aos colegas pós-graduandos que tive a honra de conhecer e que hoje tenho orgulho de chamar de amigos: Cleudiane Lopes, Vivane Lanhelas, Kevelin Barbosa, Débora Mendes, Fernando Walter, Larissa Resende Talles Oliver, Rysley Fernandes, Marcelo Moura, Alex Souza e Uéllinton Alves.

A turma da graduação que eu tive o prazer de conhecer e viver momentos incríveis: Danielle Lamêgo, Rayssa Barbosa, Giuliano Ferrante, Yasmin Silva, Luisa Provenzano, Guilherme Wetler, João Vitor Pardo, Kristian Vinco e Antônio Schandler;

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ, pela concessão da Bolsa Nota 10;

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001;

Enfim, a todos aqueles que contribuíram, da forma mais singela até a mais complexa, para o desenvolvimento da presente pesquisa e realização desta etapa importante para o meu desenvolvimento profissional. Foram pessoas que, comigo, acreditaram que esse sonho poderia se tornar realidade.

Muito obrigado!

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	vii
<b>ABSTRACT</b> .....	ix
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	4
2.1. Objetivo Geral.....	4
2.2. Objetivos Específicos .....	4
<b>3. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	5
3.1. Feijão-de-vagem: classificação botânica, origem e dispersão.....	5
3.2. Características gerais da cultura do feijão-de-vagem.....	6
3.3. Valor nutricional e importância socioeconômica do feijão-de vagem .....	7
3.4. Melhoramento genético do feijão-de-vagem.....	9
3.5. Histórico do programa de melhoramento do feijão-de-vagem da UENF ....	11
3.6. Diversidade genética e análises multivariadas .....	16
3.7. Descarte de caracteres.....	19
3.8. Correlações no melhoramento .....	21
3.9. Modelos mistos REML/BLUP .....	22
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	25
4.1. Material Genético .....	25
4.2. Condução do experimento de campo .....	25
4.3. Características avaliadas.....	27
4.4. Análises genético-estatísticas .....	29



4.4.1. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos superiores .....	30
4.4.2. Descarte de caracteres redundantes ou que pouco contribuem na variação .....	30
4.4.3. Estimação da divergência genética entre indivíduos $F_2$ .....	31
<b>5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>32</b>
5.1. Estatística descritiva .....	33
5.2. Hábito determinado .....	47
5.2.1. Estimativas de parâmetros genéticos via REML .....	47
5.2.2. Descarte de caracteres redundantes .....	49
5.2.3. Divergência genética por meio de agrupamentos.....	53
5.2.4. Predição dos valores genotípicos via Blup.....	55
5.3. Hábito indeterminado.....	59
5.3.1. Estimativas de parâmetros genéticos via REML .....	59
5.3.2. Descarte de caracteres redundantes .....	61
5.3.3. Divergência genética por meio de agrupamentos.....	65
5.3.4. Seleção dos melhores genótipo via Blup .....	67
<b>6. CONCLUSÕES.....</b>	<b>74</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>76</b>

## RESUMO

ALBUQUERQUE, Dalcirlei Pinheiro; Ms.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; março, 2021; POTENCIAL DE UMA POPULAÇÃO F<sub>2</sub> DE FEIJÃO-DE-VAGEM PARA UTILIZAÇÃO EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO. Orientador: Geraldo de Amaral Gravina; Conselheiros: Marcelo Vivas e Rogério Figueiredo Daher.

O feijão-de-vagem é uma importante hortaliça no contexto socioeconômico das regiões Norte e Noroeste Fluminense, onde encontra condições edafoclimáticas ideais ao seu desenvolvimento. Apesar da boa produtividade, ainda há desafios quanto ao melhoramento da cultura para atender diferentes demandas de mercado. Pesquisas de melhoramento genético têm início em hibridações controladas para exploração da variabilidade genética e posterior seleção dos melhores materiais. Nesse contexto, as metodologias multivariadas para avaliar a divergência genética, bem como a de modelos mistos (REML/BLUP) para predições mais precisas de parâmetros e valores genéticos têm extrema relevância. A presente pesquisa teve por objetivo avaliar a variabilidade genética de uma população F<sub>2</sub> e descartar variáveis de pouca importância na avaliação a fim de otimizar o programa de melhoramento genético desenvolvido na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Para a obtenção da população segregante, foram realizadas hibridações entre uma linhagem identificada nesta pesquisa como Linhagem Amarela e a cultivar UENF Goytacá, genitores contrastantes para cor da vagem. As sementes da geração F<sub>2</sub> foram avaliadas em área experimental da PESAGRO-Rio, onde utilizou-se na

semeadura 320 covas em um total de dez linhas de 16 metros em espaçamento de meio metro entre plantas e um metro entre linhas. As plantas das extremidades e duas linhas laterais de feijão-caupi foram utilizadas como bordadura. Após eliminação decorrente da seleção natural, restaram 213 plantas, sendo 178 de hábito indeterminado e 35 de hábito determinado e então decidiu-se separar as plantas nos dois tipos de hábitos e, assim, direcionar duas vertentes dentro do programa de melhoramento da UENF. Após a obtenção dos dados referente a 16 características qualitativas e quantitativas procedeu-se as análises estatísticas. Para verificar a distribuição dos dados das variáveis foi realizada, de início, análises descritivas. Em seguida, para a obtenção das estimativas de parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos foi utilizada a metodologia REML/BLUP. A possibilidade de descarte de caracteres redundantes foi averiguada por meio das metodologias de Singh, de componentes principais e os coeficientes de correlação. Para constatar a variabilidade genética da população, foram realizadas análises de agrupamentos pelos métodos de Tocher e UPGMA utilizando como medida de dissimilaridade a Distância Euclidiana Média Padronizada. Por fim, selecionou-se também com base nas análises de modelos mistos os 30 melhores indivíduos para a característica número total de vagens por planta, apenas nas plantas de hábito indeterminado. Todos os caracteres apresentaram, em maior ou menor grau, variação fenotípica, sendo os genótipos considerados promissores devido aos altos valores observados para as características. Propôs-se o descarte da massa de matéria verde de uma vagem e largura da vagem para o hábito de crescimento determinado e indeterminado, respectivamente, pois apresentaram-se redundantes. Ainda, foi constatada a formação de grupos divergentes por ambas as metodologias de agrupamento, o que corrobora a variabilidade existente. A seleção dos 30 melhores genótipos acarretou em ganhos de 7,62% para o número total de vagem por planta. Assim, os genótipos selecionados têm capacidade para serem avançados pelo método genealógico e dar continuidade ao programa de melhoramento de feijão-de-vagem da UENF.

**Palavras-chave:** População segregante; Análises multivariadas; Correlações; REML/BLUP.

## ABSTRACT

ALBUQUERQUE, Dalcirlei Pinheiro; Ms.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; march, 2021; POTENTIAL USAGE OF A F<sub>2</sub> POPULATION OF SNAP BEAN IN BREEDING PROGRAMS. Advisor: Geraldo de Amaral Gravina; Counselors: Marcelo Vivas and Rogério Figueiredo Daher.

Snap bean is an important vegetable in the socioeconomic context of the North and Northwest regions of Rio de Janeiro, where it finds ideal edaphoclimatic conditions for its development. Despite the good productivity, there are still challenges regarding the improvement of the culture to meet different market demands. Genetic improvement research has started in controlled hybridization to explore the genetic variability and later selection of the best materials. In this context, multivariate methodologies to evaluate genetic divergence, as well as mixed models (REML/BLUP) for more accurate predictions of parameters and genetic values have extreme relevance. This research aimed to evaluate the genetic variability of a F<sub>2</sub> population and discard variables of smaller importance in the evaluation in order to optimize the breeding program developed at the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). To obtain the segregant population, hybridization was performed between a lineage identified in this research as Linhagem Amarela and the UENF's cultivar Goytacá; two parents contrasting for pod color. The seeds of the F<sub>2</sub> generation were evaluated in the experimental area of PESAGRO-Rio, where 320 holes were used in the sowing, totalizing ten lines of 16 meters in spacing of half a meter between plants and one

meter between lines. The plants at the ends of the lines and of two lateral lines were sowed with of cowpea seeds and used as borders. After elimination due to natural selection, 213 plants were left, 178 of indeterminate habit and 35 of determinate habit and then it was was then decided to separate the plants in the two types of growth habits and and thus direct two lines of research within the UENF's breeding program. After obtaining data referring to 16 qualitative and quantitative characteristics we proceeded with the statistical analysis. To verify the distribution of variable data, descriptive analysis was initially performed. Then, to obtain the estimates of genetic parameters and prediction of genetic values the REML/BLUP methodology was used. The possibility of discarding redundant characteristics was investigated through the methodology of Singh (1981), principal components and correlation coefficients. To verify the genetic variability of the population, cluster analysis were performed through the methods of Tocher and UPGMA using the Standardized Mean Euclidean Distance as a dissimilarity measure. Finally, the 30 best individuals for the characteristic total number of pods per plant were also selected, based on the analysis of mixed models, only in plants of indeterminate habit. All traits, to a greater or lesser degree, phenotypic variation, and the genotypes were considered promising due to the high values observed for the characteristics. It was proposed to discard the fresh mass of pod and pod width for the determined and indeterminate growth habit, respectively, as they were redundant. Furthermore, the formation of divergent groups was found in both grouping methodologies used, which corroborates the existing variability. The selection of the 30 best genotypes resulted in gains of 7.62% for the total number of pods per plant. Thus, the selected genotypes are able to be advanced by the genealogical method and continue the UENF snap bean breeding program.

**Keywords:** Segregating population; Multivariate analysis; Correlations; REML/BLUP.

## 1. INTRODUÇÃO

O feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma hortícola de importância econômica global, sendo produzida e consumida em vários países. Sua produção mundial é estimada em cerca de 21 milhões de toneladas (FAO, 2019). Embora pertença a mesma espécie botânica do feijão-comum, difere na sua forma de consumo que é feito a partir das vagens imaturas, consideradas uma excelente fonte alimentar de fibras, vitaminas, minerais, carboidratos e proteínas (Yuan et al., 2017; Fukuji et al., 2019). A cultura possui alta rentabilidade devido ao seu ciclo curto e boa produtividade (Viçosi et al., 2020). Entretanto, ainda há uma grande demanda no mercado nacional (Vilela et al., 2009) e internacional (Seif et al., 2016).

Nas regiões Norte e Noroeste Fluminense, a cultura ganha destaque, pois apresenta boa adaptabilidade ao clima quente característico de algumas épocas do ano (Francelino et al, 2011). Apesar da importância no cenário da agricultura fluminense, essa espécie ainda tem potencial a ser explorado e há demanda constante de novos materiais adaptados, produtivos e com boa qualidade de vagem, visto que ainda hoje há poucas cultivares disponíveis (Sant'anna et al. (2020). Esses fatores refletem uma demanda de pesquisas visando o melhoramento genético do feijão-de-vagem na região, com a utilização de métodos de melhoramento, avaliação e seleção em populações segregantes.

Pesquisas na área de melhoramento para a cultura do feijão-de-vagem têm como finalidade, a médio e longo prazo, gerar linhagens cada vez mais

produtivas, com vagens cada vez mais atrativas, de forma a alcançar cada fatia do mercado consumidor, e, assim, trazer mais rentabilidade aos pequenos produtores da região (Abreu et al., 2004; Almeida et al., 2014).

Em programas de melhoramento genético de espécies autógamas é comum a realização de cruzamentos controlados, que devem ser feitos entre genitores homozigotos contrastantes para uma ou mais característica e que possuam bons atributos agrônômicos. Com isso, é possível aumentar e explorar a variabilidade em populações segregantes, sem a qual não seria possível a obtenção de progresso no melhoramento de plantas (Coimbra et al., 2004). Assim, a seleção dos genitores para hibridações é uma das decisões de maior importância a ser tomada pelo melhorista (Pereira et al., 2007), podendo haver acréscimo suficiente da variabilidade genética para obter-se ganhos com a seleção.

Uma importante metodologia no contexto do melhoramento genético vegetal para averiguar a existência de variabilidade é a de modelos mistos REML/BLUP (Henderson, 1975) que se destaca por proporcionar estimações e predições mais precisas de parâmetros e valores genéticos e tem contribuído para aumentar a eficiência na avaliação genética dos candidatos à seleção (Resende, 2002; Alves e Resende, 2008). Os modelos mistos têm sido utilizados com excelência em trabalhos com feijão-de-vagem (Cruz et al., 2018; Gomes et al., 2018).

Após verificada a existência de variabilidade, uma forma viável de examiná-la e explorá-la em uma população segregante se dá a partir de estudos de diversidade genética por meio de técnicas biométricas multivariadas que permitam unificar múltiplas informações resultando na escolha de genótipos promissores ao programa de melhoramento. Entre as metodologias multivariadas destacam-se as de componentes principais e os métodos de agrupamento (Sudré et al., 2005; Cruz et al., 2012), bem como a metodologia de Singh (1981) para contribuição relativa dos caracteres.

A avaliação e seleção dos genótipos promissores nas etapas iniciais de um programa de melhoramento é um passo crucial, a fim de reduzir custos em recursos financeiros, tempo e mão de obra no desenvolvimento de novas cultivares. Dessa forma, explorar a variabilidade de uma população F<sub>2</sub> permite obter informações suficiente para o sucesso da seleção de plantas superiores,

bem como estratégias de condução desses materiais, o que poderá levar, a médio e longo prazo, ao desenvolvimento de linhagens endogâmicas potenciais a serem registradas como novas cultivares junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento.

O propósito do Programa de Melhoramento de Feijão-de-vagem que vem sendo desenvolvido pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) é o desenvolvimento de novas cultivares que contribuam para a maior competitividade e sustentabilidade da cadeia produtiva nas condições edafoclimáticas da Região Norte do Estado do Rio de Janeiro.



## **2. OBJETIVOS**

### **2.1. Objetivo Geral**

Avaliar a variabilidade genética de uma população  $F_2$  e descartar variáveis de pouco importância na avaliação a fim de otimizar o programa de melhoramento genético desenvolvido na UENF.

### **2.2. Objetivos Específicos**

Estimar parâmetros genéticos na população segregante e identificar grupos de plantas divergentes quanto as características morfológicas;

Identificar as características que mais contribuem para a variabilidade da população e descartar as que pouco contribuem na variação observada ou são redundantes;

Prever o ganho com a seleção para o número de vagens por planta e selecionar os melhores indivíduos para o avanço de geração.

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1. Feijão-de-vagem: classificação botânica, origem e dispersão

O feijão-de-vagem, bem como o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), pertence ao ramo Embryophytae Syphonogamae, sub-ramo Angiospermae, classe Dicotyledoneae; subclasse Archichlamydeae, ordem Rosales, família Fabaceae, subfamília Papilionideae, tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolineae, gênero *Phaseolus* e espécie *Phaseolus vulgaris* L. É uma espécie diploide, com  $2n=2x= 22$  e seus cromossomos são considerados curtos se comparados com os de outras espécies vegetais (Vieira et al., 1999).

O gênero *Phaseolus* é composto por cerca de 55 espécies, mas apenas cinco são cultivadas: o feijoeiro comum e o feijão-de-vagem (*P. vulgaris* L.), o feijão-de-lima (*P. lunatus* L.), o feijão Ayocote (*P. coccineus* L.), o feijão-tepari (*P. acutifolius* L.) e o *Phaseolus polyanthus* Greenman (Debouck, 1993), sendo a primeira a espécie mais cultivada e amplamente distribuídas no mundo todo, considerada alimento indispensável em alguns locais (Singh, 2001).

Estima-se que a espécie tenha sido domesticada há mais de sete mil anos (Vieira et al., 1999). A hipótese de origem mais creditada para o feijão até o momento indica que, a partir de uma área central nas encostas ocidentais dos Andes no norte do Peru e do Equador, os grãos silvestres foram dispersos ao norte (para a Colômbia, América Central e México) e ao sul (para o sul do Peru, Bolívia e Argentina), o que resultou, de acordo com o tipo de faseolina constituinte da semente, nos conjuntos gênicos Mesoamericano e Andino, respectivamente

(Arantes et al., 2008; Bitocchi et al., 2012). É sugerido também um terceiro centro localizado na região da Colômbia (Debouck, 1986; Gepts e Debouck, 1991).

A evolução isolada nos dois conjuntos gênicos resultou em mudanças evolutivas significativas, tais como morfológicas, fisiológicas e genéticas. Em relação aos centros de diversidade genética, Debouck (1988) cita três centros, tanto para espécies silvestres como cultivadas, podendo ser identificados nas Américas, os centros Mesoamericanos, Norte e Sul dos Andes.

O feijão-de-vagem e feijão comum compartilham a mesma classificação botânica e têm como nome específico *P. vulgares* L., sendo que o primeiro é resultante de uma mutação genética do segundo e, portanto, apresentam o mesmo centro de origem. No entanto, devido às mutações genéticas sofridas pelo feijão comum introduzido na América, o local de evolução e melhoramento do feijão-de-vagem como cultura se deu no continente europeu, mais precisamente a França e Países Baixos, onde as primeiras cultivares apropriadas para colheita e consumo de vagens ainda imaturas foram obtidas no início do século XIX, oriundas de cruzamentos entre feijões cultivados na Europa e genótipos da América Central (Oca, 1987; Silbernagel et al., 1991).

### **3.2. Características gerais da cultura do feijão-de-vagem**

O feijão-de-vagem apresenta uma ampla adaptação a climas quentes e amenos, permitindo seu cultivo em uma ampla faixa térmica, variando de 18 a 30°C (Vieira et al., 1999). Em temperaturas superiores a 35°C há deficiência na polinização, resultando em vagens deformadas e queda significativa na produtividade (Peixoto et al., 2002). Além disso, é intolerante a temperaturas inferiores a 15°C e geadas, o que torna limitado seu cultivo durante o inverno, ocasionando baixa germinação e desenvolvimento retardado das plantas (Mariot, 2000).

É uma espécie anual diploide, predominantemente autógama, com baixa porcentagem de fecundação cruzada, em torno de 1 a 3% (Harlan, 1975). As plantas são herbáceas, com caule volúvel formado por um eixo principal, no qual saem ramificações (primárias e secundárias), possuem sistema radicular do tipo pivotante e folhas compostas e trifolioladas (Castellane et al., 1988). Três características básicas são usadas para a diferenciação das variedades de feijão-de-vagem: hábito de crescimento, tipo e coloração da vagem.

As plantas apresentam principalmente dois hábitos de crescimento: o hábito determinado (Tipo I), quando a porção terminal da haste se encerra em uma inflorescência, podendo atingir 0,50 metro de altura com período de floração curto, cerca de 14 dias, e ciclo entre 60 e 80 dias (Filgueira, 2013). O segundo é o hábito indeterminado (Tipo IV), quando a extremidade da haste termina em um meristema vegetativo que possibilita a continuidade do crescimento da planta que pode ultrapassar 2,5 metros de altura, com período de floração superior a 25 dias e ciclo entre 100 e 110 dias (Castellane et al., 1988; Filgueira, 2013), sendo necessário o tutoramento das plantas que apresentam esse hábito, o que torna o trabalho mais oneroso, razão pela qual o seu custo de produção por área é mais alto, porém mais produtivo.

Em relação ao tipo de vagem, no Brasil, as cultivares comerciais de feijão-de-vagem são classificadas em três grupos, conforme o formato da seção circular, são eles: macarrão, macarrão rasteiro e manteiga. Os dois primeiros possuem maior importância econômica e apresentam vagens com seção circular no formato cilíndrico ou levemente arredondado, com 15 a 18cm de comprimento e 0,8cm de diâmetro (Peixoto et al., 2002; Filgueira, 2013). O tipo manteiga, em contrapartida, possui vagens de seção achatada, medindo de 21 a 23cm de comprimento, 1,5 a 2cm de largura e, em geral, possui crescimento indeterminado (Maluf et al., 2002). Quanto à coloração, as vagens podem variar desde o verde-escuro ou claro, amarelo e púrpura (Filgueira, 2013), sendo a cor verde mais popular para consumo *in natura* e industrialização, o que faz com que prevaleça nas cultivares comerciais preferidas pelo mercado brasileiro de consumo.

### **3.3. Valor nutricional e importância socioeconômica do feijão-de vagem**

No Brasil, a exploração comercial do feijão-de-vagem se dá pelo aproveitamento direto das vagens, ainda tenras, para o consumo *in natura*. Além disso, também se destina à indústria de conservas e para exportação de vagem refrigerada, porém em menor quantidade (Tessarioli Neto e Groppo, 1992; Alves, 1999). A cultura se apresenta como importante componente na complementação da dieta humana e contém baixo teor de fibra, textura carnosa e cerca de 3% de proteína (Pípulo et al., 2001). As proteínas do feijão são ricas em lisina e limitadas em aminoácidos sulfurados como a metionina, cisteína e cistina. Além disso, é rico, também, em ferro, vitaminas, sais minerais e outros nutrientes,

especialmente cálcio (Silbernagel et al., 1991; Rodrigues et al., 1998), estando entre as três principais hortaliças para fonte de cálcio (Stevens, 1994).

A espécie apresenta uma apreciável quantidade de vitaminas A, C, B1 e B2 (Santos et al., 2002). O alto teor de Vitamina A fornece proteção à pele contra radicais livres e, além do mais, os flavonoides, luteína, piridoxina, tiamina, Vitamina C e betacaroteno presentes retardam o envelhecimento e reforçam as defesas naturais do corpo (Sant'anna, 2019).

No que diz respeito a sua importância socioeconômica, o feijão-de-vagem tem relevância a nível global, sendo produzido e consumido em vários países. Estima-se que a produção mundial de vagem esteja em torno de 21 milhões de toneladas, sendo que a China é o principal produtor, seguida pela Indonésia e Turquia (FAO, 2019). Desse total, cerca de 250 a 300 mil toneladas são produzidas por pequenos agricultores da América Latina, em propriedades de até 20 hectares, onde, na grande maioria dos casos, são usados genótipos de hábito indeterminado (Henry e Jansen, 1992; Abreu et al., 2004). Esses pequenos produtores utilizam um número reduzido de cultivares, empregando mão de obra familiar no processo de produção, conseqüentemente, com restrição à variabilidade genética e ao emprego de tecnologia e insumos (Peixoto et al., 2002).

No Brasil, o feijão-de-vagem está na 13ª posição em importância econômica dentre as hortaliças e ocupa a sexta posição em volume produzido, com produção de 56 mil t.ano<sup>-1</sup> e consumo de 0,7 kg.pessoa<sup>-1</sup>ano<sup>-1</sup> (FAO, 2019). Entre as regiões brasileiras há soberania da região Sudeste que produz cerca de 37 mil t.ano<sup>-1</sup>, o que representa 65,04% da produção nacional (IBGE, 2006), com destaque para os estados de São Paulo, Minas Gerais e Rio de Janeiro como principais produtores (FAO, 2019), sendo o último responsável por 21% dessa produção (CEASA, 2010).

No estado do Rio de Janeiro, a média de comercialização de feijão-de-vagem do quantitativo total de unidades do CEASA é de aproximadamente 600 t.mês<sup>-1</sup>, sendo a grande maioria do tipo manteiga (CEASA, 2010). Nesse contexto, o município de Campos dos Goytacazes, contribuiu com 1,2 mil toneladas do produto comercializado. Apesar de dados como estes serem encontrados na literatura, é importante realizar estudo de caracterização para saber de onde vem esta produção do município.

As informações apresentadas demonstram a importância do feijão-de-vagem para o estado do Rio de Janeiro e a potencialidade de expansão de mercado, principalmente para os pequenos produtores do Norte e Noroeste Fluminense. Essa potencialidade se dá, especialmente, devido esta região possuir condições climáticas propícias ao cultivo da cultura. No entanto, destaca-se que a produtividade ainda é considerada baixa, com demanda maior do que a oferta (Vilela et al., 2009). Vale ressaltar ainda a grande variação na produção devido ao baixo nível tecnológico aplicado e o uso de cultivares não adaptadas (Krause et al., 2012).

Por fim, observa-se a necessidade de impulsionar pesquisas que busquem melhorias no manejo e produtividade da cultura, a fim de se obter materiais superiores com características desejáveis referente à produção e qualidade de vagem. Nesse contexto, destacam-se pesquisas na área de melhoramento genético, uma das ciências de maior contribuição na produtividade vegetal (Ramalho et al., 2012). Deste modo, os programas de melhoramento da cultura têm se tornado cada vez mais importante na busca de cultivares que possam contribuir com o mercado fluminense desta olerícola.

#### **3.4. Melhoramento genético do feijão-de-vagem**

Pesquisas visando o melhoramento da espécie *P. vulgaris*, com interesse em vagem imatura são de elevada importância. Nesse sentido, algumas instituições brasileiras vêm desenvolvendo trabalhos para o melhoramento do feijão-de-vagem. Esses programas de melhoramento, de início, foram conduzidos para o desenvolvimento de cultivares superiores para características como resistência a patógenos e ao acamamento, teor de fibra e coloração da vagem (Acosta-Gallegos et al., 2007). No entanto, esses esforços ainda precisam ser ampliados, especialmente no setor público, visto que, ainda hoje, as empresas privadas de produção de sementes são as principais fontes de produção e liberação de novas cultivares, sendo que muitas destas são importadas (Francelino et al., 2011).

Apesar dos trabalhos em andamento, como os realizados pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, ainda é dada pouca atenção ao melhoramento do feijão-de-vagem no Brasil. Muitas vezes, os agricultores têm sido os principais responsáveis pela seleção e manutenção de

cultivares, caracterizando basicamente um melhoramento realizado de forma empírica, onde essas populações locais são frequentemente mantidas pelos próprios produtores ou produzidas comercialmente por companhias de sementes (Maluf et al., 2002; Mariguele et al., 2008). Para se obter aumento na produtividade e qualidade do feijão-de-vagem, alguns problemas ainda precisam ser resolvidos, tais como: falta de cultivares com boa adaptabilidade às condições ambientais, suscetibilidade às doenças e pragas, necessidade de sementes com boa qualidade, etc (Cruz, 2017).

Um dos meios para se obter significativos avanços neste sentido envolve investimentos em técnicas de melhoramento genético desta cultura, utilizando-se introdução de plantas, seleção de linhas puras e hibridação e uso de métodos de avaliação e seleção (Cruz et al., 2018). Para Blanco et al. (1997), uma boa cultivar desta hortaliça deve apresentar algumas características desejáveis, tais como: ser vigorosa e produtiva, apresentar razoável resistência a doenças e pragas, produzir vagens de cor verde-clara, com forma e dimensões que satisfaçam às exigências do mercado, possuir sabor agradável e ser desprovida, ao máximo, de fios ou fibras.

Além das características supracitadas, é importante que as cultivares de feijão-de-vagem possuam outras características agrônômicas desejáveis, incluindo planta ereta, menor teor de fibra e inserção alta das vagens inferiores, por proporcionar um melhor manejo e uma melhoria na qualidade nutricional das vagens (Sousa, 2015). O acamamento e/ou a inserção baixa das vagens inferiores, por exemplo, ocasionam o contato das mesmas com o solo, o que resulta no seu apodrecimento ou favorece o surgimento de doenças que depreciam a qualidade do produto (Rava et al., 2003).

Em um programa de melhoramento de qualquer cultura, que visa a escolha de um novo genótipo a ser recomendado para um determinado local, é sempre desejável que existam ensaios visando a seleção dos genótipos mais promissores, sendo que a utilização da variabilidade genética nos cruzamentos de grupos geneticamente divergentes representa uma importante estratégia para obter ganhos com a seleção (Menezes Júnior e Ramalho, 2008). Neste caso, recomenda-se inicialmente plantios em escala experimental e, somente após obtidos resultados satisfatórios, deverão ser feitos plantios em escala comercial, com o novo genótipo (Sousa, 2015).

A indicação de cultivares apropriadas proporciona maior segurança aos produtores, facilitando a obtenção de crédito e aceitação do produto no mercado (Hamasaki et al., 1998; Cruz, 2017). No entanto, para Gomes et al. (2018), os trabalhos com melhoramento do feijão-de-vagem ainda têm sido escassos e as cultivares disponíveis são utilizadas nas diversas regiões, sem levar em consideração as possíveis diferenças de desempenho em ambientes diversos.

### **3.5. Histórico do programa de melhoramento do feijão-de-vagem da UENF**

Devido a importância da cultura para agricultores do Estado do Rio de Janeiro, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) iniciou, em 1997, um programa de melhoramento de feijão-de-vagem a fim de selecionar e desenvolver materiais genéticos produtivos, de qualidade comercial e mais adaptados às condições ambientais do estado, especialmente as regiões Norte e Noroeste Fluminense. Alguns dos trabalhos realizados serão discutidos aqui e estão resumidos no fluxograma da Figura 1.

Na etapa inicial do Programa de Melhoramento de feijão-de-vagem da UENF, Abreu et al. (2004) realizaram a caracterização e avaliação de 25 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado pertencentes ao banco de germoplasma da UENF, na Estação Experimental da Pesagro-Rio, em Campos dos Goytacazes. A partir de seus resultados, foi observada divergência para todos os caracteres avaliados, exceto coloração de vagem imatura. Além disso, os autores destacaram 5 acessos (UENF 1429, UENF 1432, UENF 1442, UENF 1445 e UENF 1448) que apresentaram melhores desempenhos para produção, peso e número de vagens, bem como precocidade de produção e baixo teor de fibras, sendo estes indicados para estudos de análises dialélicas. Na Tabela 1, encontra-se a descrição dos genitores selecionados e sua procedência.

Dando continuidade, Silva et al. (2004) realizaram cruzamentos dialélicos entre os cinco acessos de feijão-de-vagem selecionados anteriormente, a fim de identificar genótipos superiores quanto às características morfoagronômicas e adaptados para as regiões Norte e Noroeste Fluminense. Na referida pesquisa foram obtidos dez híbridos dialélicos (Tabela 2) e observou-se boa capacidade combinatória a partir dos acessos estudados. A geração F<sub>2</sub>, proveniente desses cruzamentos teve a característica produtividade (Kg.ha<sup>-1</sup>) avaliada para efeito de seleção, sendo selecionados os cruzamentos entre os genótipos UENF 1442 x



UENF 1429, UENF 1448 x UENF 1429, UENF 1448 x UENF 1442 e UENF 1448 x UENF 1445 (Tabela 3). Com isso, foi dado prosseguimento ao Programa.

**Tabela 1.** Caracterização morfoagronômica e origem dos progenitores de feijão-de-vagem.

Progenitor	CORF	CORV	CORS	FPV	FDA	PDA	STV	Origem
UENF 1429	2	1	2	2	2	1	2	México
UENF1432	2	1	2	2	1	1	2	México
UENF 1442	1	1	2	1	2	1	1	Brasil (RJ)
UENF 1445	1	1	2	3	1	1	1	Brasil (RJ)
UENF 1448	2	1	3	2	1	1	1	Brasil (ES)

CORF: cor de flor, 1: branca, 2: lilás; CORV: cor da vagem, 1: verde, 2: verde com manchas; CORS: cor de semente, 1: branca, 2: marrom, 3: preta; FPV: forma do perfil da vagem, 1: reto, 2: semi-arqueado, 3: arqueado; FDA: forma do dente apical da vagem, 1: arqueada, 2: reta; PDA: posição do dente apical da vagem, 1: marginal, 2: não marginal; STV seção transversal da vagem: 1: chata (vagem do tipo "manteiga"), 2: redonda, (vagem do tipo "macarrão").

Fonte: Barbé (2008).

**Tabela 2.** Esquema de cruzamentos dialélicos entre cinco acessos de feijão-de-vagem.

♂	♀	UENF 1432	UENF 1442	UENF 1445	UENF 1448
UENF 1429		X	X	X	X
UENF 1432		-	X	X	X
UENF 1442		-	-	X	X
UENF 1445		-	-	-	X

Fonte: Barbé (2008).

**Tabela 3.** Populações originadas das combinações entre os acessos.

População	Cruzamentos
1	UENF 1442 x UENF 1429
2	UENF 1448 x UENF 1429
3	UENF 1448 x UENF 1442
4	UENF 1448 x UENF 1445

Fonte: Barbé (2008).

Como conseguinte, Vilela et al. (2009) realizaram seleção nas populações F<sub>2</sub> em campo, avançando as gerações F<sub>3</sub>, F<sub>4</sub>, F<sub>5</sub> e F<sub>6</sub> pelo método SSD (*single*

*seed descent*) e realizaram a multiplicação das sementes  $F_6$  para posterior cultivo em campo das linhas  $F_{6:7}$ . Por meio dessa pesquisa foi evidenciado que a produtividade média das vagens da geração  $F_{6:7}$  foi 72% superior à geração  $F_2$ , bem como obtiveram-se elevados valores de herdabilidade com base na média das famílias, sendo ao final selecionadas 30 linhas superiores. No mesmo período, Barbé et al. (2010) estudaram a diversidade genética das 120 linhas recombinadas ( $F_{6:7}$ ) de feijão-de-vagem com base em características morfoagronômicas em associação com a genealogia e constataram variabilidade por meio de gráficos de distribuição e boxplot.

Francelino et al. (2011) avaliaram o potencial produtivo das linhagens superiores e verificaram a interação entre as 30 linhagens selecionadas, nas localidades de Campos dos Goytacazes e Bom Jesus do Itabapoana. A partir das estimativas de parâmetros genéticos avaliados em conjunto com as análises de variância, concluiu-se que o controle genético das características estudadas foi pouco influenciado pelo ambiente, devido à baixa variação ambiental.

Almeida et al. (2014) realizaram estudo com a mesma população avançada em  $F_9$  com objetivo de realizar a caracterização morfológica e agrônômica de 27 linhagens selecionadas, comparando-as com duas testemunhas comerciais e um progenitor do programa de melhoramento do feijão-de-vagem da UENF. Neste experimento, foi observada variabilidade fenotípica entre as características avaliadas, o que demonstrou a existência de variabilidade genética entre elas. Assim, selecionou-se as 14 linhagens mais produtivas, sendo consideradas promissoras para o programa de melhoramento, com destaque maior da linhagem UENF 1445 que apresentou produtividade maior do que as duas variedades comerciais utilizadas como testemunhas, demonstrando que houve linhagens promissoras para serem utilizadas no mercado.

Por sua vez, Marinho et al. (2013) realizaram um estudo sobre adaptabilidade e estabilidade das 14 linhagens superiores selecionadas, comparando-as com três testemunhas. O trabalho foi realizado nos municípios de Bom Jesus do Itabapoana e Cambuci e contrastou diferentes métodos não paramétricos de análise de estabilidade fenotípica e índices de seleção, obtendo como resultados que os genótipos apresentaram elevado potencial produtivo em relação às testemunhas, o que indica que os mesmos são promissores para futuro lançamento de novas cultivares para a região.

Posteriormente, foram obtidas as gerações F<sub>9</sub> e F<sub>10</sub>, as quais foram submetidas às avaliações exigidas para os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), durante dois anos consecutivos, pré-requisito para solicitação do registro de cultivares. A pesquisa foi realizada por Araújo (2015) e por meio de seus resultados, o autor destacou duas linhagens promissoras e adaptadas para futura disponibilização aos produtores: “UENF Goytacá” (L7) e “Uenf Parapoana” (L10). Ambas as linhagens obtiveram registro, intento de sua pesquisa. No entanto, vale destacar que para a disponibilidade ao mercado, de acordo com a legislação, é necessária a proteção das então cultivares, sendo assim, necessário o teste de Distinguilidade, Homogeneidade e Estabilidade (DHE).

Sant’anna et al. (2020) conduziram um trabalho com objetivo de realizar análises de Distinguilidade, Homogeneidade, Estabilidade (DHE) e GT biplot no desenvolvimento de linhagens de feijão-de-vagem adaptadas ao Norte e Noroeste Fluminense. No referido experimento, foram avaliados 56 descritores atribuídos ao DHE pela legislação brasileira para *Phaseolus vulgaris* L., e incluiu-se o descritor grau de tenrura, conforme as normas de classificação de qualidade da Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo (CEAGESP). Como resultado de sua pesquisa e buscando-se um ideótipo que atendessem as qualidades agronômicas e satisfizessem os critérios exigidos pelo teste de DHE, os autores destacaram as linhagens L6, L7, L13 e L20 para serem submetidas ao processo de proteção junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA).

A linhagem L7 que apresentou grande destaque no trabalho de Sant’anna et al. (2020) obteve, a partir dessa pesquisa, registro junto ao MAPA sobre o nome UENF Goytacá. Mais informações sobre essa cultivar são encontradas em Sant’anna et al. (2019). Na presente pesquisa, a mesma foi utilizada como genitor masculino em hibridação com uma Linhagem Amarela (LA) que foi incluída no programa, trazida do mercado do Rio Grande do Sul e multiplicada nas condições de Campos dos Goytacazes pelo Programa de Melhoramento de feijão-de-vagem da referida Instituição de Ensino.

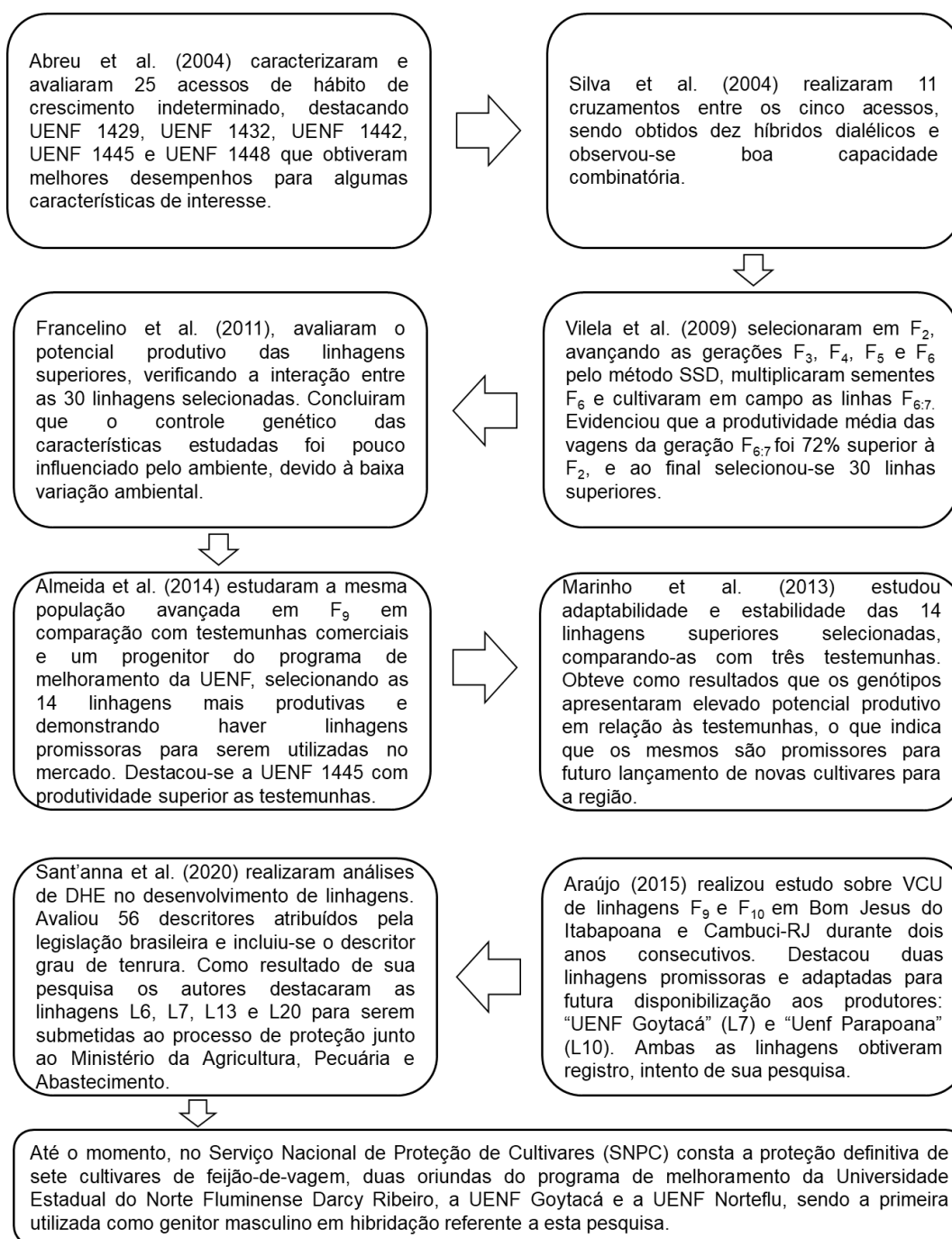


Figura 1. Fluxograma demonstrando o histórico do programa de melhoramento do feijão-de-vagem da UENF.

Até o momento, fevereiro de 2021, no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) consta a proteção definitiva de sete cultivares de feijão-de-vagem: AF326 (SAKATA SEED SUDAMERICA LTDA), AF329 (SAKATA SEED SUDAMERICA LTDA), SCV 3111 (CULTIVARE SEMENTES LTDA.), Suzy (SAKATA SEED SUDAMERICA LTDA), Versalhes (AGRISTAR DO BRASIL

LTDA), UENF GOYTACÁ (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro) e UENF Norteflu (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro) (Cultivar Web, 2021).

### **3.6. Diversidade genética e análises multivariadas**

Define-se como diversidade genética, a distância genética entre populações, indivíduos ou organismos, baseada em características morfoagronômicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares. Esta diversidade se dá pela diferença entre as frequências alélicas das populações, ou seja, é a diferença entre as contrapartes alélicas que origina a divergência genética (Falconer, 1987).

No melhoramento genético vegetal, a divergência genética é ponto crucial, pois é a sua exploração de forma correta que poderá gerar ganhos satisfatórios, pode reduzir a vulnerabilidade da cultura a doenças e acelerar o progresso genético para determinada característica (Cui et al., 2001). O objetivo maior de estimar a divergência genética consiste em identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, de tal forma que, em suas gerações segregantes, haja maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (Cruz et al., 2012).

Estudos de divergência genética são de grande relevância em trabalhos relacionados à conservação genética e a manutenção de bancos de germoplasma (Paula, 2007). Dessa maneira, a identificação de acessos semelhantes em populações naturais e/ou bancos de germoplasma, pela análise de divergência, direcionam estudos de coleta de sementes e descarte de materiais redundantes (Pereira et al., 2003).

Há duas maneiras de se estimar a similaridade e dissimilaridade genética, uma de natureza quantitativa e outra preditiva (Cruz et al., 2012). Dentre os métodos quantitativos têm-se as análises dialélicas, que avaliam tanto a capacidade específica quanto a heterose manifestada nos híbridos, porém muitas vezes é de alto custo. Por sua vez, os métodos preditivos são viáveis e tomam por base as diferenças morfoagronômicas e/ou moleculares, quantificando-as por alguma medida de dissimilaridade que expressa o grau de diversidade genética entre o material analisado (Sudré et al., 2006; Brandão, 2011).

As medidas de dissimilaridade mais utilizadas para estimar a diversidade genética são: a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), a distância Euclidiana e a distância Euclidiana Média em variáveis quantitativas, ao passo que as variáveis qualitativas (multicategóricas e molecular) utilizam a distância de Cole-Rodgers (Brandão, 2011).

A análise univariada é utilizada para poder identificar a existência de variabilidade entre indivíduos e os diferentes graus de discriminação dos mesmos considerando cada descritor isoladamente, mas para ser feita uma análise do poder discriminatório dos descritores, torna-se necessário analisar a contribuição dos mesmos de forma conjunta (Araújo et al., 2008). A análise conjunta permite uma melhor compreensão do fenômeno biológico quando comparada com as análises individuais (Ledo e Gonçalves, 2012). Sendo assim, para estudos de divergência genética, os procedimentos mais empregados são aqueles que utilizam técnicas multivariadas, as quais permitem unificar múltiplas informações sobre um conjunto de caracteres.

Dentre os métodos de análise multivariada para a determinação de dissimilaridade genética, os mais empregados são os de agrupamento, variáveis canônicas e componentes principais (Cruz et al., 2012), bem como estudos da contribuição relativa dos caracteres proposto por Singh (1981).

A Análise de Componentes Principais (PCA) é utilizada em experimentos sem repetição e consiste na transformação de um conjunto original de variáveis em outro conjunto de dimensão equivalente, ambos independentes entre si, e retendo o máximo de informação em ordem de estimação (Santos et al., 1995). Para isso, considera-se um conjunto de  $p$  variáveis e encontram-se combinações lineares entre elas que produzam índices não correlacionados (os CP's), os quais refletem cada um, uma "dimensão" diferente (Peroni et al., 1999). Essa análise fornece indicação para eliminação dos caracteres que pouco contribuem na variação total (Bertini et al., 2010).

Os métodos de agrupamento são realizados com base em medidas de dissimilaridade previamente estimada, tais como distância Euclidiana, Euclidiana Média e distância generalizada de Mahalanobis (Cruz et al., 2012), que separam um grupo original de observações em vários subgrupos homogêneos e heterogêneos entre si (Ramalho et al., 2012). Ressalta-se que a escolha do método mais adequado deve ser realizada em função da precisão desejada, da

facilidade de análise e da forma com que os dados foram obtidos (Bezerra Neto et al., 2010). Nesse contexto, a distância euclidiana e euclidiana média destaca-se por poder ser estimada tomando-se por base dados sem repetições.

Ainda em relação aos métodos de agrupamento, os mais usados são os de otimização (a exemplo, o método de Tocher) e os hierárquicos. Os métodos hierárquicos são divididos em aglomerativos e divisivos. Entre os aglomerativos, citam-se os métodos do vizinho mais próximo, vizinho mais distante e o de ligação média entre pares de grupos não ponderado (UPGMA), onde os genótipos se agrupam por meio de um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendrograma, no qual se analisa visualmente pontos de alta mudança de nível (Cruz et al., 2012).

O UPGMA trata-se de um método de agrupamento não-ponderado, que utiliza médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, evitando caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo e mínimo) entre os genótipos (Cruz et al., 2012). Nesse contexto, Arriel et al. (2006) destacaram esse método como tendo proporcionado excelente representação das distâncias na forma de dendrogramas ao comparar diferentes técnicas multivariadas na caracterização de genótipos de gergelim (*Sesamum indicum* L.). Da mesma forma, Bonett et al. (2006) concluíram que o agrupamento pelo método UPGMA foi mais criterioso ou mais preciso do que o método de Tocher ao avaliarem a divergência genética entre 63 cultivares crioulas de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.).

Após a formação do dendrograma por métodos aglomerativos como o caso do UPGMA, uma possível simplificação dos dados originais pode ocorrer, gerando algumas distorções sobre o padrão de dissimilaridade entre os indivíduos estudados (Cruz et al., 2012). Assim, torna-se necessário uma etapa final no processo de agrupamento com o intuito de julgar a adequação dos resultados. Tal adequação dos resultados é realizada por meio do coeficiente de correlação cofenético (CCC) proposto por Sokal e Rohlf (1962).

O CCC é um coeficiente que quantifica a concordância entre os valores originais da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética (Cruz et al., 2012). Sokal e Rohlf (1962) consideram o ajuste do coeficiente de correlação cofenético bom quando o mesmo apresenta valores acima de 0,8. Estes resultados indicam que houve um bom ajuste entre as matrizes originais de distâncias e as distâncias da matriz cofenética, isto é, quanto maior o CCC, menor

a distorção provocada ao agrupar os genótipos. No entanto, ressalta-se que valores de CCC inferiores a 0,7 embora considerado baixo não indica que o dendrograma não apresenta utilidade, apenas que alguma distorção deve ter ocorrido (Barbé, 2008).

A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética tem se tornado comum e é empregada em várias culturas, dentre as quais algumas hortaliças como coentro (Bertini et al., 2010), pimenta e pimentão (Sudré et al., 2005), cebola (Barbiere et al., 2005), feijão (Cabral et al., 2010), tomate (Gonçalves et al., 2008) e feijão-de-vagem (Abreu et al., 2004; Silva et al., 2005; Moreira et al., 2009; Barbé et al., 2010). Para Brandão (2011), as técnicas multivariadas têm se mostrado muito adequadas em discriminar caracteres e estimar a diversidade sem representar custos adicionais.

### **3.7. Descarte de caracteres**

Conceitua-se como descritor um atributo ou caráter que se observa ou se mensura nos acessos que é capaz, de fato, de discriminar um acesso de outro (Querol, 1993). Entretanto, em muitas situações, os pesquisadores tendem a avaliar um elevado número de caracteres na estimativa da diversidade genética no conjunto amostral analisado, o que gera acréscimo considerável de trabalho. Isso porque esses caracteres são obtidos sem um critério sobre sua real contribuição para a viabilização, produzindo duplicação da mesma informação para muitos caracteres, o que aumenta o trabalho de caracterização, mas não melhora a precisão, além de propiciar uma análise e interpretação dos dados confusa e de difícil interpretação (Paiva et al., 2010).

Para Daher (1993), o aumento do número de caracteres avaliados ocasiona a presença de caracteres redundantes, devido à associação entre eles. Assim, a eliminação desses caracteres redundantes acarreta vantagem por meio da redução de tempo e mão de obra, sem ocasionar perda na precisão da caracterização. Ressalta-se que após o descarte, o conjunto de caracteres reduzido deve se mostrar efetivo na representação da variação total (Torres Filho, 2008).

A forma de descarte que tem sido mais utilizada em estudos com caracteres padronizados como PCA é a seleção direta, proposto por Jolliffe (1973), especialmente quando se tomam dados de caracteres morfológicos e



agronômicos, simultaneamente, em um grande número de acessos (Torres Filho, 2008).

Jolliffe (1973) analisou quatro métodos de descarte com base em dados simulados e reais e concluiu que esse procedimento era satisfatório quando o número de caracteres rejeitados fosse igual ao de componentes principais que apresentassem variâncias inferiores a 0,7. Seis anos mais tarde, Mardia et al. (1979) complementaram essa metodologia e recomendaram o descarte com base na observação dos componentes principais que apresentassem autovalores inferiores a 0,70, sugerindo que em cada um dos componentes fosse descartado o caráter com maior coeficiente de ponderação em valor absoluto (autovetor). Não obstante, Wilches (1983) propôs uma seleção prévia antes da utilização da metodologia de descarte direto e eliminou os caracteres altamente influenciados pelo ambiente, com base na informação da análise de variância univariada realizada para cada caráter.

Alguns trabalhos utilizando as metodologias de descarte acima descritas conseguiram reduzir em 50% ou mais o número de caracteres iniciais, como é o caso de Pereira (1989) na caracterização 208 acessos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) com base em 28 caracteres e Daher (1993) para 22 caracteres em 60 acessos de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum). Apesar de um descarte dessa magnitude representar uma grande economia de tempo e mão de obra, alguns autores criticam a eliminação de caracteres com base apenas no método direto por considerarem um procedimento drástico (Torres Filho, 2008) e por eliminarem, muitas vezes, caracteres de importância na caracterização da cultura utilizada, fato este comprovado por Oliveira et al. (2006) e Brandão (2011).

Cury (1993) propôs uma reanálise, bem como a observação da matriz de correlação fenotípica para auxiliar no descarte dos caracteres redundantes. Para este mesmo autor, o número de descarte não deve ser pré-fixado, como sugerido na seleção direta. O conhecimento do grau de associação entre caracteres possibilita identificar variáveis que possam ser utilizadas na seleção indireta sobre outra variável (Costa et al., 2004). Assim, o procedimento que vem sendo adotado para dar maior segurança na seleção de descritores é o emprego de mais de um procedimento para o descarte dos caracteres redundantes (Alves et al., 2003), sobretudo com a utilização das metodologias multivariadas em associação com a correlação entre características.

### 3.8. Correlações no melhoramento

As associações que ocorrem entre as características são avaliadas por meio das correlações, sendo estas genéticas, fenotípicas e ambientais. A correlação genética tem grande importância no processo seletivo, sendo, portanto, a mais indicada no melhoramento, enquanto a fenotípica é a resposta da ambiental no comportamento genético (Mistro, 2005; Cruz et al., 2012).

A correlação é uma ferramenta muito importante para os melhoristas, pois permite que ganhos genéticos sejam obtidos em caracteres de difícil avaliação e/ou de baixa herdabilidade pela seleção indireta em relação a outro caráter, este segundo com avaliação simplificada e menor influência ambiental (Johnson e Wichern, 2007). Além disso, ao explorar as correlações entre caracteres, as inferências tornam-se mais informativas e acuradas (Kurek et al., 2001).

A correlação ambiental é decorrente das diferenças ambientais causadas nas características avaliadas, sendo que esta pode apresentar-se negativa ou positiva, dependendo dos atributos analisados (Falconer, 1987; Ramalho et al., 2008). Quando as estimativas da correlação ambiental são negativas, infere-se que o ambiente favorece um caráter e outro não, enquanto na correlação positiva, ambos caracteres são favorecidos ou prejudicados pelas mesmas alterações ambientais (Cruz et al., 2012).

A correlação fenotípica é proveniente de causas genéticas e ambientais, no entanto, somente a genética prevalece, pois se trata de uma associação de natureza herdável. Deste modo, nos estudos genéticos é imprescindível a distinção e quantificação entre os caracteres de associação genética e ambiental (Cruz et al., 2012). Contudo, ao se tratar de correlação, nem sempre vai haver uma associação válida entre dois caracteres, pois um terceiro caráter ou conjunto de caracteres pode causar uma alta ou baixa associação (Toebe e Cargnelutti Filho, 2013).

A correlação genética, por sua vez, pode ser devida aos efeitos de pleiotropia e/ou por ligação gênica. A pleiotropia é uma associação permanente, e está relacionada à ação de um gene que afeta dois ou mais caracteres, podendo causar uma variação simultânea nos mesmos. Por sua vez, a ligação gênica ocorre quando dois genes são transferidos integralmente no genoma, como blocos de genes (Falconer e Mackay, 1996). No entanto, destaca-se que a correlação genética devida à ligação gênica é passageira, desfazendo-se quando

ocorre a recombinação, enquanto que quando oriunda de pleiotropia, o efeito é contínuo, o que torna esse mecanismo a principal causa da associação genética entre caracteres.

Em estudos de melhoramento que fazem uso de correlação busca-se analisar o comportamento de uma característica quando se obtém a seleção de outra correlacionada. Deste modo, se faz necessário promover a escolha de uma característica de fácil avaliação, com o intuito de alcançar ganhos em outra de difícil estimativa ou de baixa herdabilidade. Assim, tais estudos são bastante promissores em relação à seleção isolada para um determinado caráter, uma vez que terá ganhos eficientes na seleção, na redução do tempo e uso de recursos físicos, financeiros e humanos (Souza et al., 2012).

### **3.9. Modelos mistos REML/BLUP**

Em programas de melhoramento genético, o uso de parâmetros que auxiliem na identificação de variabilidade com o objetivo de selecionar genótipos superiores são importantes, no entanto, apenas isso não é o bastante para quantificar a variação existente em uma determinada população, sendo primordial estimar outros parâmetros como a herdabilidade (Carvalho et al., 2001).

Estudos relacionados a parâmetros genéticos como o coeficiente de variação genética, herdabilidade e a correlação entre caracteres assumem um papel de grande relevância para o sucesso na seleção de um caráter, pois por meio destes pode-se conhecer a variabilidade genética, o grau de expressão de um caráter de uma geração para outra e a possibilidade de ganhos pela seleção direta ou indireta (Rocha et al., 2003).

A inferência sobre os genótipos, em qualquer fase de um programa de melhoramento, deve ser baseada em médias genóticas e não fenóticas, pois as médias genóticas são as médias futuras quando as cultivares forem plantadas em cultivos comerciais (Borges et al., 2010). Para auxiliar na seleção e na predição de valores genéticos individuais, atualmente o procedimento padrão recomendado é o REML/BLUP (Resende, 2007). Neste procedimento, a estimação de componentes da variância é feita pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genéticos é realizada por meio da melhor predição linear não-viesada (BLUP).

O REML foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson (1971) e constitui-se um método eficiente no estudo das diversas fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente. Assim, o REML tem substituído com vantagens o método ANOVA criado pelo cientista inglês Ronald Fisher em 1925. Para situações simples, os dois procedimentos são equivalentes em nível de informação, porém, em situações mais complexas encontradas na prática, a ANOVA seria um procedimento apenas aproximado (Resende, 2004; 2007).

A teoria genérica do BLUP como procedimento ótimo foi difundida completamente a partir da década de 1970 pelos cientistas Charles Henderson nos EUA e Robin Thompson na Inglaterra, dentre outros (Henderson, 1973; Thompson, 1976). Ainda, para aplicabilidade do BLUP são necessárias estimativas fidedignas de componentes de variância, sendo o método ótimo o REML desenvolvido por Patterson e Thompson (1971) para dados desbalanceados ou não.

Assim, o procedimento REML estima componentes de variância necessários ao modelo e o BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), melhor preditor linear não viesado, prediz o valor genotípico (Resende, 2007), o que conduz à maximização do ganho genético por avaliar e ordenar os indivíduos candidatos à seleção com precisão, e por gerar estimativas não tendenciosas dos parâmetros (Hayes e Hill, 1980).

É possível citar algumas características específicas dos estimadores REML, como: não vício, tal que a esperança matemática do estimador seja o próprio parâmetro; consistência, tal que com o aumento do tamanho da amostra, a esperança do estimador convirja para o parâmetro e a variância do estimador seja zero; eficiência, tal que o estimador apresente variância mínima; suficiência, tal que o estimador condense o máximo possível a informação contida na amostra e não seja função (dependente) do parâmetro e; invariância de translação, tal que a estimação dos componentes de variância não seja afetada por mudanças nos efeitos fixos.

Apesar de o uso dessa metodologia no melhoramento de plantas ainda ser relativamente pequeno quando comparado ao seu uso no melhoramento

animal, trabalhos desse tipo estão sendo cada vez mais realizados para diversas culturas, incluindo o feijão-de-vagem, como, por exemplo, nos trabalhos de Sousa (2015), Gomes et al. (2018) e Cruz et al. (2018).

## **4. MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1. Material Genético**

Para obtenção da população segregante utilizada nesta pesquisa foram realizadas hibridações em casa de vegetação pertencente a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. A população  $F_2$  em questão foi oriunda de cruzamentos entre uma linhagem de feijão-de-vagem identificada nesta pesquisa como Linhagem Amarela (LA) e a cultivar UENF Goytacá (L7). Estes genitores são contrastantes para cor da vagem (amarela e verde, respectivamente), bem como para outras características morfológicas.

A atividade em questão foi dividida em duas etapas: na primeira foi obtida a geração  $F_1$  ( $P_1 \times P_2$ ) e na segunda, a geração segregante  $F_2$ , oriunda da autofecundação das plantas  $F_1$ . Em ambas as etapas, as sementes foram obtidas por meio do plantio em vasos com capacidade de 10 litros, preenchidos com substrato da marca Basaplant®. As sementes da geração segregante  $F_2$  foram avaliadas em experimento na condição de campo.

### **4.2. Condução do experimento de campo**

O experimento foi conduzido em área experimental da PESAGRO-Rio, localizada no município de Campos dos Goytacazes, RJ (latitude  $21^{\circ}19'23''$  S e longitude de  $41^{\circ}19'40''$  W). O solo é classificado como argissolo distrófico (EMBRAPA, 2006) e o clima da região, segundo classificação de Köppen, é do tipo "Aw" com temperatura média anual de  $22,4^{\circ}\text{C}$  e precipitação média anual de

1.125mm, com chuvas concentradas nos meses de outubro a março (Alvares et al., 2013).

No primeiro semestre de 2020, no mês de março/abril, foi realizada a semeadura da geração F<sub>2</sub>. Nesta etapa, foram utilizadas 320 covas em um total de dez linhas de 16 metros em espaçamento de meio metro entre plantas e um metro entre linhas, onde considerou-se para avaliação as 30 plantas centrais de cada linha, sendo as plantas das extremidades utilizadas como bordadura. Além disso, plantou-se duas linhas de feijão-caupi nas laterais, contornando, assim, totalmente o experimento.

Na semeadura foram utilizadas duas sementes por cova a uma profundidade de aproximadamente 2,5cm e, após a emergência e crescimento inicial das plantas, foi realizado o desbaste para deixar apenas uma planta por cova. Cerca de 15 dias após a emergência, as plantas foram tutoradas utilizando-se arame e bambu, de forma que as varas de bambu ficaram apoiadas no fio de arame com as pontas cruzadas, e para dar maior segurança no enrolamento da guia principal, foram utilizados barbante amarrando-os em alguns pontos. Durante a condução do experimento, foram realizados os tratos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura, conforme recomendações de Filgueira (2013), bem como irrigação por aspersão.

Das 300 plantas iniciais, nove morreram nas primeiras fases de desenvolvimento e 78 não produziram sementes suficientes para o avanço de gerações, sendo as mesmas descartadas desta pesquisa e da continuidade do programa de melhoramento. Além disso, embora ambos os parentais utilizados fossem de hábito de crescimento do tipo indeterminado (HI), por se tratar de uma população F<sub>2</sub>, houve o aparecimento de plantas que apresentaram, também, o hábito de crescimento determinado (HD).

Após eliminação decorrente da seleção natural, restaram 213 plantas, sendo 178 de HI e 35 de HD (Figura 2). Decidiu-se, então, separar as plantas nos dois tipos de hábitos, trabalhá-las de forma isolada e, assim, direcionar duas vertentes dentro do programa de melhoramento de feijão-de-vagem da UENF, programa este que ainda não apresenta em seu banco de germoplasma materiais de hábito determinado, o que justifica a tomada de decisão.

O hábito de crescimento do tipo determinado, apesar de menos produtivo, apresenta algumas vantagens, tais como: precocidade, ciclo mais curto e

dispensa de tutoramento, florescimento e produção concentrados em breve período, uniformidade e possibilidade de colheita única, bem como dupla aptidão, onde o produtor pode optar por comercializar a vagem imatura ou grãos, fatores estes que contribuem para a redução dos custos de produção e podem gerar maior renda. Portanto, trabalhos futuros com enfoque em selecionar materiais promissores para este tipo de hábito têm grande relevância

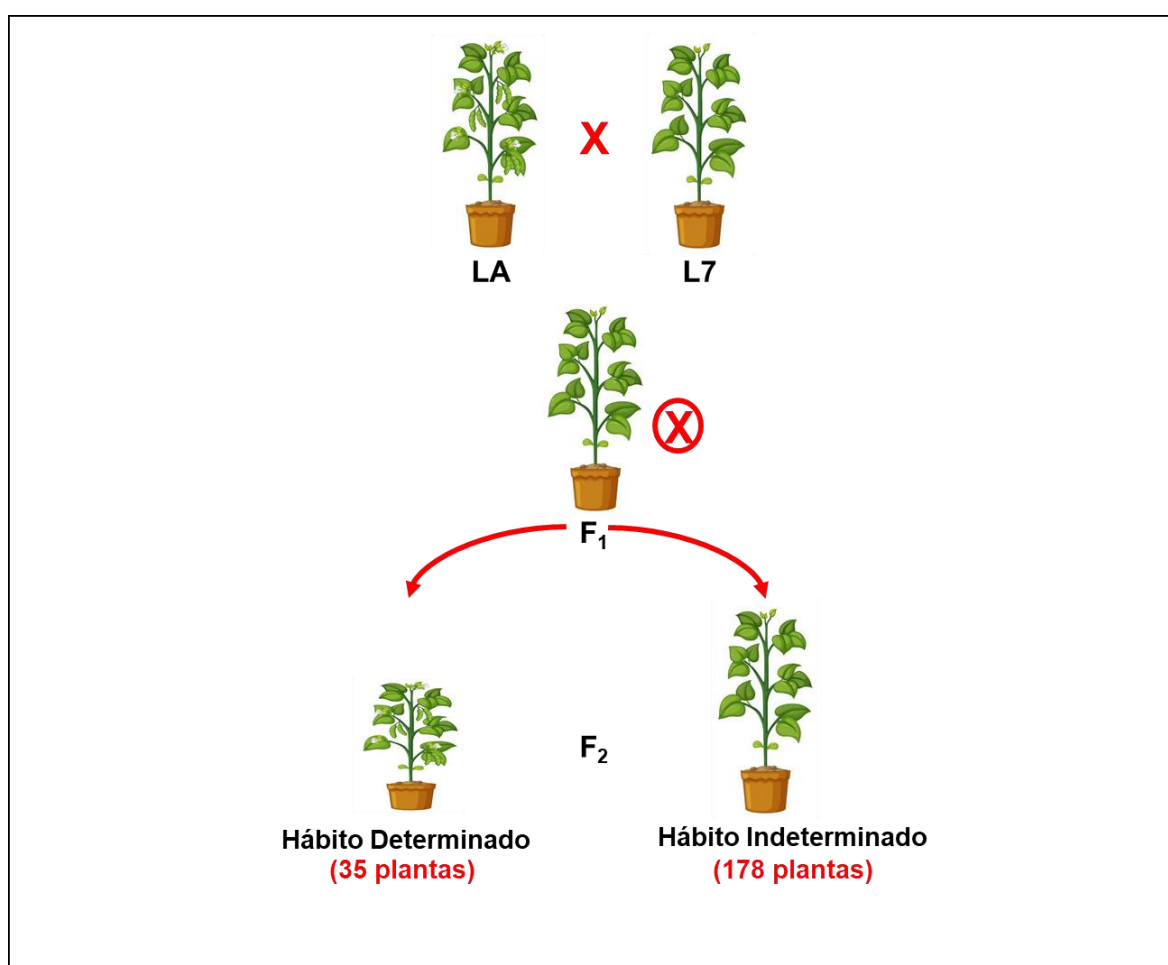


Figura 2. Ilustração dos cruzamentos para obtenção da população segregante  $F_2$  e separação de acordo com o tipo de hábito de crescimento.

#### 4.3. Características avaliadas

Foram avaliadas, planta por planta, 16 características de ciclo da cultura e de pós-colheita (Figura 3):



- **Número de dias até a emergência (NDE)** – número de dias desde a semeadura até a emergência das plântulas;
- **Antocianina no hipocótilo (AH)** – 1: presença; 2: ausência, avaliada no crescimento inicial das plântulas;
- **Número de dias até a floração (NDF)** – número de dias desde a semeadura até o estágio em que as plantas emitiram as primeiras flores;
- **Cor da flor (CF)** – Avaliada na floração, em flores recém-abertas;
- **Cor da vagem (CV)** – avaliada durante a maturação fisiológica;
- **Seção transversal da vagem (STV)** – 1: achatada; 2: cilíndrica, avaliada após colheita de vagens imaturas, onde realizou-se corte transversal de cinco a dez vagem/planta;
- **Tamanho da semente (TAMSEM)** – avaliada com base no peso de 100 sementes, no qual 1: pequena  $\leq 25g$ ; 2: média  $> 25 \leq 40g$ ; 3: grande  $>40g$ ;
- **Altura da planta (ALTP)** – obtida pela mensuração da altura correspondente à distância do colo até o final da haste principal, expressa em metros;
- **Altura de inserção da primeira vagem (APV)** – distância entre o colo da planta e a inserção da 1ª vagem, medida em centímetros;
- **Número total de vagens/planta (NTV)** – quantificação do número total de vagens de cada planta após a colheita;
- **Massa de matéria verde das vagens (MMVV)** – quantificação da massa total, em gramas (g), das vagens verdes de cada planta, obtida com balança de precisão;
- **Massa de matéria verde de uma vagem (MMV1V)** – quantificado pela razão  $MMVV/NTV$ ;
- **Largura da vagem (LV)** – medido com paquímetro de precisão, em milímetros, na porção central da vagem, da sutura ventral até a dorsal, em uma amostra de dez frutos por planta;
- **Diâmetro da vagem (DV)** – medido com paquímetro de precisão na porção central da vagem em uma amostra de dez frutos por planta, em mm;
- **Comprimento da vagem (COMPV)** – comprimento longitudinal das vagens, incluindo o dente apical, medido com régua plástica, em uma amostra de dez vagens por planta, expresso em cm;

- **Massa de cem sementes (M100)** – obtido com balança de precisão e expresso em gramas.

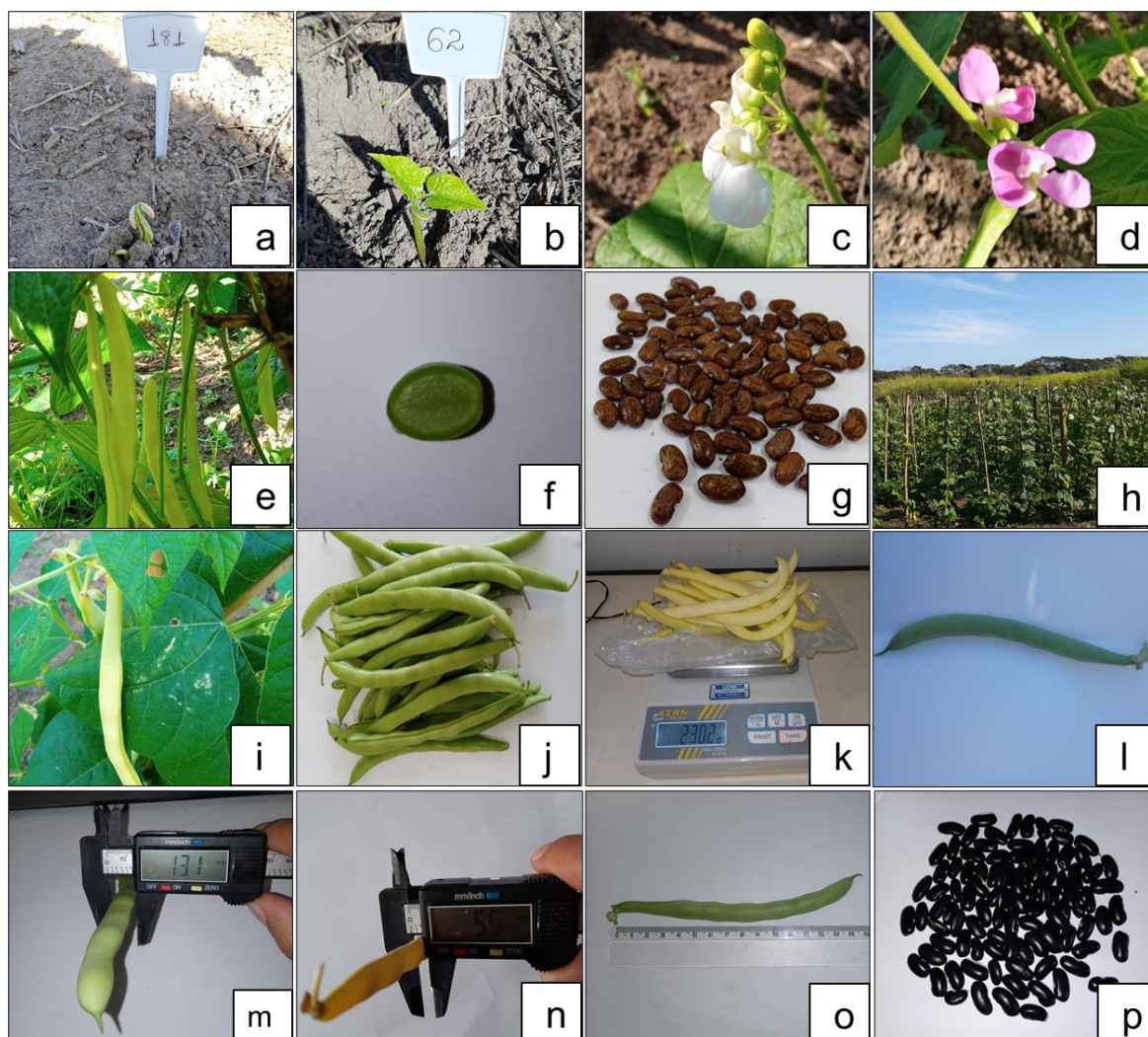


Figura 3. Características avaliadas: a – NDE; b – AH; c – NDF; d – CF; e – CV; f – STV; g – TAMSEM; h – ALTP; i – APV; j – NTV; k – MMVV; l – MMV1V; m – LV; n – DV; o – COMPV; p – M100.

#### 4.4. Análises genético-estatísticas

De início, a distribuição dos dados das variáveis foi avaliada por meio de análise descritiva, onde obteve-se gráficos de colunas e boxplot para as características qualitativas e quantitativas, respectivamente.

#### 4.4.1. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos superiores

Foram realizadas análises individuais referentes aos valores por planta das características estudadas. O programa utilizado para estimação das variâncias e predição dos valores genéticos foi o SELEGEN – REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood – Best Linear Unbiased Prediction*), sendo o procedimento adotado pelo programa para a predição dos valores genéticos, o BLUP (melhor predição linear não viciada), utilizando-se de estimativas de variância obtidas pelo método REML (máxima verossimilhança restrita), apresentados por Resende (2016). Para essas análises foi utilizado o modelo 58 do software SELEGEN, considerando o seguinte estimador:

$$y = Xu + Zg + Wl + Tc + e$$

Em que:

y: é o vetor de dados;

u: é o escalar referente à média geral;

g: é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

l: é o vetor dos efeitos de linha (assumidos como aleatórios);

c: é vetor dos efeitos de coluna (aleatórios); e

e: é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

Este é um modelo para experimentos sem delineamento experimental, sendo indicado para avaliações genéticas de plantas igualmente espaçadas, como em plantios comerciais, na qual atribui-se linhas e colunas em um retângulo da plantação, sendo adequado para as condições experimentais adotadas no estudo.

Por fim, a partir dos valores genéticos preditos, selecionou-se os 30 melhores indivíduos de hábito de crescimento indeterminado com base na característica número total de vagens/planta (NTV) para avanço de geração e continuidade do programa de melhoramento.

#### 4.4.2. Descarte de caracteres redundantes ou que pouco contribuem na variação

O descarte dos caracteres que pouco contribuíram para a discriminação de plantas ou que são redundantes foi realizado por meio dos seguintes critérios:

1. Contribuição relativa do caráter para a variação total, com base na metodologia de Singh (1981).

2. Importância da característica para explicar a variação total, conforme análise de componentes principais (PCA). Os caracteres passíveis de descarte por esse critério são aqueles de maior coeficiente de ponderação, em valor absoluto, nos últimos componentes principais, que concentram pouca variância (Cruz et al., 2012), cujos autovalores são inferiores a 0,7 (Mardia et al., 1979; Jolliffe, 1973; 2002).

3. Características redundantes por correlação. Nesse critério, as características que apresentaram alta correlação com outra de maior contribuição para a discriminação de plantas foram consideradas redundantes e passíveis de descarte, conforme recomendado por Cruz et al. (2012). Os coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres foram estimados para as médias Blup, de forma a se obter estimativas aproximadas das correlações genéticas.

#### 4.4.3. Estimação da divergência genética entre indivíduos F<sub>2</sub>

As estimativas de divergência genética foram obtidas por meio de agrupamentos com base nos dados das nove características quantitativas. A distância de dissimilaridade utilizada foi a Distância Euclidiana Média Padronizada. Assim, a partir da obtenção da matriz de distância genética (MDG) foi realizado o agrupamento com base no Método de Otimização de Tocher e no Método Hierárquico de Ligação Média Entre Grupos (UPGMA). Neste segundo, o ajuste entre a matriz de distância genética e a matriz de agrupamento foi realizado por meio do coeficiente de correlação cofenética (CCC) (Sokal e Rohlf, 1962) e para o estabelecimento dos grupos, foi utilizado o método de Mojena (Mojena, 1977).

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Um dos primeiros fatores que atua na variabilidade existente na população e interfere no desenvolvimento das plantas é a pressão da seleção natural. Algumas destas plantas sofrem mais com esta pressão e podem morrer, não produzir sementes ou não produzir em um número suficiente para o avanço de geração, fato este observado na presente pesquisa.

A seleção natural atua de forma a “concentrar” em uma determinada população o patrimônio genético dos indivíduos que, por motivo não identificado, mostram maior valor adaptativo, reproduzindo-se mais intensamente e originando um grande número de progênies viáveis e, dessa forma, a cada nova geração seus genes predominam sobre os dos outros componentes do grupo e os genótipos da população se concentram no sentido de vantagem adaptativas (Lobô e Vilella, 2005).

Com a segregação inesperada para os dois tipos de hábito de crescimento e a partir da aplicação de teste Qui-Quadrado para esta característica, levando em consideração todas as plantas que chegaram a fase de frutificação, constatou-se que as proporções se adequam ao esperado para característica monogênica, onde há dominância do gene que controla o hábito indeterminado ( $\chi^2_c = 0,093$ ). Esse resultado corrobora com a pesquisa realizada por Martins et al. (2014) sobre a validação de marcadores moleculares, ligados aos alelos que controlam o hábito de crescimento em feijão comum, onde os autores confirmaram que o hábito de crescimento é governado por um gene

dominante, denominado na literatura de *Fin*. Outros autores, como Norton (1915), Koinange et al. (1996), Leakey (1998), Park et al. (1999), Faleiro et al. (2003) e Pañeda et al. (2008), chegaram às mesmas conclusões. O resultado obtido comprova, ainda, o sucesso na fase de cruzamentos para obtenção da população de estudo.

### 5.1. Estatística descritiva

A partir da visualização dos gráficos de colunas (Figuras 4, 5, e 7) percebe-se que todas as características qualitativas apresentaram variabilidade fenotípica.

As plantas tiveram sua emergência variando do 4° ao 7° dia, sendo que tanto para o hábito de crescimento determinado quanto para o indeterminado, as maiores frequências de plantas emergidas foram no quinto dia (Figura 4 a; b). Correa et al. (2003) avaliaram, planta a planta, dezesseis genótipos de feijão comum de hábito indeterminado e obtiveram, para a característica em questão, média de 6,86 na avaliação de variedades comerciais e linhagens avançadas.

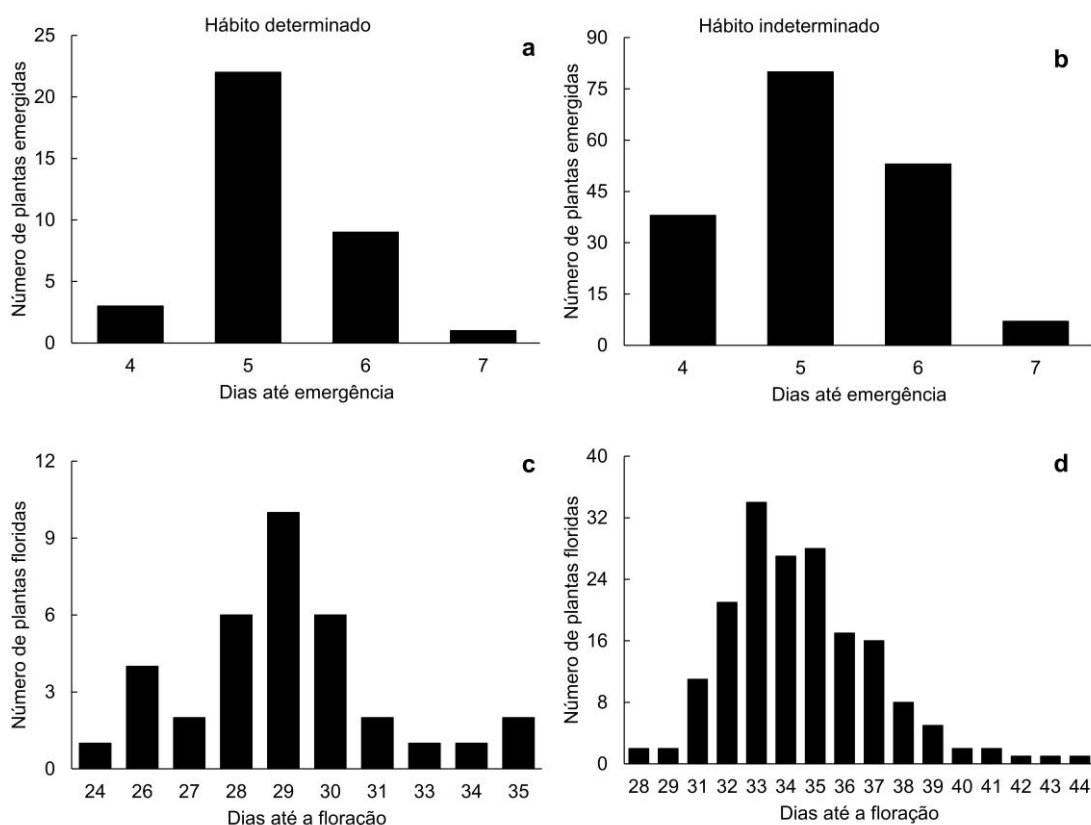
Grigolo et al. (2018) encontraram emergência mais tardia (7 a 18 dias) na avaliação de 20 acessos de feijão provenientes do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão. Ainda, os resultados encontrados no presente trabalho foram inferiores aos encontrados por Almeida et al. (2014) para a cultura do feijão-de-vagem, onde a emergência das plântulas começou a ocorrer, em média, sete dias após o plantio. Assim, os indivíduos F<sub>2</sub> avaliados apresentam precocidade de emergência inclusive em comparação com material comercial.

A característica número de dias até a floração (NDF) apresentou grande amplitude de variação para ambos os hábitos, o que está de acordo com o sugerido por Peixoto et al. (2002) que afirmam que esse caráter tem grande variação de classes. Os genótipos de HD variaram de 24 a 35 dias, com média de 29,1 (Figura 4, c) enquanto nos de HI, a variação foi de 28 a 44 dias com média de 34,5 (Figura 4, d), sendo que no primeiro caso, a maioria das plantas teve seu florescimento no 29° dia após semeadura e, no segundo, no 33° dia, o que é esperado uma vez que plantas de hábito determinado possuem ciclo menor, que reflete, conseqüentemente, no menor período para a fase de floração.

Ao estudar NDF em feijão comum de hábito indeterminado, Correa et al. (2003) encontraram valor superior ao deste trabalho (média de 37 dias). Além

disso, vale ressaltar que assim como neste trabalho, os autores fizeram avaliação de plantas individuais, e, portanto, neste caso, não houve a necessidade de esperar o florescimento de 50% da parcela, como na maioria dos trabalhos.

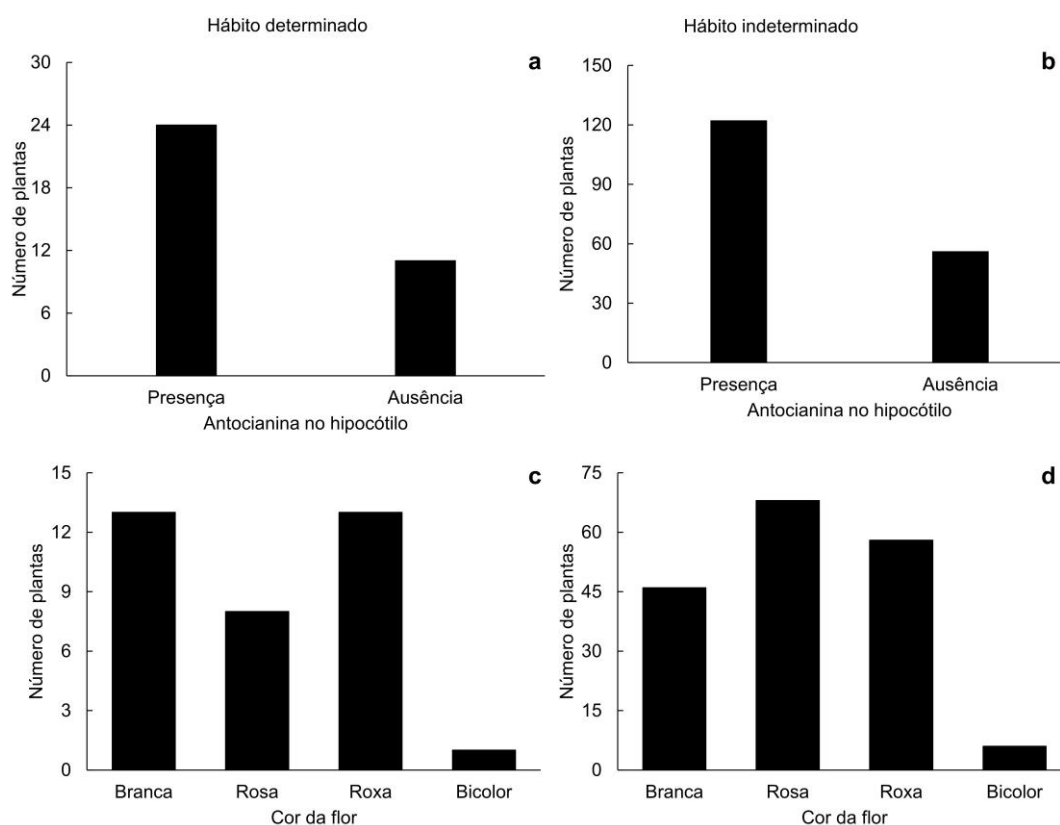
Miranda et al. (2017) avaliaram 15 genótipos de feijão-de-vagem de HI e obtiveram amplitude de variação ente 39 e 45 dias, classificando os genótipos alocados no 39º dia como precoces. Os genótipos avaliados na presente pesquisa demonstraram menor amplitude, com destaque para um maior número de plantas florescidas do 33º ao 35º dia, o que confirma, mais uma vez, que os mesmos apresentam precocidade. Esse resultado é importante uma vez que quanto menor o tempo em que a cultura permanecer no campo, menores serão os gastos com mão de obra e insumos para a sua manutenção, além de reduzir o período em que ela estará propensa ao ataque de pragas e doenças (Peixoto et al., 2002).



**Figura 4.** Número de dias até a emergência e até a floração para plantas de hábito determinado e indeterminado.

Para ambos os hábitos de crescimento, a maioria das plantas apresentou antocianina no hipocótilo (Figura 5 a; b). No entanto, vale ressaltar que a presença ou ausência de antocianina no hipocótilo não é totalmente aceita para descrição varietal, uma vez que a mesma pode ser influenciada pela exposição ao sol a qual produz variações, principalmente, quanto à intensidade da cor (Irastorza, 1983), porém é imposto como descritor mínimo para inscrição do Registro Nacional de Cultivares do Brasil. Ribeiro (2011) ao avaliar 33 genótipos de feijão comum observou que a grande maioria apresentou antocianina no hipocótilo, corroborando com esta pesquisa.

Quanto a coloração da flor (CF), as plantas segregaram para quatro diferentes tipos: branca, rosa, roxa e bicolor, com prevalência da cor rosa nas de hábito indeterminado (Figura 5, d) em contraste com as de plantas de hábito determinado onde as cores brancas e roxas prevaleceram (Figura 5, c). A presença de flores bicolor nas plantas, diferente do que ocorre para a cor da vagem, é comum, como relatado por Almeida et al. (2014) que afirmam que em uma mesma flor as cores podem variar.



**Figura 5.** Presença/ausência de antocianina no hipocótilo e cor da flor para plantas de hábito determinado e indeterminado.



Destaca-se que a cor da flor é um descritor que muda normalmente de acordo com o período do dia em que se faz a observação, razão pelo qual sua identificação deve ser efetuada sempre nas primeiras horas da manhã, já que a luz solar produz rapidamente uma diminuição nos tons das cores (Romero, 1961), protocolo este seguido nesta pesquisa.

Quanto a cor da vagem (CV) observou-se segregação para três diferentes cores, a saber: verde, amarela e uma mistura de ambas estas cores, denominada aqui de verde e amarela (Figura 6). Destaca-se que mesmo uma das classes sendo uma combinação das outras duas, não se trata de uma herança do tipo codominância ou dominância incompleta visto o pequeno número de vagens verde/amarela e a não adequação a proporção esperada em uma população  $F_2$  que é de 1:2:1.



**Figura 6.** Segregação observada para cor da vagem: a – verde; b – amarela e; c – verde e amarela.

Para elucidar melhor os resultados encontrados, foi realizado um teste Qui-Quadrado ( $P < 0,05$ ) para todas as plantas conjuntamente (291), levando em consideração as vagens misturadas como vagem amarela, e verificou-se que os dados da geração  $F_2$  se ajustaram a proporção esperada de 3 plantas com vagens verdes para 1 de vagem amarela ( $\chi^2_c = 0,26$ ), o que sugere que a cor da vagem tem herança monogênica e dominância da cor verde.

As pequenas discrepâncias observadas nas vagens com mistura de cores, podem ser atribuídas às diferenças na penetrância e expressividade do alelo responsável pela cor amarela, fato já observado em trabalho sobre herança da cor da semente em feijão (Baldoni et al., 2002). Sugere-se, ainda, mais

trabalhos sobre a herança deste e de outros caracteres, com delineamentos adequados e utilização dos pais e retrocruzamentos para, a partir da análise de médias e variâncias, elucidar os processos envolvidos e direcionar o trabalho do melhorista.

Em ambos os hábitos de crescimento houve prevalência da cor verde na vagem (Figura 7 a; b). Os resultados revelam a baixa diversidade entre os genótipos para essa característica e é bastante interessante no que diz respeito à aceitação de mercado, pois vagens verdes, ainda hoje, são mais aceitas pelos consumidores do produto *in natura*.

Vale ressaltar, porém, que as vagens amarelas podem representar uma nova vertente de produção, visto que a partir da influência da culinária estrangeira, a exemplo da japonesa, a tendência de pratos mais coloridos é cada vez mais presente, o que está de acordo com Iracema Bertoco, gerente de gastronomia, quando o assunto é fazer um prato se tornar interessante e atraente, afirmando que “comida monocromática tem pouco efeito sob o consumidor” (De olho no mercado, 2016). Quijano e Abiyomaa (2010) realizaram trabalho nesse contexto e concluíram que a aplicação de uma cor diferente aos alimentos incorpora não só aspectos visuais, mas também olfativos, gustativos e evocativos, destacando as cores verde, vermelho, amarelo e laranja como as que mais estimulam o apetite e gosto pela comida.

Quanto a seção transversal da vagem (STV), observou-se uma inversão de resultados, visto que para o hábito determinado a maioria das plantas apresentou vagens do tipo cilíndrica (tipo macarrão), enquanto para o hábito indeterminado sobressaiu-se a forma achatada (tipo manteiga) (Figura 7 c; d). Esse resultado se assemelha ao encontrado por Barbé (2008) ao avaliar 120 linhas avançadas F<sub>6:7</sub> de feijão-de-vagem, o qual obteve 81,67% com vagem do tipo manteiga e 18,33% do tipo macarrão para plantas de hábito indeterminado.

A preferência em relação ao tipo de vagem, se manteiga ou macarrão, pode variar de acordo com os diversos mercados consumidores (Abreu, 2001), sendo que em muitos mercados do interior, o tipo macarrão é o preferido, enquanto em outros há preferência pelo tipo manteiga. Ainda, segundo Filgueira (2013) existem mercados que aceitam ambos os tipos de vagem.

No Estado do Rio de Janeiro, a preferência pela vagem tipo manteiga é notadamente visível e pode ser observada no volume de comercialização do

CEASA - RJ, onde 6000 toneladas desse tipo de vagem são comercializadas por ano, enquanto somente 1500 toneladas de vagem são do tipo macarrão. Sendo assim, linhas com vagens do tipo manteiga são as mais indicadas para o mercado Norte Fluminense (Barbé, 2008).

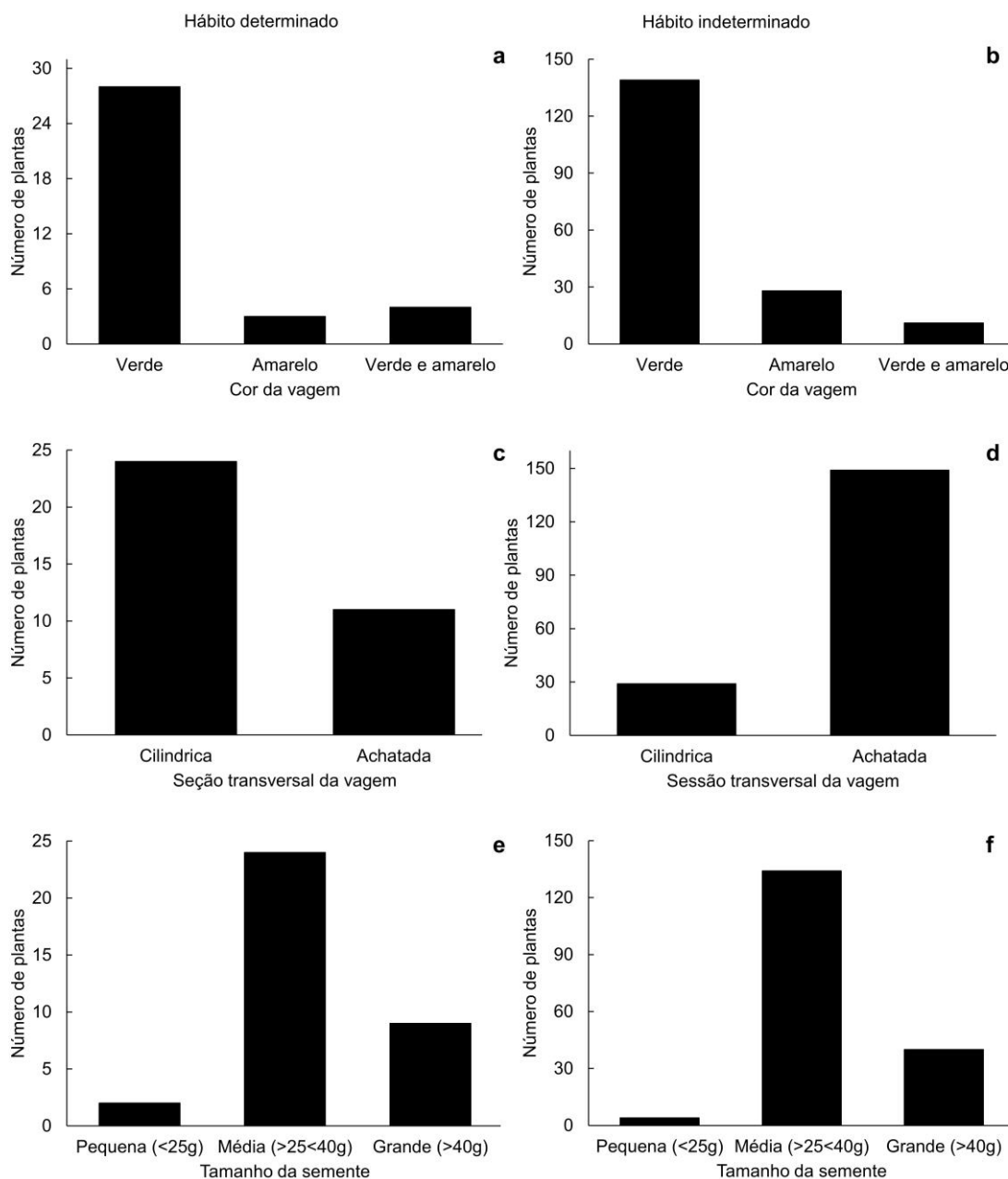
O tamanho da semente é definido em relação ao peso de cem sementes, onde menor que 25g é considerada pequena, de 25 a 40g média e acima de 40g são sementes grandes. Para esta característica, a maioria das plantas apresentaram sementes de tamanho médio para ambos os hábitos de crescimento (Figura 7 e; f).

Peixoto et al. (2002) afirmam que um maior tamanho é indesejável, por conferir à superfície externa da vagem aparência desagradável pelas saliências, requerendo colheitas de vagens com tamanho abaixo do desejável para o produtor, reduzindo-se, assim, a produtividade, mas em contrapartida, sementes maiores são importantes quando se deseja materiais de dupla aptidão.

A partir da avaliação do comportamento dos caracteres quantitativos, por meio da análise de gráficos boxplots, observou-se que todos apresentaram, em maior ou menor grau, variação fenotípica (Figuras 8, 9, 10 e 11).

Para altura de plantas (ALTP) observou-se que o tamanho variou de 0,31 a 0,75m para o HD e de 1,25 a 3,8 m para HI, sendo que no primeiro caso houve altura média de 0,5m e no segundo de 2,6m (Figura 8 a; b). Os valores medianos iguais ou muito próximos aos valores de média mostram simetria dos dados para esta característica.

Os resultados obtidos para ALTP de hábito determinado foram superiores aos encontrados por Krause et al. (2012) que obtiveram para essa característica média de 0,35m. O maior tamanho das plantas que apresentaram este tipo de hábito se deve, possivelmente, ao clima de temperaturas mais amenas característico dos meses de implantação do experimento, o que é favorável ao crescimento do feijão-vagem, conforme confirmado por Kercher e Sytsma (2000). Efeitos negativos da temperatura na altura das plantas também foram relatados por Khattak e Pearson (2005) e Lafta e Lorenzen (1995), onde, em ambos, a altura das plantas diminuía com o aumento da temperatura.



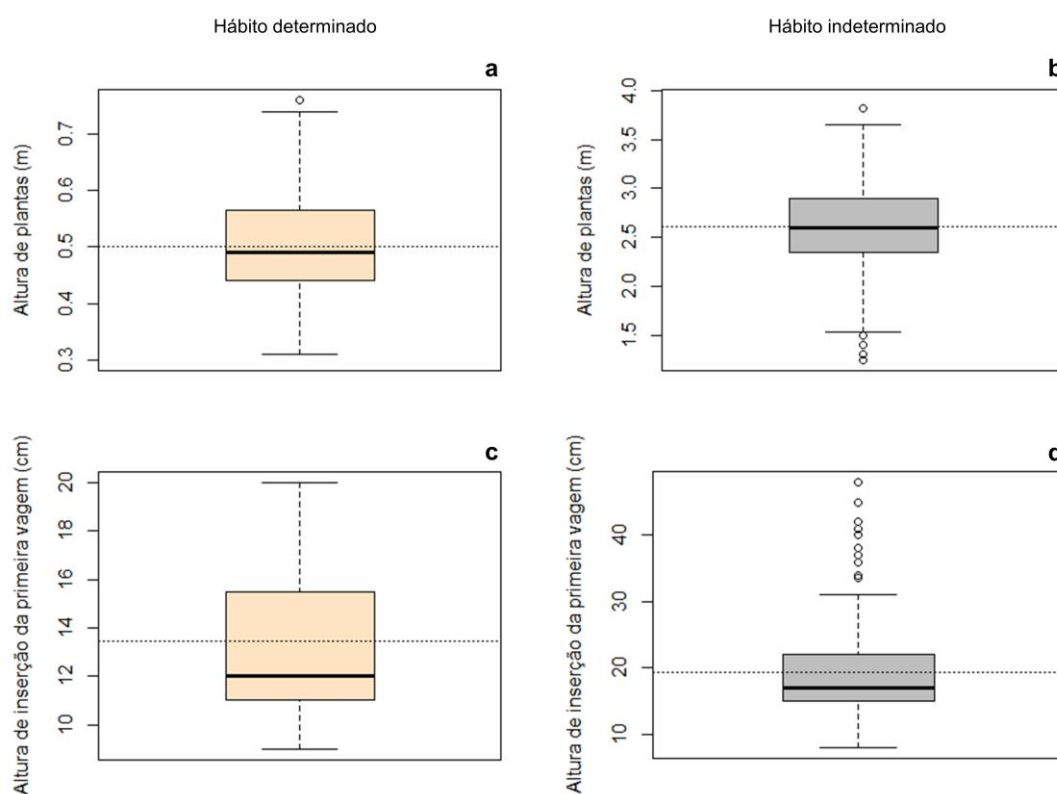
**Figura 7.** Cor da vagem, seção transversal da vagem e tamanho da semente para plantas de hábito determinado e indeterminado.

Com relação as plantas de HI, o valor médio encontrado foi superior à média encontrada por Almeida et al. (2014) que obtiveram 2,41m. Neste mesmo trabalho, os autores fizeram comparação com as testemunhas comerciais Top Seed Blue Line e Feltrin obtendo valores médios em torno de 2,7m, o que implica afirmar que a maioria dos genótipos da população de estudo tem alturas semelhantes ou maiores que variedades comerciais conhecidas. Os resultados obtidos também são considerados altos se comparados aos encontrados por

Abreu et al. (2004) no início do programa de melhoramento de feijão-de-vagem da UENF, que variaram de 0,79 a 1,83m. Isso pode ser explicado pelo ótimo desenvolvimento da cultura devido às condições de solo, irrigação e ao manejo da cultura.

Quanto à altura de inserção da primeira vagem (APV) foi observado variação de 9 a 20cm, com média de 13,4cm, e de 8 a 48cm com média de 19,4cm para plantas de HD e HI, respectivamente (Figura 8 c; d). Em trabalho com feijão comum (arbustivo), Kappes et al. (2008) obtiveram nessa característica variação de 9,6 a 18,6cm, semelhante ao desta pesquisa. Para as plantas de crescimento indeterminado, os valores foram superiores aos encontrados por Abreu et al. (2004) e Francelino et al. (2011), demonstrando que os genótipos apresentaram elevada APV, resultado este considerado promissor.

Destaca-se que é de interesse dos melhoristas selecionar genótipos que possuam maior altura de inserção das primeiras vagens, pois vagens baixas, devido ao contato com o solo podem ser facilmente deterioradas, depreciando a qualidade do produto, o que acarreta maiores perdas na colheita.



**Figura 8.** Altura de plantas e de inserção da primeira vagem para plantas de hábito determinado e indeterminado.

Para massa de matéria verde de uma vagem (MMV1V), observou-se que as vagens referentes as plantas de hábito determinado apresentaram massa média menor que as de hábito indeterminado 7,5 e 8,1g, respectivamente (Figura 9 a; b). Isso ocorre porque os genótipos de vagens achatadas (maioria para HI) tendem a ter maior massa (Peixoto et al., 2002).

Para o HI, o resultado se mostrou superior ao encontrado em Bom Jesus do Itabapoana em 17 linhagens F<sub>8</sub> de feijão-de-vagem (2,36g) e semelhante ao encontrado para as mesmas linhagens, em F<sub>9</sub>, para os municípios de Bom Jesus do Itabapoana (8,57g) e Cambuci (7,54g), resultados obtidos por Marinho (2012).

Com relação a largura da vagem (LV), observou-se que as plantas com HD obtiveram valor médio levemente superior (11,06mm) se comparado com as de HI (10,58 mm) (Figura 9 c; d). Para o primeiro hábito de crescimento, os resultados foram semelhantes aos de Moreira et al. (2009) que avaliaram 11 linhagens introduzidas da Embrapa Arroz e Feijão e três cultivares comerciais (Novirex, UEL 2 e Coralina), onde as cultivares comerciais apresentaram variação de 9,4 a 10,6mm para a característica. No segundo hábito, os valores se assemelham a média obtida por Silva (2013) ao avaliar três variedades comerciais e nove linhagens de feijão-de-vagem (10,68) e por Sant'anna (2019), cuja média geral foi 10,36. A largura da vagem é uma característica importante para que o produto tenha uma boa aceitação comercial pelos consumidores. Neste trabalho constatou-se que a maioria dos genótipos apresentou largura desejáveis que se assemelham a materiais já em circulação no mercado.

Para diâmetro da vagem (DV) observou-se média de 7,3mm para as plantas de hábito determinado (Figura 10 a) e 6,8mm para as de hábito indeterminado (Figura 10 b), o que já era esperado uma vez que as vagens cilíndricas têm maior diâmetro.

A média do DV para as plantas de hábito determinado foi inferior a encontrada por Souza (2012) ao avaliar seis genitores (cultivares) de conhecida performance agrônômica e seus 15 híbridos F<sub>1</sub> (9,77mm). A autora destaca, ainda, que atualmente o consumidor final prefere vagens de diâmetro menor como a da cultivar Paulista (7,24mm). Assim, os genótipos aqui avaliados possuem DV com média de grande aceitabilidade no mercado. Para os genótipos indeterminados, o resultado foi semelhante ao encontrado por Silva et al. (2005),

que avaliaram cinco genitores e suas dez combinações híbridas em feijão-de-vagem (7,06 mm) e foi superior ao de Sant'anna (2019) que obteve 6,2mm.

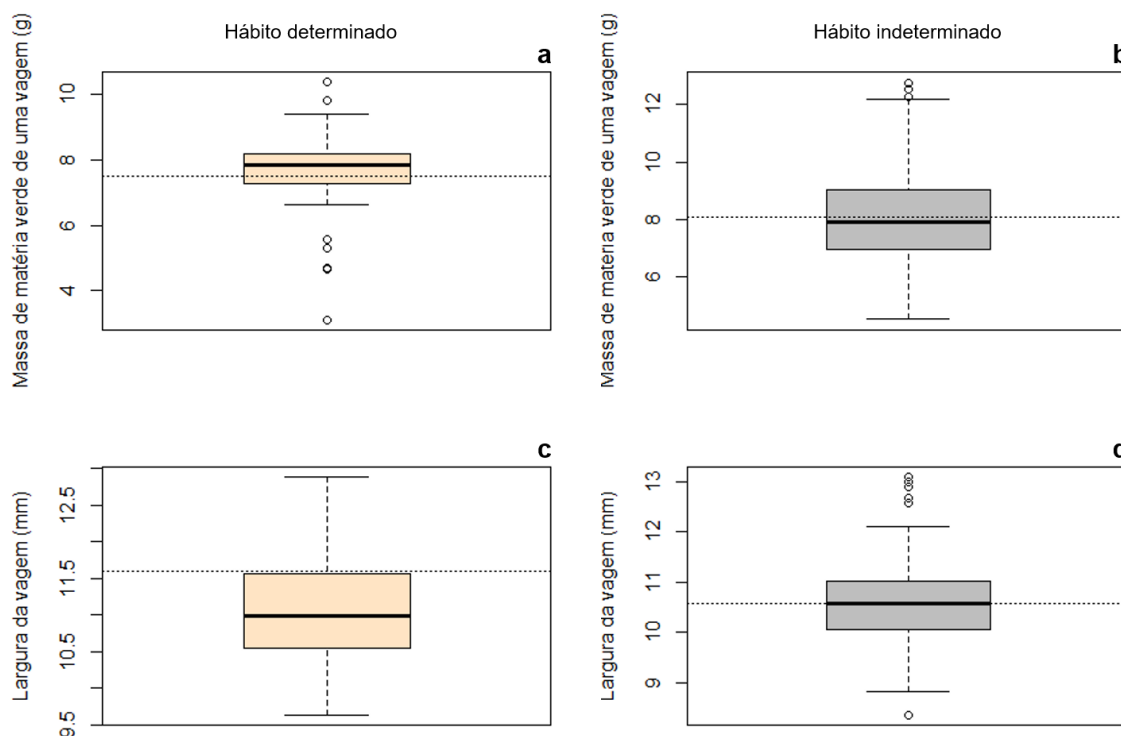
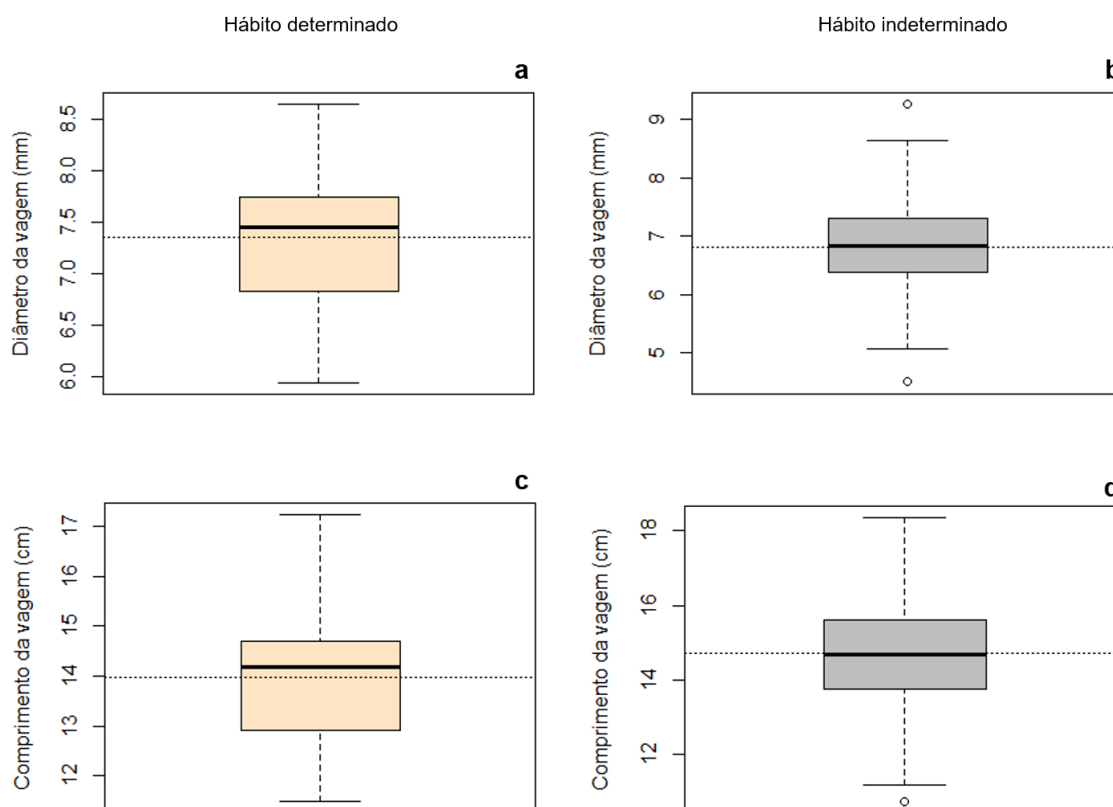


Figura 9. Massa de matéria verde de uma vagem e largura da vagem para plantas de hábito determinado e indeterminado.

O comprimento da vagem (COMPV) variou de 11,5 a 17,2 (média 13,97cm) e de 10,8 a 18,3cm (média 14,80cm) para as plantas de HD e HI, respectivamente (Figura 10 c; d). No primeiro caso, o valor foi superior ao encontrado por Krause et al. (2012) que obtiveram 12,24cm na média geral de sua pesquisa ao avaliar combinações híbridas e respectivos genitores, resultantes dos cruzamentos dialélicos entre cinco cultivares de *Phaseolus vulgaris* L. Ainda, a média geral obtida para COMPV nesta pesquisa foi superior as cultivares Coralina (12,2 cm), Novirex (13,8 cm) e UEL 2 (12,4 cm) avaliadas por Moreira et al. (2009) em pesquisa realizada nas condições de Londrina-PR. Assim, os genótipos da população segregante em estudo apresentaram bons valores para a característica.

Os resultados do COMPV das plantas de hábitos indeterminados também se mostraram bastante promissores. Prova disso, é que os genótipos da

população em estudo obtiveram média superior a encontrada por Vilela et al. (2009) em linhagens endogâmicas recombinadas (13,17cm). Ainda, o valor médio encontrado foi semelhante ao descrito por Sant'anna et al. (2019) no lançamento da cultivar UENF Goytacá (15cm), genitor masculino nos cruzamentos que originaram a população F<sub>2</sub> desta pesquisa, destacando-se que quase 50% dos genótipos aqui analisados obtiveram valores acima de 15cm, evidenciado pelo valor da mediana equivalente à média geral (Figura 10 d). Filgueira (2013) comenta que o comprimento da vagem mais acentuado quando comparado ao do feijão comum, constitui uma característica distintiva das variedades de feijão-de-vagem.



**Figura 10.** Diâmetro e comprimento da vagem para plantas de hábito determinado e indeterminado.

As três últimas características (LV, DV e CV), bem como tipo de vagem são de grande importância para que o produto tenha uma boa aceitação comercial pelos consumidores, com destaque para o comprimento das vagens



que segundo Almeida (2011) é uma das mais importantes. Neste trabalho constatou-se que a maioria dos genótipos apresentou valores desejáveis para estas características.

O caráter número total de vagens por planta (NTV) representa alta associação com a produção da cultura e, por isso, é considerada de grande importância, havendo contribuição direta com a produtividade de vagens (Araújo, 2015). O NTV variou de 18 a 106 para o hábito determinado e de 20 a 239 para o hábito indeterminado, obtendo média 47 e 90, respectivamente (Figura 11 a; b). Vale lembrar que embora o trabalho seja mais oneroso e o custo de produção por área para plantas de HI seja maior em virtude da necessidade de tutoramento, esse fato é compensado pela maior produtividade, como confirmado neste trabalho.

Em relação as plantas de HD, o resultado médio encontrado é promissor, uma vez que foi superior à média (37,38) obtida por Correa e Gonçalves (2012) na avaliação de cultivares e linhagens avançadas de feijão-comum. Ainda, Moreira et al. (2009) na avaliação de 11 linhagens e três cultivares de feijão-vagem determinado, quanto a divergência genética e o potencial agrônomo nas condições de Londrina e Cambé, obtiveram médias extremamente inferiores as encontradas nesta pesquisa, demonstrando, mais uma vez, a importância destes resultados.

A média de NTV para os genótipos de hábito indeterminado foi considerada bastante alta, sendo superior à maior média (79,60) encontrada por Francelino et al. (2011) na avaliação de 25 acessos de feijão-de-vagem do Banco de Germoplasma da UENF e superior, também, à encontrada por Sant'anna et al. (2019) para as cultivares UENF Goytacá (83,93) e Top Seed Blue Line (75,56) que são materiais sabidamente produtivos que estão disponíveis aos produtores da cultura.

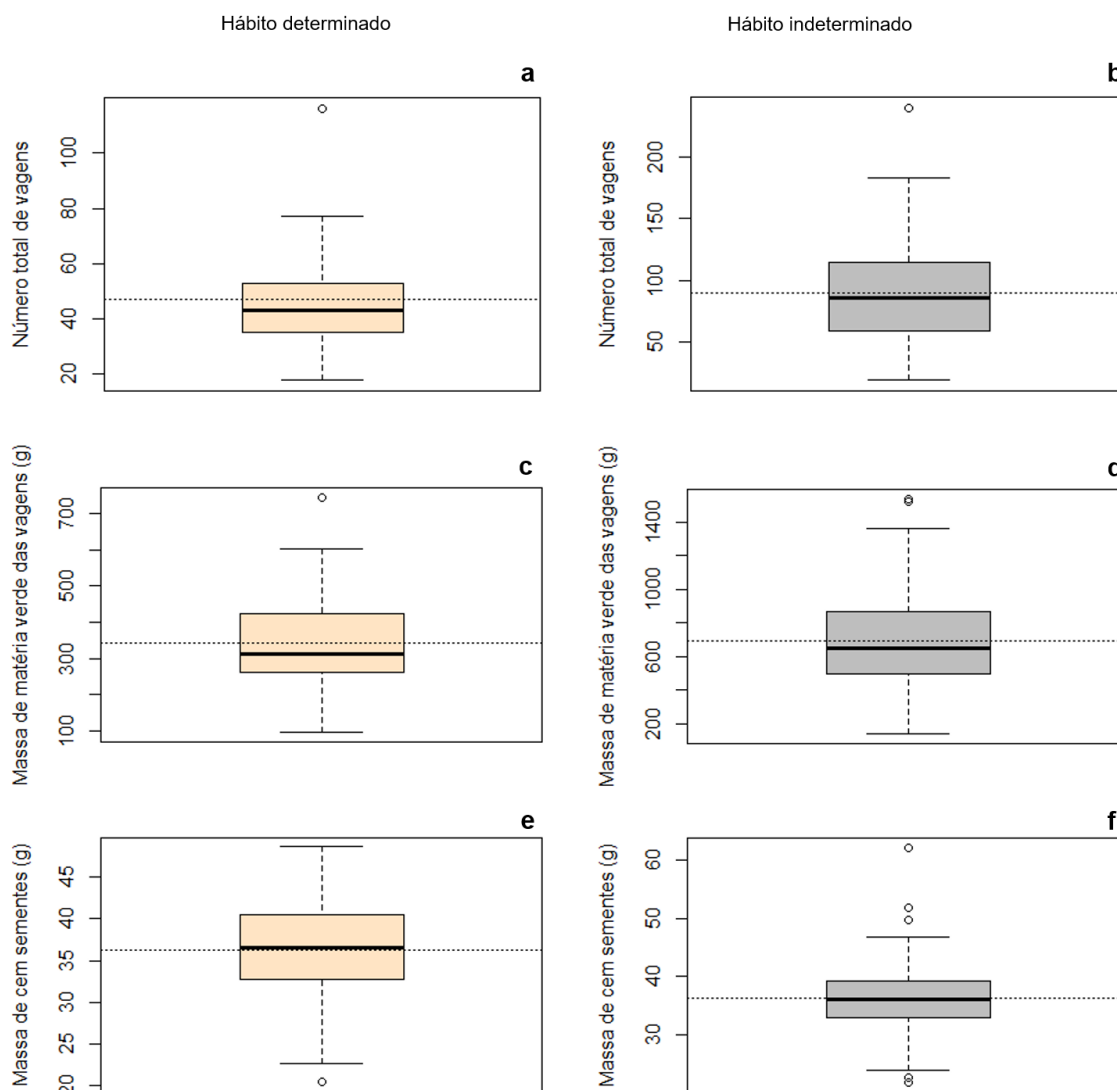
A grande quantidade de vagens produzida pelos genótipos refletiu diretamente na massa de matéria verde de vagens por planta (MMVV). Para as plantas de hábito determinado, a média para esta característica foi de 344g (Figura 11 c), enquanto para as de hábito indeterminado foi de 691g (Figura 11 d). É notada correspondência se comparado aos gráficos da característica anterior, assim os genótipos que tiveram maiores pesos (representados pelos outliers) foram, possivelmente, os que mais produziram vagem.

Mais uma vez destaca-se os valores encontrados para as plantas de HI, o que demonstra que os resultados obtidos para os genótipos da população de estudo são de interesse. A exemplo, a média para essa característica foi superior à obtida por Sousa (2015) na avaliação de 55 genótipos (42 progênies F<sub>2</sub> e 13 parentais), tanto em relação à média das plantas selecionadas (193,247g) como a das testemunhas UENF 1445 (112,194g), Feltrin (120,141g) e Top Seed Blue Line (142,78g).

Para massa de cem sementes (M100) foram observadas médias semelhantes para os genótipos de hábito determinado (36,20g) e indeterminado (36,40g), bem como comportamento simétrico dos dados para ambos (Figura 11 e; f).

Para as plantas de HI, o resultado foi superior à média de 24 dos 25 acessos avaliados por Abreu et al. (2004) no início do programa de melhoramento de feijão-de-vagem da UENF, bem como à média de uma das cultivares advindas desses genótipos, a cultivar UENF Goytacá, que apresentou para essa característica valor médio de 29,25g (Sant'anna et al., 2019).

Vale destacar que o M100 é uma característica comum para o feijoeiro quando se trata do consumo de grãos, sendo, portanto, de interesse maior para plantas com hábito do tipo determinado que dispõem de dupla aptidão. Nesse contexto, a média obtida foi superior a maior média encontrada por Correa e Gonçalves (2012), referente a cultivar Pérola (30,10g), na avaliação de 13 genótipos de feijão comum, sendo nove cultivares e quatro linhagens, todas de desempenho sabidamente conhecido. Este resultado demonstra a possibilidade de obtenção de genótipos superiores para fins de utilização de grãos, o que justifica novamente a tomada de decisão de uma nova vertente dentro do programa de melhoramento da UENF. Trabalhos futuros podem ser desenvolvidos nesta linha, a partir dos resultados desta pesquisa para os genótipos determinados, que mostraram bom desempenho para esta e para as demais características avaliadas.



**Figura 11.** Número total de vagens/planta, massa de matéria verde das vagens e massa de cem sementes para plantas de hábito determinado e indeterminado.

Todas as características avaliadas na presente pesquisa mostraram resultados satisfatório de variabilidade fenotípica, apresentando genótipos promissores se comparado à médias de cultivares e linhagens de desempenho conhecido, à média geral do experimento e à média da UENF Goytacá (genitor masculino que deu origem a população segregante). Assim, há possibilidade de seleção de genótipos individuais para continuidade do programa de melhoramento de feijão-de-vagem da UENF para ambos os hábitos.

Devido a diferença nas estruturas das plantas que compõem os dois tipos de hábito de crescimento e visando a não influência destas nos resultados, os próximos tópicos que se referem as metodologias multivariadas para descarte de

caracteres, métodos de agrupamento, parâmetros genéticos e seleção de plantas superiores, serão realizados separadamente.

## 5.2. Hábito determinado

### 5.2.1. Estimativas de parâmetros genéticos via REML

O resultado das estimativas de parâmetros genéticos dos caracteres avaliados está representado na Tabela 3. Para a realização das análises, foram utilizados os valores individuais das plantas da população de estudo.

A estimativa da variância genética ( $\sigma^2_g$ ) entre os genótipos, quando apresenta valores positivos e diferentes de zero, indica a existência de variabilidade devido ao genótipo e, conseqüentemente, a possibilidade de seleção de plantas superiores para as características avaliadas. Esse parâmetro variou de 0,0007 a 3177,6570 para as características ALTP e MMVV, respectivamente. Apesar destes valores serem considerados de certa forma baixos, especialmente para ALTP, os mesmos refletem uma considerável variabilidade genética ou diferença entre os genótipos a ser aproveitada para fins de seleção, sobretudo para a NTV, MMVV e M100, tendo estes caracteres como os de maiores importância econômica para a cultura com vista a exploração da dupla aptidão.

Outro fator a ser observado é a influência da variância ambiental, uma vez que a variação presente no fenótipo é devida também às condições do ambiente. Neste trabalho, esta variação refere-se ao somatório das variâncias de linhas, colunas e residuais. Foram obtidos altos valores de variância ambiental para todos os caracteres avaliados. Sousa (2015) encontrou maiores valores de variâncias ambientais em relação a genética para dois caracteres de produção em feijão-de-vagem, corroborando com os resultados aqui apresentados.

A alta influência ambiental sobre as características avaliadas pode ser justificada pela natureza poligênica e complexa dos caracteres analisados e a ausência de controle ambiental no experimento devido à não utilização de delineamento.

É preferível e importante que a variação fenotípica seja composta em maior parte por variações provenientes do genótipo dos candidatos à seleção, pois contribui para uma maior herdabilidade dos caracteres em questão. A partir da análise da herdabilidade individual no sentido amplo ( $h^2_g$ ) para as características NTV, MMVV e M100, observou-se valores em torno de 0,199,

0,161 e 0,126 respectivamente, indicando que 19,9%, 16,1% e 12,6% da variação presente nessas características são devido às causas de fatores genéticos, no entanto, parte deles não são herdáveis em se tratando deste tipo de herdabilidade.

Não é incomum, na literatura, valores baixos de herdabilidade quando se trata de populações segregantes. Coelho et al. (2002), por exemplo, ao avaliar progênies  $F_2$  de feijão comum derivadas do cruzamento Ouro 1919 X Millionário 1732, encontraram valores de herdabilidade no sentido amplo de 34% e 25% para NTV e de 19% e 33% para M100, na época de primavera-verão e verão-outono, respectivamente. Embora maiores que as encontradas na presente pesquisa, essas estimativas ainda são consideradas baixas.

A herdabilidade no sentido amplo pode apresentar grandes variações, uma vez que este parâmetro não é uma característica imutável, sendo uma propriedade não só da característica, mas também da população e da condição ambiental a que a população foi submetida. Tais estimativas variam com a característica, método de estimação, nível de endogamia e diversidade genética da população e precisão experimental (Falconer e Mackay, 1996).

Sabe-se, também, que caracteres que se desenvolvem em curto período de tempo estariam menos sujeitos à interação com o ambiente e, desta forma, expressariam maior valor de herdabilidade do que aqueles caracteres sujeitos a um período de desenvolvimento maior (Borém e Miranda, 2017). Este fato pode ser evidenciado neste trabalho, especialmente pra NTV, em razão de haver constante formação e desenvolvimento das vagens, com consequente impacto nos valores de herdabilidade para as características avaliadas.

Os valores de herdabilidade para os caracteres estudados, incluindo os de maiores interesses citados anteriormente, se mostraram seriamente influenciados pela alta variância ambiental obtida, fato que dificulta o sucesso com a seleção a partir destes caracteres. No entanto, vale destacar que, embora considerado de baixa magnitude, estes valores são de interesse para o melhoramento destas características por se tratar de caracteres poligênicos. Assim, qualquer ganho para tais características deve ser considerado (Sousa, 2015)

**Tabela 3.** Parâmetros genéticos para nove características de feijão-de-vagem de crescimento determinado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

Caráter	Parâmetros Genéticos						Média
	$\sigma^2_g$	$\sigma^2_{linha}$	$\sigma^2_{coluna}$	$\sigma^2_r$	$\sigma^2_f$	$h^2_g$	
<b>ALTP</b>	0,0007	0,0041	0,0018	0,0052	0,0118	0,056±0,114	0,51
<b>APV</b>	1,3856	2,5875	0,0342	7,4672	11,4745	0,121±0,166	13,56
<b>MMV1V</b>	0,4534	0,0022	0,0019	1,7186	2,1761	0,208±0,218	7,55
<b>LV</b>	0,1157	0,0736	0,0014	0,568	0,7587	0,153±0,187	11,09
<b>DV</b>	0,0414	0,0906	0,0066	0,2595	0,3981	0,104±0,154	7,35
<b>COMPV</b>	0,1733	0,0025	0,497	1,1881	1,8609	0,093±0,146	13,96
<b>M100</b>	4,6592	8,889	0,0916	24,6829	38,3227	0,126±0,167	36,66
<b>NTV</b>	64,0564	0,3781	0,4286	256,012	320,8751	0,199±0,214	46,94
<b>MMVV</b>	3177,657	1118,108	40,9942	15421,75	19758,51	0,161±0,192	343,06

$\sigma^2_g$ : variância genotípica;  $\sigma^2_{linha}$ : variância ambiental entre linhas;  $\sigma^2_{coluna}$ : variância ambiental entre colunas;  $\sigma^2_r$ : variância residual;  $\sigma^2_f$ : variância fenotípica individual;  $h^2_g = h^2$ : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

Para Ramalho e Araújo (2011) a avaliação, seleção e recomendação de novas cultivares, que sobreponha níveis de produtividade de cultivares comerciais, constitui um dos principais desafios dos melhoristas, principalmente quando se trata de caracteres de herança quantitativa. Desta forma, o uso de procedimentos genético-estatísticos mais elaborados, a exemplo da metodologia de modelos mistos, é uma tendência no melhoramento genético de plantas, pois estes são capazes de fornecer parâmetros complementares importantes na identificação de genótipos superiores (Cruz et al., 2018).

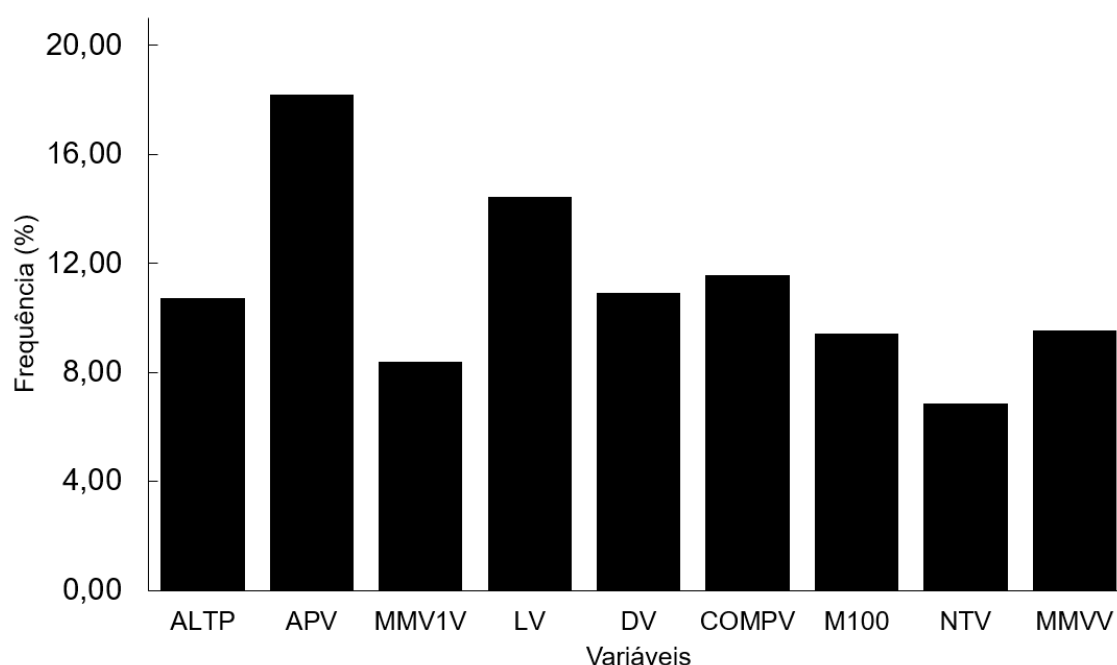
### 5.2.2. Descarte de caracteres redundantes

Pelo método de Singh (1981) as características que mais contribuíram para a variabilidade total foram: APV (18,18%), seguida por LV (14,42%), COMPV (11,56%), DV (10,93%) e ALTP (10,71%) (Figura 12). Somente essas características respondem por 55% da variabilidade observada.

O interesse na importância relativa das características para a variabilidade é a possibilidade de descartar aquelas que pouco contribuem para a discriminação da espécie estudada, e, assim, reduzir os custos com mão de obra e tempo na experimentação (Alves et al., 2003). Assim sendo, os caracteres que menos contribuíram para a variação genética e são passíveis de descarte pelo

método proposto foram: NTV (6,84%) e MMV1V (8,38%). Esse resultado corrobora com o encontrado por Coelho et al. (2010) e Correa e Gonçalves (2012), onde a característica número de vagens por planta também foi a de menor contribuição por essa metodologia, o que demonstra o pouco poder desta variável na diferenciação dos genótipos.

Características que contribuem pouco para a divergência não devem ser utilizadas na seleção, por diminuir a eficiência do processo (Moreira et al., 2005). No entanto, ressalta-se que o descarte com base em apenas uma metodologia não é aconselhável, uma vez que mesmo que um caráter apresente baixa magnitude para contribuição relativa, ele ainda assim pode ser importante para o programa de melhoramento genético (Azevedo et al., 2013). Isso pôde ser observado nesta pesquisa, visto que o caráter de menor contribuição (NTV) é de grande importância para a cultura, seja para a comercialização de vagens e/ou grãos decorrentes das mesmas (dupla aptidão). Portanto, é recomendado para maior segurança no descarte de características, o emprego de um ou mais procedimento de descarte (Alves et al., 2003).



**Figura 12.** Contribuição relativa das características de feijão-de-vagem de hábito determinado para a diversidade genética pelo critério de Singh (1981). Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

ALTP: altura da planta (m); APV: altura de inserção da primeira vagem (cm); MMV1V: massa de matéria verde de uma vagem (g); LV: largura da vagem (mm); DV: diâmetro da vagem (mm); COMPV: comprimento da vagem (cm); M100: massa de cem sementes (g); NTV: número total de vagens; MMVV: massa de matéria verde das vagens (g).

Pela metodologia de componentes principais foi possível realizar o descarte a partir do sexto componente principal (CP6), pois apresentou autovalor inferior a 0,7 (Tabela 4). A massa de matéria verde das vagens (MMVV) foi a primeira característica sugerida para descarte, pois apresentou o maior coeficiente de ponderação, em módulo, no último componente principal (CP9). Em seguida, a massa de matéria verde de uma vagem, a largura da vagem e o comprimento da vagem foram apontados para descarte pelas maiores ponderações no CP8, CP7 e CP6, respectivamente.

O descarte de características pelo método direto sobre os componentes principais pode ser considerado rigoroso, pois sugeriu a eliminação de 44% das características que participaram da análise. Além disso, a massa de matéria verde de vagens por planta e comprimento da vagem foram apontados para descarte, características essas de interesse econômico para a espécie. Resultados semelhantes foram observados por Oliveira et al. (2006) ao selecionarem descritores mínimos para o açaizeiro com base em componentes principais, onde 18 de 28 caracteres foram passíveis de descarte, inclusive caracteres importantes na caracterização da cultura.

**Tabela 4.** Variâncias (autovalores), variâncias percentuais e acumuladas de componentes principais obtidos com base em nove caracteres de feijão-de-vagem de hábito determinado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

Componente	Autovalor	AV (%)	AV (%) Acumulado	Descarte
1	3,1377466	34,86	34,86	
2	1,8390045	20,43	55,29	
3	1,300983	14,46	69,75	
4	0,8007615	8,90	78,65	
5	0,7330108	8,14	86,79	
6	0,6051627	6,72	93,51	COMPV
7	0,3768569	4,19	97,70	LV
8	0,1994737	2,22	99,92	MMV1V
9	0,0070004	0,08	100,00	MMVV

COMPV: comprimento da vagem (cm); LV: largura da vagem (mm); MMV1V: massa de matéria verde de uma vagem (g); MMVV: massa de matéria verde das vagens (g).

Ao analisar as duas metodologias apresentadas anteriormente, observa-se que a característica massa de matéria verde de uma vagem foi sugerida para



descarte pelas metodologias de Singh (1981) e de componentes principais, assim, recomenda-se o descarte dessa característica em análises posteriores referente ao avanço de gerações. A decisão de descarte por dois ou mais critérios atenua a radicalidade do processo e minimiza possíveis erros no descarte (Brandão, 2011). Para dar maior confiabilidade também foram analisadas as estimativas de correlação das características avaliadas.

As estimativas dos coeficientes de correlação avaliadas para os nove caracteres morfoagronômicos são apresentados na tabela 5. É importante destacar, porém, que o coeficiente de correlação igual a zero não implica falta de correlação entre duas variáveis, isso reflete apenas a ausência de relação linear entre esses caracteres.

As estimativas de correlação simples mostram que, em geral, os valores de correlação foram baixos e não significativos, com exceção das estimativas de correlação entre os seguintes caracteres: ALTPxMMV1V (0,60); APVxLV (0,42); MMV1V com LV e DV (0,48 e 0,44); COMPV com ALTP, LV, DV e M100 (0,52, 0,54, 0,40 e 0,43) que apresentaram correlação moderada e MMV1VxCOMPV (0,78) e NTVxMMVV (0,89) que apresentaram forte correlação (Dancey e Reidy, 2018). A forte associação entre características permite o melhoramento indireto, onde a seleção em apenas um caráter resulta em ganhos simultâneos nas características a ele fortemente correlacionado (Bernardo, 2002).

Os resultados demonstram que as plantas que obtiveram um maior peso de grãos, requerido nos genótipos de hábito determinado para dupla aptidão, também apresentaram maior comprimento da vagem, de mais fácil mensuração, podendo ser realizada ainda no campo. Francelino et al. (2011) encontraram altas correlações entre o comprimento médio da vagem e produtividade de grãos secos, o que está de acordo com esta pesquisa. Ainda, destaca-se a importância do M100 por estar diretamente associado a um maior potencial de rendimento de grãos por hectare como comprovado em vários trabalhos na literatura (Ribeiro et al., 2001; Barili et al., 2011; Santos et al., 2015).

**Tabela 5.** Correlação fenotípica entre características de feijão-de-vagem de hábito determinado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

	ALTP	APV	MMV1V	LV	DV	COMPV	M100	NTV	MMVV
ALTP	1	0,29 <sup>ns</sup>	0,60 <sup>**</sup>	0,27 <sup>ns</sup>	0,27 <sup>ns</sup>	0,52 <sup>**</sup>	0,15 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	0,29 <sup>ns</sup>
APV		1	0,20 <sup>ns</sup>	0,42 <sup>*</sup>	-0,01 <sup>ns</sup>	0,16 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	0,14 <sup>ns</sup>
MMV1V			1	0,48 <sup>**</sup>	0,44 <sup>**</sup>	0,78 <sup>**</sup>	0,21 <sup>ns</sup>	-0,05 <sup>ns</sup>	0,37 <sup>*</sup>
LV				1	0,34 <sup>*</sup>	0,54 <sup>**</sup>	0,23 <sup>ns</sup>	-0,12 <sup>ns</sup>	0,14 <sup>ns</sup>
DV					1	0,40 <sup>*</sup>	0,32 <sup>ns</sup>	-0,24 <sup>ns</sup>	-0,02 <sup>ns</sup>
COMPV						1	0,43 <sup>**</sup>	-0,05 <sup>ns</sup>	0,31 <sup>ns</sup>
M100							1	-0,08 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>
NTV								1	0,89 <sup>**</sup>
MMVV									1

<sup>\*\*</sup>, <sup>\*</sup> e <sup>ns</sup>: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste t.

Em conformidade com as metodologias anteriores, o descarte da MMV1V não representa uma grande perda de informação, pois a mesma apresentou correlação forte e positiva com o comprimento da vagem e moderado e positivo com ALTP, LV e DV, sendo, portanto, redundante. Caracteres dispensáveis em estudos de divergência são aqueles que relativamente não variam entre o material estudado e, ou, são redundantes por estarem correlacionadas com outros caracteres (Cruz et al., 2012), o que justifica a tomada de decisão no descarte desta característica.

### 5.2.3. Divergência genética por meio de agrupamentos

Foi possível observar a formação de nove grupos divergentes pelo método de otimização de Tocher, da seguinte maneira: Grupo II – Genótipos 34 e 156; Grupo III – Genótipos 48, 51 e 53; Grupo IV – Genótipos 61 e 64; Grupos V, VI, VII, VIII e IX – Genótipos 38, 8, 22, 130 e 74, respectivamente e; Grupo I – todos os demais genótipos (Tabela 6). Assim, é possível afirmar que há presença de genótipos ou grupos de genótipos divergentes geneticamente, o que indica possibilidade de sucesso na continuação do programa de melhoramento, uma vez que a variabilidade é a ferramenta básica de trabalho de um melhorista de plantas. Ainda, vale ressaltar que a grande quantidade de grupos formados por plantas isoladas é devida, possivelmente, a presença de outliers, constatados anteriormente por meio de gráficos boxplot.

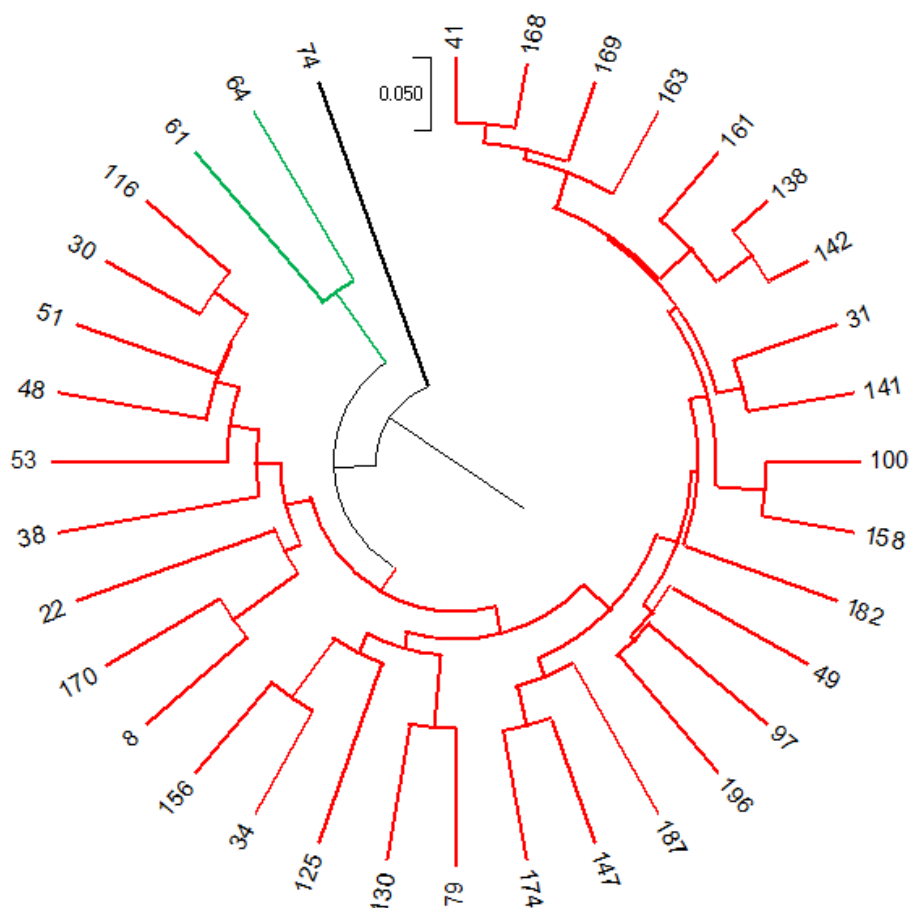
**Tabela 6.** Grupos de similaridade genética formados pelo Método de Otimização de Tocher, com base em nove caracteres avaliados nas 35 plantas de feijão-de-vagem de crescimento determinado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

<b>Grupo</b>	<b>Genótipos</b>											
<b>I</b>	138	142	161	168	41	169	163	141	31	100	158	
		182	49	196	97	116	30	174	147	170	125	
		79	187									
<b>II</b>	34	156										
<b>III</b>	48	51	53									
<b>IV</b>	61	64										
<b>V</b>	38											
<b>VI</b>	8											
<b>VII</b>	22											
<b>VIII</b>	130											
<b>IX</b>	74											

O método hierárquico UPGMA, por sua vez, apresentou apenas três grupos divergentes (Figura 13). Neste método, a definição do número de grupos no dendrograma recorre a um ponto de corte (PC), valor calculado com base no tamanho relativo dos níveis de fusões, ou distâncias, no dendrograma. A matriz de distância entre os objetos a partir do dendrograma é chamada de matriz cofenética e a aproximação dessa com a matriz de medidas de dissimilaridade é medida pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC), que permite avaliar a capacidade do dendrograma em reproduzir a matriz de dissimilaridade (Faria et al., 2012).

Para o estabelecimento de grupos dissimilares pelo método hierárquico UPGMA foi utilizado um ponto de corte a 89% de distância, o que resultou na formação dos três grupos. Ressalta-se que para considerar boa representatividade das reais distâncias entre os materiais, as correlações cofenéticas devem ser superiores a 0,8 (Sokal e Rohlf, 1962).

O dendrograma apresentado obteve CCC de 0,71, porém significativo ( $P < 0,01$ ), assim pode-se considerar que houve bom ajuste da matriz de dissimilaridade no dendrograma. Isso pode ser observado com a comparação em relação ao agrupamento pelo método de Tocher, que foi parcialmente similar, onde os genótipos 61 e 64 ficaram agrupados em um dos grupos e o 74 em um grupo isolado. Teixeira et al. (2004) também observaram concordância parcial entre o método de Tocher e hierárquico em estudo de divergência genética para a cultura do feijão-de-vagem.



**Figura 13.** Dendrograma obtido pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA), com base na análise de 35 plantas de feijão-de-vagem de crescimento determinado. CCC = 0,71\*\*. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

#### 5.2.4. Predição dos valores genotípicos via Blup

A relação dos genótipos em função dos valores genéticos, valores genotípicos preditos ( $\mu + g$ ), ganhos genéticos e novas médias obtidos para M100 e NTV é apresentada nas Tabelas 7 e 8, respectivamente.

Os indivíduos F<sub>2</sub> obtiveram valor médio de 36,66g para a massa de cem grãos e 46,94 para o número total de vagens por planta. Embora estes caracteres direcionados a seleção de plantas individuais tenham sido pouco utilizados em estudos anteriores com feijão comum e feijão-de-vagem de crescimento determinado, os valores encontrados foram relativamente superiores aos encontrados por Correa e Gonçalves (2012) para ambas as características, ao trabalharem com 13 genótipos de feijão comum, entre cultivares e linhagens avançadas.

Dos 35 indivíduos  $F_2$  avaliados, 16 apresentaram para seus valores genotípicos preditos resultados superiores à média geral do experimento para massa de cem sementes, com a capitalização de ganhos para essa característica que variou de 1,495g a 0,676g ao considerar estes genótipos (Tabela 7). Com isso, estes dados reforçam não só o potencial dos indivíduos da população, mas também contribuem para indicar a possibilidade de seleção de plantas com superior desempenho para esta característica.

Ao considerar a característica número total de vagens, 15 indivíduos apresentaram valores genotípicos preditos maiores que a média geral do experimento, com ganho genético variando de 13,790 a 2,888 no incremento do número de vagens/planta (Tabela 8). Tais resultados mostram desempenho produtivo superior para esses indivíduos na produção de vagens verdes em relação aos demais e é de interesse para a continuidade do programa de melhoramento de feijão-de-vagem de crescimento determinado que se pretende dar início na UENF.

**Tabela 7.** Predição dos valores genéticos (g), valores genotípicos preditos ( $\mu + g$ ), ganho e nova média da população para o caráter massa de cem sementes em indivíduos  $F_2$  de feijão-vagem de crescimento determinado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

Ondem	Genótipo	g	$\mu + g$	Ganho	Nova média
1	31	1,495	38,164	1,495	38,164
2	182	1,392	38,062	1,443	38,113
3	64	1,189	37,858	1,358	38,028
4	170	1,070	37,740	1,286	37,956
5	161	1,035	37,705	1,236	37,906
6	130	0,759	37,429	1,157	37,826
7	38	0,701	37,370	1,092	37,761
8	141	0,633	37,303	1,034	37,704
9	61	0,554	37,223	0,981	37,651
10	100	0,526	37,196	0,935	37,605
11	41	0,513	37,183	0,897	37,567
12	187	0,474	37,143	0,862	37,531
13	138	0,322	36,992	0,820	37,490
14	142	0,082	36,752	0,768	37,437
15	8	0,068	36,737	0,721	37,391
16	174	0,008	36,678	0,676	37,346
17	49	-0,089	36,581	0,631	37,301
18	48	-0,125	36,545	0,589	37,259
19	53	-0,151	36,518	0,550	37,220
20	196	-0,158	36,512	0,515	37,185
21	22	-0,170	36,500	0,482	37,152
22	74	-0,195	36,475	0,452	37,121
23	30	-0,211	36,459	0,423	37,092
24	147	-0,232	36,438	0,395	37,065
25	168	-0,239	36,430	0,370	37,040
26	79	-0,257	36,413	0,346	37,016
27	116	-0,378	36,292	0,319	36,989
28	169	-0,481	36,188	0,291	36,960
29	163	-0,609	36,061	0,260	36,929
30	158	-0,650	36,020	0,229	36,899
31	156	-0,932	35,738	0,192	36,862
32	97	-0,940	35,730	0,156	36,826
33	125	-1,150	35,520	0,117	36,787
34	51	-1,750	34,919	0,062	36,732
35	34	-2,105	34,565	0,000	36,670

**Tabela 8.** Predição dos valores genéticos (g), valores genotípicos preditos ( $\mu + g$ ), ganho e nova média da população para o caráter número total de vagens por planta em indivíduos F<sub>2</sub> de feijão-vagem de crescimento determinado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

Ondem	Genótipo	g	$\mu + g$	Ganho	Nova média
1	74	13,790	60,733	13,790	60,733
2	53	5,994	52,938	9,892	56,836
3	147	4,816	51,760	8,200	55,144
4	187	4,213	51,157	7,203	54,147
5	174	4,015	50,958	6,565	53,509
6	48	2,399	49,343	5,871	52,815
7	38	2,003	48,947	5,319	52,262
8	51	2,001	48,945	4,904	51,848
9	34	1,401	48,345	4,515	51,458
10	158	1,022	47,966	4,165	51,109
11	100	0,818	47,762	3,861	50,805
12	116	0,616	47,560	3,591	50,534
13	22	0,221	47,165	3,331	50,275
14	79	0,005	46,949	3,094	50,038
15	31	0,000	46,944	2,888	49,831
16	41	-0,001	46,943	2,707	49,651
17	138	-0,382	46,562	2,525	49,469
18	161	-0,782	46,162	2,342	49,285
19	30	-0,980	45,964	2,167	49,111
20	169	-1,178	45,766	2,000	48,943
21	168	-1,184	45,759	1,848	48,792
22	196	-1,190	45,754	1,710	48,654
23	61	-1,200	45,744	1,583	48,527
24	142	-1,580	45,364	1,452	48,395
25	170	-1,581	45,362	1,330	48,274
26	182	-2,188	44,756	1,195	48,139
27	64	-2,601	44,343	1,054	47,998
28	130	-2,780	44,164	0,917	47,861
29	156	-2,781	44,163	0,790	47,734
30	163	-2,781	44,163	0,671	47,615
31	141	-2,781	44,163	0,560	47,503
32	49	-2,998	43,946	0,448	47,392
33	125	-4,178	42,766	0,308	47,252
34	97	-4,388	42,556	0,170	47,114
35	8	-5,781	41,163	0,000	46,944

Devido ao pequeno número de genótipo de HD, somado a superioridade da maioria em relação à média experimental, para as plantas que compõem esse

hábito de crescimento, não será realizada seleção nesta pesquisa. Assim, em trabalho futuro, todos os 35 genótipos serão avançados pelo método genealógico.

Vale destacar também que com o avanço de geração e seleção entre e dentro de progênies  $F_{2:3}$ , aplicando-se uma pressão de seleção apropriada, é esperado que haja aumento nos ganhos genéticos. Sousa (2015) em trabalho de seleção de progênies  $F_2$  de feijão-de-vagem para produção via modelos mistos observou que os ganhos obtidos na seleção entre plantas foram bastante inferiores ao entre progênies, indicando que a maior parte da variabilidade presente na população estava entre as diferentes progênies avaliadas, o que mostra uma prévia de melhores resultados nos trabalhos futuros de avanço de gerações das plantas individuais oriundas desta pesquisa.

A metodologia REML/BLUP torna-se eficiente na seleção e melhoria de característica de importância econômica em diversas espécies, tendo seus métodos comprovados em culturas como café (Pereira et al., 2013), cana-de-açúcar (Pedrozo et al., 2009), milho-pipoca (Freitas et al., 2013), cupuaçu (Santos et al., 2014), maracujazeiro-azedo (Arriel et al., 2015), feijão-caupi (Torres et al., 2015), entre outras. No melhoramento de *Phaseolus vulgaris* L., a metodologia de modelos mistos já foi empregada com sucesso em trabalhos com populações segregantes, a exemplo de Mendes et al. (2011) e Cruz et al. (2018). Chiorato et al., (2008) recomendam o REML/BLUP para orientação de programas de melhoramento de feijão.

### **5.3. Hábito indeterminado**

#### **5.3.1. Estimativas de parâmetros genéticos via REML**

A estimativa da variância genética ( $\sigma^2_g$ ) apresentou valores positivos, em maior ou menor grau, para todas as características analisadas, o que indica a existência de variabilidade de cunho genético entre os genótipos. Esse parâmetro variou de 0,024 a 8264,424 para as características ALTP e MMVV, respectivamente (Tabela 9), o que reflete uma considerável variabilidade genética ou diferença entre os genótipos a ser aproveitada para fins de seleção, em especial para o NTV e MMVV, características de interesse que relacionam-se a produtividade de vagens, requerida em um programa de melhoramento de plantas de hábito indeterminado.



A variação fenotípica em termos básicos, desconsiderando interação, é o somatório das variâncias genéticas e ambientais, onde a maior parcela da primeira é um fator que favorece o processo de melhoramento. No entanto, observou-se, a exemplo do que ocorreu para o HD, que a variância devido a fatores do ambiente ( $\sigma^2_{linha} + \sigma^2_{coluna} + \sigma^2_r$ ) foi superior à genética em todos os caracteres analisados, o que implica em menores herdabilidades e se torna um maior entrave para o processo de melhoramento.

O problema de altas contribuições de variância ambiental é visto em especial quando se trabalha com variáveis quantitativas, a exemplo do que observou Sousa (2015) para produção de grãos e vagens por planta na cultura do feijão-de-vagem. Vale ressaltar que alguns fatores devem estar diretamente relacionados a esses resultados, tais como natureza poligênica das características, ausência de delineamento experimental, bem como se tratar de uma população altamente segregante.

O parâmetro herdabilidade quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético, sendo que quanto maior, mais favorável para obtenção de ganhos com o avanço de gerações (Falconer, 1987). Como reflexo da alta variância ambiental foi possível observar que todas as características apresentaram baixos valores de herdabilidade individual no sentido amplo, variando de 9,8% para NTV e MMVV a 13,4% para LV. Assim, pode-se afirmar que a seleção poderá ser conduzida, mas haverá maior dificuldade na obtenção de ganhos, fato que pode ser contornado com um maior controle de causas ambientais nas próximas gerações, maximizando a possibilidade de sucesso. Para Ramalho et al. (2001) a herdabilidade se apresenta como o melhor parâmetro para fazer qualquer inferência sobre o sucesso do melhoramento em um caráter.

É preciso considerar que a comparação entre resultados de parâmetros genéticos como a herdabilidade torna-se tendenciosa, pois a mesma pode variar com uma série de fatores como a característica analisada, método de estimação, nível de endogamia da população, diversidade genética da população e precisão experimental (Falconer e Mackay, 1996). Assim, embora algumas vezes possa haver semelhanças nos resultados para uma determinada característica, os valores de herdabilidade são específicos para cada população e ambiente a que são submetidos os materiais de análise.

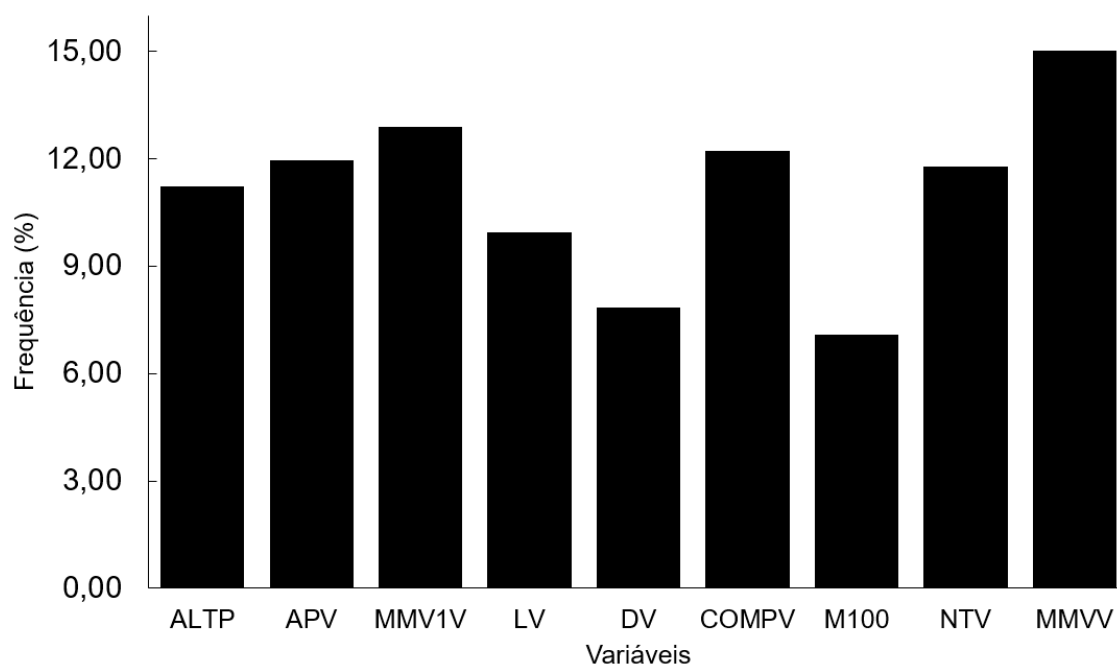
**Tabela 9.** Parâmetros genéticos para nove características de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

Caráter	Parâmetros Genéticos						Média
	$\sigma^2_g$	$\sigma^2_{linha}$	$\sigma^2_{coluna}$	$\sigma^2_r$	$\sigma^2_f$	$h^2_g$	
<b>ALTP</b>	0,024	0,018	0,007	0,161	0,210	0,112±0,071	2,592
<b>APV</b>	6,069	8,623	0,140	39,400	54,232	0,112±0,071	19,289
<b>MMV1V</b>	0,318	0,004	0,035	2,075	2,432	0,131±0,077	8,145
<b>LV</b>	0,084	0,004	0,002	0,537	0,628	0,134±0,078	10,578
<b>DV</b>	0,063	0,020	0,003	0,411	0,497	0,127±0,076	6,828
<b>COMPV</b>	0,265	0,027	0,004	1,679	1,975	0,134±0,078	14,720
<b>M100</b>	3,903	3,197	0,091	25,256	32,448	0,120±0,074	36,312
<b>NTV</b>	158,107	178,129	170,837	1109,247	1616,320	0,098±0,067	88,787
<b>MMVV</b>	8264,424	12445,374	5840,437	57582,819	84133,054	0,098±0,067	679,911

Embora as características de maiores importâncias na cultura do feijão-de-vagem, como é o caso do NTV, tenham apresentados baixos valores de herdabilidades, ainda há grande possibilidade de obtenção de êxito, o que justifica a seleção de plantas individuais na população para posterior avanço de gerações, especialmente por se tratar de caracteres governados por diversos genes, comumente melhorados de forma gradual. O uso de procedimentos genético-estatístico e condução experimental mais elaborados pode ajudar nessa finalidade de selecionar e recomendar novas cultivares de interesse no mercado que sejam superiores as atuais (Cruz et al., 2018).

### 5.3.2. Descarte de caracteres redundantes

Pelo método de Singh (1981), a variável com maior poder de separação dos genótipos foi MMVV (15,02%), seguido por MMV1V (12,90%), COMPV (12,23%), APV (11,95%) e NTV (11,79%). Somente essas características respondem por 63,89% da variação observada (Figura 14). Vale destacar que estas características estão estritamente relacionadas a componentes de produção da cultura em termos de vagem, demonstrando haver variação genética e fenotípica nos candidatos a seleção para estes caracteres de importância. Em contrapartida, os caracteres que menos contribuíram para variação genética e são passíveis de descarte pelo método proposto foram DV (7,85%) e M100 (7,08%).



**Figura 14.** Contribuição relativa das características de feijão-de-vagem de hábito indeterminado para a diversidade genética pelo critério de Singh (1981). Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

ALTP: altura da planta (m); APV: altura de inserção da primeira vagem (cm); MMV1V: massa de matéria verde de uma vagem (g); LV: largura da vagem (mm); DV: diâmetro da vagem (mm); COMPV: comprimento da vagem (cm); M100: massa de cem sementes (g); NTV: número total de vagens; MMVV: massa de matéria verde das vagens (g).

Abreu et al. (2004) em estudo de feijão-de-vagem indeterminado encontraram resultado discordantes, onde M100 foi considerada uma característica importante para a diversidade dos acessos avaliados, com mudança no padrão de agrupamento quando retirada das análises. Esses autores também observaram grande contribuição do COMPV, fato que está de acordo com esta pesquisa. Os resultados obtidos de variação nestas características apontam perspectivas de trabalhos futuros visando explorar a variabilidade encontrada entre os genótipos de feijão-de-vagem estudados, bem como a diminuição das características avaliadas, reduzindo, dessa forma, a onerosidade da experimentação.

Pela metodologia de componentes principais, foi possível realizar o descarte a partir do sétimo componente principal (CP7), os quais apresentam autovalor inferior a 0,7. O número total de vagens (NTV) foi a primeira característica sugerida para descarte, pois apresentou o maior coeficiente de ponderação, em módulo, no último componente principal (CP9). Em seguida, a

massa de matéria verde de uma vagem e a largura da vagem, foram apontadas para descarte pelas maiores ponderações no CP8 e CP7, respectivamente (Tabela 10).

**Tabela 10.** Variâncias (autovalores), variâncias percentuais e acumuladas de componentes principais obtidos com base em nove caracteres de feijão-de-vagem de hábito indeterminado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

Componente	Autovalor	AV (%)	AV (%) Acumulado	Descarte
1	2,5482908	28,31	28,31	
2	1,8024802	20,03	48,34	
3	1,3400257	14,89	63,23	
4	1,1530102	12,81	76,04	
5	0,8078949	8,98	85,02	
6	0,7450414	8,28	93,30	
7	0,3473008	3,86	97,16	LV
8	0,2397276	2,66	99,82	MMV1V
9	0,0162284	0,18	100,00	NTV

MMV1V: massa de matéria verde de uma vagem (g); LV: largura da vagem (mm); NTV: número total de vagens.

Duas das características sugeridas para descarte nesse método (LV e NTV) foram as mesmas para o hábito determinado, demonstrando pouca contribuição destas na variação observada e diferenciação dos genótipos. Embora o descarte indicado para esse hábito de crescimento seja de um número menor de características, ainda assim sugeriu para descarte no último componente principal o NTV, sendo este um dos caracteres de maior importância da cultura ao considerar o HI. Como comentado anteriormente, não é incomum na literatura este método indicar variáveis importantes na caracterização de uma determinada cultura, o que justifica a adoção de mais de uma metodologia. Para Brandão (2011) o descarte foi ainda mais drástico, o qual recomendou 20 de 27 caracteres de bananeira para descarte.

As estimativas de correlação simples mostram que, em geral, os valores de correlação foram baixos e não significativos (Tabela 11). Destaca-se, porém, que o coeficiente de correlação igual a zero não implica falta de correlação entre duas variáveis, isso reflete apenas a ausência de relação linear entre estes caracteres avaliados. Houve destaque para as correlações entre NTVxMMVV

(0,89\*\*) e MMV1Vx COMPV (0,70\*\*) considerada forte e entre LVxDV (0,61\*\*) considerada moderada (Dancey e Reidy, 2018). A forte associação entre características permite o melhoramento indireto, onde a seleção em apenas um caráter resulta em ganhos simultâneos nas características a ele fortemente correlacionado (Costa et al., 2004).

É preciso destacar também a moderada correlação negativa entre MMV1VxNTV (-0,39\*\*), o que implica inferir que quanto maior o peso médio de uma vagem, menor será o número total de vagens por planta. Possivelmente tal fato está relacionado com questões fisiológicas das plantas que ao destinar seus metabólitos para uma vagem mais robusta, tende a diminuir o número das mesmas.

**Tabela 11.** Correlação fenotípica entre características de feijão-de-vagem de hábito indeterminado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020

	ALTP	APV	MMV1V	LV	DV	COMPV	M100	NTV	MMVV
ALTP	1	0,04 <sup>ns</sup>	-0,01 <sup>ns</sup>	0,05 <sup>ns</sup>	-0,10 <sup>ns</sup>	-0,05 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	0,05 <sup>ns</sup>	0,05 <sup>ns</sup>
APV		1	0,10 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	-0,13 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	0,15*	-0,17*	-0,11 <sup>ns</sup>
MMV1V			1	0,41**	0,42**	0,70**	0,23**	-0,39**	-0,01 <sup>ns</sup>
LV				1	0,61**	0,25**	-0,16*	-0,12 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>
DV					1	0,21**	-0,04 <sup>ns</sup>	-0,11 <sup>ns</sup>	0,04 <sup>ns</sup>
COMPV						1	0,16*	-0,18*	0,10 <sup>ns</sup>
M100							1	-0,10 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>
NTV								1	0,89**
MMVV									1

\*\* , \* e <sup>ns</sup>: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste t.

Levando em consideração as três metodologias de forma conjunta, o descarte da característica LV não representa perda de informação, pois a mesma apresentou correlação moderada e positiva com diâmetro da vagem, foi sugerida para descarte pelo método de componentes principais e apresentou pouca contribuição pela metodologia de Singh (1981), podendo ser considerada redundante. Caracteres dispensáveis em estudos de divergência são aqueles que relativamente não variam entre o material estudado e, ou, são redundantes por estarem correlacionadas com outros caracteres (Cruz et al., 2012), o que justifica a tomada de decisão no descarte desta característica.

### 5.3.3. Divergência genética por meio de agrupamentos

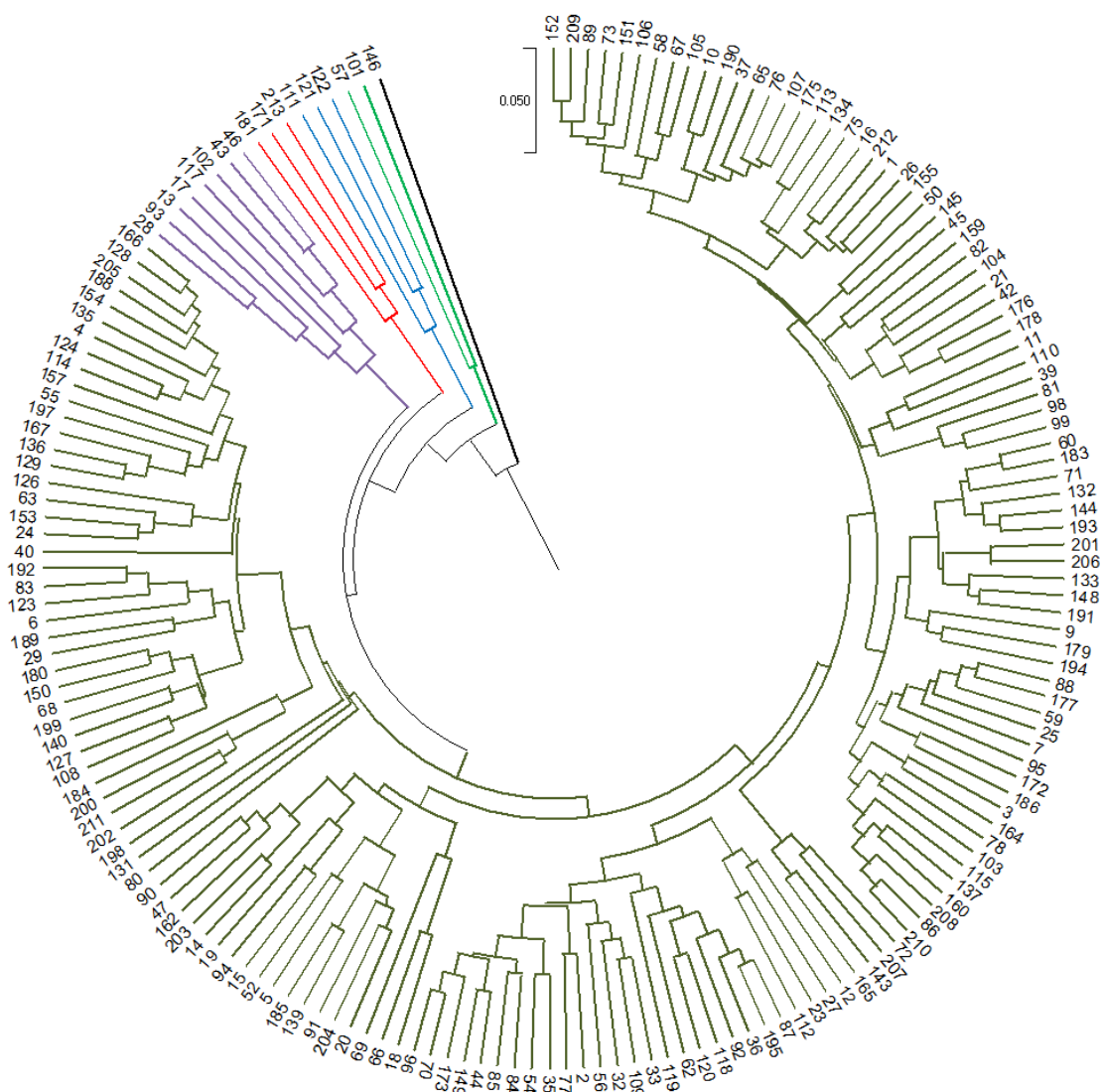
O agrupamento pelo método de Tocher obteve 12 grupos divergentes e, assim como observado anteriormente para o hábito determinado, a maioria dos genótipos ficaram alocados no grupo I e alguns dos grupos foram formados por apenas um genótipo, o que pode estar associado a existência de outliers (Tabela 12).

**Tabela 12.** Grupos de similaridade genética formados pelo Método de Otimização de Tocher, com base em nove caracteres avaliados nas 178 plantas de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

Grupo	Genótipos									
I	128	166	205	188	154	136	124	4	114	26
	176	178	135	132	60	183	193	82	21	107
	133	155	1	16	113	144	71	212	137	89
	152	175	10	65	209	190	151	67	160	191
	25	201	210	105	134	104	186	86	148	99
	73	106	11	76	37	177	88	59	3	36
	206	159	96	70	85	173	120	50	20	179
	87	81	58	7	145	149	98	211	172	208
	195	115	143	44	54	45	110	42	92	78
	162	32	5	75	204	9	84	203	197	194
	33	39	35	72	62	27	165	164	157	2
	14	118	29	94	95	69	103	167	40	55
	140	189	129	46	91	52	202	68	153	83
	24	63	192	199	43	77	112	18	23	123
	6	66	127	185	90					
II	150	180	108	131	198	126	80			
III	28	93	15	47	19	13				
IV	56	109	119	121	122					
V	102	117								
VI	171	213	181	207						
VII	184	200	139							
VIII	12	111								
IX	57									
X	17									
XI	101									
XII	146									

Para o estabelecimento de grupos dissimilares pelo UPGMA foi utilizado um ponto de corte (PC) a 69% de distância, o que resultou na formação de seis grupos dissimilares, isto é, metade do observado para o agrupamento pela metodologia anterior (Figura 15). O dendrograma obteve coeficiente de correlação

confenética de 0,64, porém significativo ( $P < 0,01$ ), confirmando mais uma vez o bom ajuste da matriz de dissimilaridade no dendrograma. No entanto, diferente do observado anteriormente, houve pouca concordância nos grupos formados por ambos os métodos, com exceção do genótipo 146 que formou grupo isolado nos dois.



**Figura 15.** Dendrograma obtido pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA), com base na análise de 178 plantas de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. CCC = 0,64\*\*. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

A existência de resultados contrastantes entre dois métodos de agrupamento distintos também foi verificada por Amaral Júnior et al. (1996), que avaliaram a divergência genética entre acessos de abóbora (*Cucurbita máxima*

Duch). Ainda, essa discordância entre os resultados pode ocorrer inclusive dentro de um mesmo método e para os mesmos materiais quando se considera época distintas de plantio, como pôde ser observado por Teixeira et al. (2004) na avaliação de genótipos de feijão-de-vagem em duas épocas (outono/inverno e verão).

A formação de grupos nos métodos apresentados mostra, em maior ou menor grau, a existência de variabilidade na população, fato já observado anteriormente para as características, de maneira separada, nos gráficos de colunas e boxplots. Com isso, sugere-se que o avanço de gerações em trabalhos futuros pode vir acarretar em linhagens endogâmicas melhoradas e com características de interesse apresentando desempenhos superiores.

#### 5.3.4. Seleção dos melhores genótipos via Blup

Um dos principais focos dos programas de melhoramento de feijão-de-vagem, assim como de outras culturas, é a busca por características de interesse ao mercado consumidor, bem como o lançamento de materiais mais produtivos para disponibilizar ao produtor maior rentabilidade de comercialização (Andrade et al., 2017). Na literatura são encontrados poucos trabalhos de seleção precoce em feijão-de-vagem, mas geralmente o direcionamento é para caracteres de produção como a produção de grãos e vagens por planta (Sousa, 2015) ou número e peso de vagem por planta (Cruz et al., 2018).

Na presente pesquisa, os caracteres considerados de maior importância são o número de vagens e a massa de matéria verde das vagens por plantas (NTV e MMVV). Como mostrado anteriormente (Tabela 11), estas características apresentam forte correlação positiva e significativa, ou seja, a seleção para uma delas resulta em ganhos simultâneos na outra. Baseado em critérios como a maior importância para a cultura de um bom desempenho produtivo de vagens verdes por planta, torna-se mais viável a utilização prioritária do ranking e predição de valores genotípicos para NTV, objetivando a potencialização dos ganhos genéticos pela seleção das melhores plantas dentro da população estudada.

A relação dos genótipos em função dos valores genéticos, valores genotípicos preditos ( $\mu + g$ ), ganhos genéticos e novas médias obtidos para NTV é apresentada na Tabela 13. O valor médio obtido entre os indivíduos para essa



característica foi 88,787 e, embora esse caráter direcionado a seleção de plantas individuais tenham sido pouco utilizados em estudos anteriores com feijão-de-vagem, estes valores foram inferiores aos encontrados por Cruz et al. (2018). Vale ressaltar, entretanto, que os autores realizaram seleção entre e dentro de progênies, o que pode ter acarretado na maior média obtida (144,266).

Dos 178 indivíduos F<sub>2</sub> utilizados na seleção, 81 apresentaram valores genotípicos preditos superiores à média geral do experimento, com a capitalização de ganhos pra essa característica que variou de 17,979 a 3,626 nestes indivíduos. Com isso, estes dados reforçam não só o potencial dos indivíduos da população, mas também contribuem para indicar a possibilidade de seleção de plantas com superior desempenho para esta característica.

**Tabela 13.** Predição dos valores genéticos (g), valores genotípicos preditos ( $\mu + g$ ), ganho e nova média da população para o caráter número total de vagens por planta em indivíduos F<sub>2</sub> de feijão-vagem de crescimento indeterminado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

Ordem	Genótipo	g	$\mu + g$	Ganho	Nova média
1	121	17,979	106,766	17,979	106,766
2	195	10,530	99,316	14,254	103,041
3	118	8,480	97,266	12,329	101,116
4	23	8,411	97,198	11,350	100,137
5	27	8,262	97,049	10,732	99,519
6	146	8,052	96,839	10,286	99,072
7	119	7,792	96,578	9,929	98,716
8	12	7,667	96,454	9,647	98,433
9	109	7,502	96,289	9,408	98,195
10	122	7,345	96,132	9,202	97,989
11	35	7,271	96,058	9,026	97,813
12	77	6,883	95,670	8,848	97,635
13	56	6,720	95,507	8,684	97,471
14	62	6,455	95,242	8,525	97,312
15	87	6,338	95,125	8,379	97,166
16	120	6,119	94,906	8,238	97,025
17	78	6,014	94,801	8,107	96,894
18	207	5,913	94,699	7,985	96,772
19	111	5,897	94,684	7,875	96,662
20	2	5,760	94,546	7,769	96,556
21	149	5,427	94,214	7,658	96,445
22	7	5,221	94,007	7,547	96,334
23	112	4,994	93,780	7,436	96,223

Tabela 13. Cont.

Ordem	Genótipo	g	$\mu + g$	Ganho	Nova média
24	33	4,803	93,590	7,326	96,113
25	44	4,776	93,563	7,224	96,011
26	36	4,679	93,466	7,127	95,913
27	92	4,594	93,381	7,033	95,819
28	73	4,428	93,214	6,940	95,726
29	151	4,339	93,126	6,850	95,637
30	58	4,284	93,071	6,765	95,551
31	101	4,234	93,021	6,683	95,470
32	84	4,132	92,919	6,603	95,390
33	72	4,122	92,908	6,528	95,315
34	209	4,113	92,899	6,457	95,244
35	173	3,967	92,754	6,386	95,173
36	54	3,939	92,726	6,318	95,105
37	110	3,904	92,690	6,253	95,039
38	143	3,634	92,421	6,184	94,970
39	96	3,386	92,172	6,112	94,899
40	145	3,321	92,107	6,042	94,829
41	210	3,188	91,975	5,973	94,759
42	190	3,175	91,962	5,906	94,693
43	106	2,948	91,735	5,837	94,624
44	208	2,680	91,466	5,765	94,552
45	175	2,531	91,317	5,694	94,480
46	134	2,491	91,277	5,624	94,411
47	70	2,353	91,139	5,554	94,341
48	85	2,306	91,093	5,487	94,273
49	39	2,218	91,005	5,420	94,207
50	11	2,167	90,954	5,355	94,142
51	189	1,986	90,772	5,289	94,076
52	67	1,800	90,586	5,222	94,008
53	159	1,762	90,549	5,156	93,943
54	206	1,747	90,534	5,093	93,880
55	105	1,609	90,395	5,030	93,817
56	65	1,476	90,263	4,966	93,753
57	50	1,330	90,117	4,903	93,689
58	152	1,191	89,977	4,839	93,625
59	201	1,095	89,882	4,775	93,562
60	172	1,091	89,878	4,714	93,501
61	115	1,069	89,856	4,654	93,441
62	42	1,059	89,846	4,596	93,383
63	1	1,049	89,836	4,540	93,327
64	10	1,033	89,820	4,485	93,272
65	16	0,745	89,532	4,427	93,214
66	178	0,709	89,496	4,371	93,158
67	137	0,662	89,448	4,316	93,102
68	88	0,610	89,397	4,261	93,048

Tabela 13. Cont.

Ordem	Genótipo	g	$\mu + g$	Ganho	Nova média
69	3	0,558	89,344	4,208	92,994
70	123	0,521	89,308	4,155	92,942
71	104	0,489	89,275	4,103	92,890
72	186	0,455	89,242	4,053	92,839
73	165	0,450	89,237	4,003	92,790
74	76	0,318	89,105	3,953	92,740
75	99	0,300	89,087	3,905	92,691
76	25	0,238	89,025	3,857	92,643
77	153	0,230	89,017	3,809	92,596
78	102	0,140	88,927	3,762	92,549
79	167	0,121	88,908	3,716	92,503
80	21	0,076	88,862	3,671	92,457
81	19	0,059	88,846	3,626	92,413
82	32	-0,100	88,687	3,581	92,367
83	197	-0,154	88,633	3,536	92,322
84	89	-0,203	88,584	3,491	92,278
85	193	-0,239	88,547	3,447	92,234
86	177	-0,299	88,487	3,404	92,191
87	24	-0,306	88,481	3,361	92,148
88	124	-0,328	88,459	3,319	92,106
89	126	-0,351	88,435	3,278	92,065
90	43	-0,381	88,405	3,237	92,024
91	164	-0,545	88,242	3,196	91,982
92	213	-0,572	88,215	3,155	91,942
93	98	-0,587	88,200	3,115	91,901
94	45	-0,591	88,196	3,075	91,862
95	144	-0,592	88,195	3,037	91,823
96	75	-0,647	88,140	2,998	91,785
97	4	-0,665	88,121	2,960	91,747
98	204	-0,784	88,003	2,922	91,709
99	81	-0,850	87,936	2,884	91,671
100	133	-0,921	87,866	2,846	91,633
101	46	-0,998	87,789	2,808	91,595
102	90	-1,127	87,659	2,769	91,556
103	86	-1,196	87,591	2,731	91,518
104	176	-1,221	87,566	2,693	91,480
105	82	-1,379	87,408	2,654	91,441
106	160	-1,415	87,372	2,616	91,402
107	191	-1,429	87,357	2,578	91,365
108	107	-1,465	87,322	2,541	91,327
109	192	-1,543	87,244	2,503	91,290
110	155	-1,543	87,243	2,466	91,253
111	103	-1,550	87,236	2,430	91,217
112	5	-1,590	87,197	2,394	91,181
113	37	-1,637	87,150	2,359	91,145

Tabela 13. Cont.

Ordem	Genótipo	g	$\mu + g$	Ganho	Nova média
114	202	-1,680	87,107	2,323	91,110
115	29	-1,772	87,015	2,287	91,074
116	113	-1,861	86,926	2,252	91,038
117	26	-1,892	86,895	2,216	91,003
118	20	-1,917	86,869	2,181	90,968
119	185	-1,943	86,844	2,147	90,933
120	157	-1,968	86,819	2,112	90,899
121	171	-2,123	86,664	2,077	90,864
122	129	-2,189	86,598	2,042	90,829
123	166	-2,202	86,584	2,008	90,795
124	40	-2,207	86,580	1,974	90,761
125	212	-2,232	86,555	1,940	90,727
126	154	-2,240	86,546	1,907	90,694
127	200	-2,395	86,392	1,873	90,660
128	183	-2,415	86,371	1,840	90,626
129	132	-2,599	86,188	1,805	90,592
130	63	-2,614	86,173	1,771	90,558
131	162	-2,765	86,022	1,737	90,523
132	57	-2,838	85,949	1,702	90,489
133	59	-3,016	85,771	1,667	90,453
134	131	-3,109	85,678	1,631	90,418
135	211	-3,200	85,587	1,595	90,382
136	15	-3,339	85,448	1,559	90,346
137	188	-3,393	85,394	1,523	90,309
138	71	-3,499	85,287	1,486	90,273
139	136	-3,533	85,254	1,450	90,237
140	28	-3,579	85,208	1,414	90,201
141	198	-3,643	85,144	1,378	90,165
142	94	-3,702	85,085	1,343	90,129
143	6	-3,808	84,979	1,307	90,093
144	95	-3,878	84,909	1,271	90,057
145	203	-3,918	84,868	1,235	90,022
146	205	-3,982	84,805	1,199	89,986
147	13	-4,003	84,784	1,164	89,950
148	128	-4,074	84,712	1,128	89,915
149	114	-4,091	84,696	1,093	89,880
150	83	-4,117	84,670	1,059	89,845
151	127	-4,172	84,614	1,024	89,811
152	47	-4,288	84,499	0,989	89,776
153	180	-4,396	84,391	0,954	89,740
154	199	-4,411	84,376	0,919	89,706
155	194	-4,438	84,349	0,884	89,671
156	69	-4,451	84,336	0,850	89,637
157	135	-4,499	84,288	0,816	89,603
158	60	-4,564	84,223	0,782	89,569

**Tabela 13.** Cont.

Ordem	Genótipo	g	$\mu + g$	Ganho	Nova média
159	179	-4,719	84,067	0,747	89,534
160	184	-4,761	84,026	0,713	89,500
161	14	-4,834	83,953	0,679	89,465
162	150	-5,103	83,684	0,643	89,430
163	148	-5,113	83,674	0,608	89,394
164	52	-5,190	83,597	0,572	89,359
165	140	-5,198	83,589	0,537	89,324
166	55	-5,372	83,415	0,502	89,288
167	68	-5,463	83,324	0,466	89,253
168	18	-5,910	82,877	0,428	89,215
169	181	-6,166	82,621	0,389	89,176
170	139	-6,340	82,447	0,349	89,136
171	80	-6,461	82,326	0,310	89,096
172	93	-6,471	82,316	0,270	89,057
173	9	-6,768	82,018	0,229	89,016
174	17	-6,912	81,875	0,188	88,975
175	108	-7,199	81,587	0,146	88,933
176	117	-7,375	81,412	0,103	88,890
177	66	-8,477	80,310	0,055	88,842
178	91	-9,722	79,064	0,000	88,787

Com os resultados promissores demonstrados pelo grande número de genótipos acima da média geral do experimento, seus ganhos genotípicos preditos e novas médias, realizou-se a seleção dos 30 melhores genótipos da população  $F_2$  que darão origem a geração  $F_{2:3}$ , aplicando-se uma intensidade de seleção de cerca de 16,9% na população original.

Na Tabela 14, encontra-se a média dos valores genotípicos de cada indivíduo selecionado, bem como suas predições de novas médias. Também estão discriminados os avanços gerais obtidos advindos do processo seletivo realizado nesta pesquisa, inclusive ganhos genéticos em relação à média da população original, provenientes da seleção dos melhores indivíduos.

**Tabela 14.** Valor genotípico predito ( $\mu + g$ ) e nova média das plantas selecionadas para a característica número total de vagens por planta na população F<sub>2</sub> de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. Campos dos Goytacazes – RJ, 2020.

Indivíduos selecionados	$\mu + g$	Nova média	Indivíduos selecionados	$\mu + g$	Nova média
121	106,766	106,766	120	94,906	97,025
195	99,316	103,041	78	94,801	96,894
118	97,266	101,116	207	94,699	96,772
23	97,198	100,137	111	94,684	96,662
27	97,049	99,519	2	94,546	96,556
146	96,839	99,072	149	94,214	96,445
119	96,578	98,716	7	94,007	96,334
12	96,454	98,433	112	93,780	96,223
109	96,289	98,195	33	93,590	96,113
122	96,132	97,989	44	93,563	96,011
35	96,058	97,813	36	93,466	95,913
77	95,670	97,635	92	93,381	95,819
56	95,507	97,471	73	93,214	95,726
62	95,242	97,312	151	93,126	95,637
87	95,125	97,166	58	93,071	95,551
Média geral					88,787
Média das plantas selecionadas					95,551
Ganho predito					6,764
Ganho em porcentagem					7,62%

Com a aplicação da pressão de seleção mencionada, os 30 novos indivíduos obtiveram em suas novas médias variação de 106,766 (genótipo 121) a 95,551 (genótipo 58) na característica NTV (Tabela 14). Com a seleção foi possível obter um ganho percentual de 7,62% no número de vagens por planta na próxima geração em relação à média da população original, o que demonstra bons resultados no melhoramento do caráter. Ressalta-se, ainda, que nas próximas gerações há a possibilidade de melhores ganhos por meio de seleção entre e dentro de progênes F<sub>2:3</sub>, bem como maiores controles ambientais e novas pressões de seleção. Os genótipos selecionados serão avançados pelo método genealógico, dando assim continuidade ao programa de melhoramento de feijão-de-vagem da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, com vista em médio prazo a obtenção de uma nova cultivar superior.

## 6. CONCLUSÕES

1. As características apresentam variação fenotípica em maior ou menor grau para todas as características e em ambos os hábitos de crescimento, com resultados promissores, onde a média da população na maioria dos casos foi superior a materiais de desempenho conhecido.
2. Os caracteres MMV1V e LV podem ser descartados em análises futuras para os hábitos determinado e indeterminado, respectivamente, sem causar perda de informações, uma vez que foram redundantes pelas metodologias testadas.
3. Há variabilidade genética na população de estudo constatada pela formação de grupos divergentes tanto pelo método de otimização de Tocher, quanto pelo aglomerativo UPGMA, porém não houve concordância total ao considerar as estimativas destes métodos.
4. A metodologia REML/BLUP permitiu selecionar indivíduos superiores, proporcionando ganhos significativos no melhoramento do feijão-de-vagem;
5. A seleção dos 30 melhores genótipos de hábito indeterminado para a característica número total de vagens por planta acarretou ganhos percentuais de 7,62% para essa característica;

6. Os indivíduos selecionados têm capacidade de serem avançados por meio do método genealógico para dar continuidade ao programa de melhoramento de feijão-de-vagem da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, com vista, em médio prazo, a obtenção de uma nova cultivar para as regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F.B. (2001) *Aplicação de técnicas de análise multivariada em acessos de feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.) de crescimento indeterminado do banco de germoplasma da UENF*. Tese (Mestrado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 69p.
- Abreu, F.B., Leal, N.R., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T.D., Silva, D. J. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, 22 (3): 547-552.
- Acosta-Gallegos, J., Kelly, J.D., Gepts, P. (2007) Prebreeding in Common Bean and Use of Genetic Diversity from Wild Germplasm. *Crop Science*, 47 (S3): 44-59.
- Almeida, S.N.C., Thiebaut, J.T.L., Gravina, G.A., Araújo, L.C., Daher, R. F. (2014) Avaliação de características morfológicas e agrônômicas de linhagens de feijão-de-vagem em Bom Jesus do Itabapoana-RJ, com potencial de recomendação. *Vértices*, 16: 39-50.
- Alvares, C.A., Stape, J.L., Sentelhas, P.C., Gonçalves, J.L.M., Spavorek, G. (2013) Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22 (6):711-728.

- Alves, E.U. (1999) *Produção e qualidade de sementes de feijão-vagem (Phaseolus vulgaris L.) em função de fontes e doses de matéria orgânica*. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – João Pessoa-PB, Universidade Federal da Paraíba – UFPB, 109p.
- Alves, F.M., Resende, M.D.V. (2008) Avaliação genética de indivíduos e progênies de cupuaçuzeiro no estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30 (3): 696-701.
- Alves, R.M., Garcia, A.A.F., Cruz, E.D., Figueira, A. (2003) Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38(7): 807-818.
- Amaral Júnior, A.T., Casali, V.W.D., Cruz, C.D., Finger, F.L. (1996). Utilização de variáveis canônicas e de análise de agrupamentos na avaliação da divergência genética entre acesso de moranga. *Horticultura Brasileira*, 2(14): 182-184.
- Andrade, F.A., Gonçalves, L.S.A., Fukujy, A., Miglioranza, É., Takahashi, L.S., Balbi-Peña, M.I., Rodrigues, R. (2017) Snap beans for organic farming and evaluation of resistance to the common bacterial blight. *Horticultura Brasileira*, 35 (3): 385-389.
- Arantes L.O., Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B. (2008) Controle genético da incompatibilidade do cruzamento entre cultivares andinas e mesoamericanas de feijoeiro comum. *Ciência e Agrotecnologia*, 32 (3): 978-980.
- Araújo, F.P., Silva, N., Queiroz, M.A (2008) Divergência genética entre acessos de *Passiflora cincinnata* Mast com base em descritores morfoagronômicos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30 (3): 723-730.
- Araújo, L.C. (2015) *Valor de cultivo e uso (VCU) de linhagens F9-10 de feijão-de-vagem em Bom Jesus do Itabapoana e Cambuci-RJ*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 80p.
- Arriel, N.H.C., Di Mauro, A.O., Di Mauro, S.M.Z., Bakke, O.A., Unêda-Trevisoli, S.H., Costa, M.M., Capeloto, A., Corrado, A. R. (2006) Técnicas multivariadas

na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(5), 801-809.

Arriel, N.H.C., Di Mauro, A.O., Singaretti, S.M., Bakke, O. A., Trevisoli, S.H., Costa, Assunção, M.P., Krause, W., Dallacort, R., dos Santos, P.R.J., Neves, L.G. (2015) Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP. *Revista Caatinga*, 28(2): 57-63

Azevedo, A.M., Andrade Júnior, V.C., de Oliveira, C.M., Fernandes, J.S.C., Pedrosa, C.E., Dornas, M.F.S., Castro, B.M.C. (2013) Seleção de genótipos de alface para cultivo protegido: divergência genética e importância de caracteres. *Horticultura Brasileira*, 31(2): 260-265.

Baldoni, A.B., Teixeira, F.F., Santos, J. B. (2002) Controle genético de alguns caracteres relacionados à cor da semente de feijão no cruzamento Rosinha X Esal 693. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 24:1427-1431.

Barbé, T.C. (2008) *Estimativas de divergência genética entre linhas de feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.) por meio de análise multivariada e associação com a genealogia*. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 95p.

Barbé, T.C., Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Scapim, C.A. (2010) Association between advanced generation and genealogy inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. *Euphytica*, 173 (3): 337-343.

Barbieri, R.L., Leite, D.L., Choer, E., Sinigaglia, C. (2005) Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. *Ciência Rural*, 35 (2): 303-308.

Barili, L.D., Vale, N. M., Morais, P.P.P., Baldissera, J. N.C., Almeida, C.B., Rocha, F., Valentini, G., Bertoldo, J.G., Coimbra, J.L.M., Guidolin, A. F. (2011). Correlação fenotípica entre componentes do rendimento de grãos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris L.*). *Semina: Ciências Agrárias*, 32(4): 1263-1273.

- Bernardo, R. (2002) *Breeding for quantitative traits in plants*. Woodbury, Minnesota: Stemma Press, 368p.
- Bertini, C.H.C.M., Almeida, W.S., Silva, A.P.M., Silva, J.W.L., Teófilo, E.M. (2010) Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 32(4): 613-619.
- Bertini, C.H.C.M., Pinheiro, E.A.R., Nóbrega, G.N., Duarte, J.M.L. (2010). Desempenho agronômico e divergência genética de genótipos de coentro. *Revista Ciência Agronômica*, 41(3), 409-416.
- Bezerra Neto, F.V.B., Leal, N.R., Gonçalves, L.S.A., Rêgo Filho, L.M., Amaral Júnior, A.T. (2010) Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. *Revista Ciência Agronômica*, 41 (2): 294-299.
- Bitocchi, E., Nanni, L., Bellucci, E., Rossi, M., Giardinni, A., Zeuli, P.S., Logozzo, G., Stougaard, J., McClean, P., Attene, G., Papa, R. (2012). Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109 (14): E788-E796.
- Blanco, M.C.S.G., Groppo, G.A., Tessarioli Neto, J. (1997) *Feijão-vagem (Phaseolus vulgaris L.) Manual Técnico das Culturas*. 2. ed. Campinas, p.63-65.
- Bonett, L.P., Gonçalves-Vidigal, M.C., Schuelter, A. R., Filho, P. S. V., Gonela, A., Lacanallo, G. F. (2006) Genetic divergence in germplasm of common bean in Paraná State, Brazil. *Semina: Ciências Agrárias*, 27(4): 547-560.
- Borém, A., Miranda, G.V. (2017) *Melhoramento de Plantas*. 7ª Ed. Viçosa: UFV, 543p.
- Borges, V., Soares, A.A., Reis, M.S., Resende, M.D.V., Cornélio, V.M.O., Leite, N.A., Vieira, A.R. (2010) Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. *Bragantia*, 69 (4): 833-841.

- Brandão, L.P. (2011) *Seleção de descritores morfoagronômicos em bananeira por meio de procedimentos uni e multivariados*. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Cruz das Almas – BA, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 69p.
- Cabral, P.D.S., Soares, T.C.B., Gonçalves, L.S.A., Amaral Júnior, A.T., Lima, A.B.P., Rodrigues, R., Matta, F.P. (2010) Quantification of the diversity among common bean accessions using Ward-MLM strategy. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45 (10): 1124-1132.
- Carvalho, F.I.F., Silva, S.A., Kurek, A.J., Marchiori, V.S. (2001) *Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção*. Pelotas: UFPEL, 98p.
- Castellane, P.D., Vieira, R.F., Carvalho, N.M. (1988) *Feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.): cultivo e produção de sementes*, Jaboticabal: FUNEP/FCAV-UNESP, 60p.
- Ceasa (2010) - Prohort - Programa Brasileiro de Modernização do Mercado de Hortigranjeiro. Disponível em: <<http://www.ceasa.gov.br/precos>>. Acesso em janeiro de 2021.
- Chiorato, A.F., Carbonell, S.A.M., Dias, L.A.S., Resende, M.D.V. (2008) Prediction of genotypic values and estimation of genetic parameters in common bean. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 51(3): 465-472.
- Coelho, A.D.F., Cardoso, A.A., Cruz, C.D., Araújo, G.A.A., Furtado, M. R., Amaral, C.L.F. (2002) Herdabilidades e correlações da produção do feijão e dos seus componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. *Ciência Rural*, 32, (2): 211-216.
- Coelho, C.M.M., Zilio, M., Souza, C.A., Guidolin, A.F., Miquelluti, D.J. (2010) Características morfo-agronômicas de cultivares crioulas de feijão comum em dois anos de cultivo. *Semina: Ciências Agrárias*, 31(1): 1177-1186.
- Coimbra, J.L.M, Carvalho, F.I.F, Oliveira, A.C., Guidolin, A.F. (2004) Criação de variabilidade genética no caráter estatura de planta em aveia: hibridação

- artificial x mutação induzida. *Revista Brasileira de Agrociência*, 10 (3): 273-280.
- Correa, A.M., Gonçalves, M.C. (2012) Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. *Revista Ceres*, 59(2): 206-212.
- Correa, A.M., Gonçalves, M.C., Destro, D., Souza, L.C.F., Sobrinho, T.A. (2003) Estimates of genetic parameters in common bean genotypes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 3(3): 223-230.
- Costa, M.M., Mauro, A.O., Unêda-Trevisoli, S.H., Arriel, N.H.C., Bárbaro, I.M., Muniz, F.R.S. (2004) Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 39(11): 1095-1102.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 514p.
- Cruz, D.P. (2017) *Seleção de progênies F<sub>3</sub> de feijão-de-vagem via modelos mistos para as regiões Norte e Noroeste Fluminense*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 72p.
- Cruz, D.P., Gravina, G.A., Oliveira, T.R.A., Silva, A.B., Silva, C.Q., Vivas, M., Araújo, K.C., Daher, R.F., Gravina, L.M., Moraes, R., Silva, V.B. (2018) Selection of progenies of snap beans using mixed models (REML/BLUP). *Genetics and Molecular Research*, 17(2): 1-8.
- Cui, Z., Carter, T.E., Burton, J.W., Wells, R. (2001) Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars. *Crop Science*, 41 (6): 1954-1967.
- CultivarWeb: Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Disponível em: <[http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares\\_protegidas.php?acao=pesquisar&postado=1](http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_protegidas.php?acao=pesquisar&postado=1)>. Acesso em janeiro de 2021.

- Cury, R. (1993) *Dinâmica evolutiva e caracterização de germoplasma de mandioca (Manihot esculenta, Crantz) na agricultura autóctone do Sul do Estado de São Paulo*. Dissertação (Mestrado) – Piracicaba-SP, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo – Esalq/USP, 103p.
- Daher, R.F. (1993) *Diversidade morfológica e isoenzimática em capim elefante (Pennisetum purpureum Schum.)*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Viçosa-MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 110p.
- Dancey, C., Reidy, J. (2018). *Estatística Sem Matemática para Psicologia-7*. Penso Editora.
- De Olho no Mercado (2016) Economia e setores. Disponível em: <<https://www.negociosrpc.com.br/deolhonomercado/economia/paranaense-come-com-os-olhos-prazer-sensorial-e-tendencia-em-alimentacao/>> Acesso em janeiro de 2021.
- Debouck, D.G. (1986) Primary diversification of Phaseolus in the Americas: three centers? *Plant Genetic Resources Newsletter*, 67: p.2-8.
- Debouck, D.G. (1988) Phaseolus germplasm exploration. In: GEPTS, P. (Ed.). *Genetic resources of Phaseolus beans*. Dordrecht: Kluwer, p.3-29.
- Debouck, D.G. (1993) Systematics and morphology. In: Schoonhoven, A.V., Voyesest, O. (eds). *Common beans: research for crop improvement*. Cali, Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), p.55-118.
- EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. (2006) - *Sistema brasileiro de classificação de solos*, Rio de Janeiro, EMBRAPA. 412p.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Trad. Silva, M.A. Silva, J.L., Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 279p.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to quantitative genetics*. 4. ed. Londres: Longman Group, 464p.

- Faleiro, F.G., Schuster, I., Ragagnin, V.A., Cruz, C.D., Corrêa, R.X., Moreira, M.A., Barros, E.G.D. (2003) Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes e mapeamento de locos de características quantitativas associados a ciclo e produtividade do feijoeiro-comum. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38(12): 1387-1397.
- FAO - Food and Agriculture Organization (2019) *Faostat, Database results*. Disponível em: <<http://www.fao.org/home/en/>>. Acesso em janeiro de 2021.
- Faria, P.N., Cecon, P.R., Silva, A.R., Finger, F.L., Silva, F.F., Cruz, C.D., Sávio, F.L. (2012) Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. *Horticultura Brasileira*, 30(3): 428-432.
- Filgueira, F.A.R. (2013) *Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa: UFV, 421p.
- Fisher, R.A. (1925) Theory of statistical estimation. In *Mathematical Proceedings of the Cambridge Philosophical Society*, 22(5): 700-725. Cambridge University Press.
- Francelino, F.M.A., Gravina, G.D.A., Manhães, C.M.C., Cardoso, P.M.R., Araújo, L.C.D. (2011) Avaliação de linhagens de feijão-de-vagem para as regiões Norte e Noroeste Fluminense. *Revista Ciência Agronômica*, 42 (2): 554-562.
- Freitas, I.L.J., Amaral Junior, A.T., Viana, A.P., Pena, G.F., Cabral, P.S., Vittorazzi, C., Silva, T.R.C. (2013) Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48(11): 1464-1471.
- Fukuji, A.Y.S., Constantino, L.V., Zeffa, D.M., Andrade, F.A.D., Silva, M.B.D., Gonçalves, L.S.A. (2019) Amino acid concentration, total phenolic compound content and antioxidant activity of snap bean genotypes. *Brazilian Journal of Food Technology*, 22.
- Gepts, P., Debouck, D.G. (1991) Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: Schoonhoven, A., Voysest, O. (Ed.). *Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT, p.7-53.



- Gomes, A.B.S., Oliveira, T.R.A., Cruz, D.P., Gravina, G.A., Daher, R.F., Araújo, L.C., Araújo, K.C. (2018) Genetic gain via REML/BLUP and selection indices in snap bean. *Horticultura Brasileira*, 36 (2): 195-198.
- Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T., Karasawa, M., Sudré, C.P. (2008) Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. *Genetics and Molecular Research*, 7 (4): 1289-1297.
- Grigolo, S., Fioreze, A.C.C.L., Denardi, S., Vacari, J. (2018) Implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum. *Revista de Ciências Agroveterinárias*, 17(3): 351-360.
- Hamasaki, R.I., Braz, L.T., Purquerio, L.F.V., Peixoto, N. (1998) Comportamento de novas cultivares de feijão-vagem em Jaboticabal-SP. *XXXVIII Congresso Brasileiro de Olericultura*, Petrolina, PB.
- Harlan, J.R. (1975) Geographic patterns of variation in some cultivated plants. *Journal of Heredity*, 66 (4): 182-191.
- Hayes, J.F., Hill, W.G.A. (1980) Reparameterization of a genetic selection index to locate its sampling properties. *Biometrics*, 36 (2): 237-248.
- Henderson, C.R. (1973) Sire evaluation and genetics trends. In: Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush. *American Society of Animal Science*, 3: 10-4.
- Henderson, C.R. (1975) Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31 (2): 432-449.
- Henry, G., Jansen, W. (1992) *Snap Beans in the developing world*. Calif. Centro internacional de agricultura tropical, 366p.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2006) Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/>>. Acesso em janeiro de 2021.
- Irastorza, M.H. (1983) *Aspectos teóricos e aplicados da descrição varietal do feijão (Phaseolus vulgaris L.)*. Dissertação (Mestrado em Tecnologia de Sementes) – Pelotas-RS, Universidade Federal de Pelotas, 146p.

- Johnson, R.A., Wichern, D.W. (2002) *Applied multivariate statistical analysis*. 6 ed. Upper Saddle River, NJ: Pearson/Prentice Hall.
- Jolliffe, I. T. (1973) Discarding variables in a principal component analysis. II: Real data. *Journal of the Royal Statistical Society: Series C (Applied Statistics)*, 22(1): 21-31.
- Jolliffe, I.T. (2002) *Principal component analysis*. 2 ed. New York: Springer, 487p.
- Kappes, C., Wruck, F.J., Carvalho, M.A.C., Yamashita, O.M. (2008) Feijão comum: características morfo-agronômicas de cultivares. *IX Congresso Nacional De Pesquisa De Feijão*. Campinas, SP.
- Kercher, S.M., Sytsma, K.J. (2000) Genetic and Morphological Variation in Populations of the Rare Prairie Annual *Agalinis skinneriana* (Wood) Britton (Scrophulariaceae). *Natural Areas Journal*, 20(2): 166-175.
- Khattak, A.M., Pearson, S. (2005) Light quality and temperature effects on antirrhinum growth and development. *Journal of Zhejiang University. Science. B*, 6(2): 119.
- Koinange, E. M., Singh, S. P., Gepts, P. (1996) Genetic control of the domestication syndrome in common bean. *Crop Science*, 36(4): 1037-1045.
- Krause, W., Rodrigues, R., Leal, N.R. (2012) Capacidade combinatória para características agronômicas em feijão-de-vagem. *Revista Ciência Agronômica*, 43 (3): 522-531.
- Kurek, A.J., Carvalho, F.I.F., Assmann, I.C., Cruz, P.J. (2001) Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 36(4): 645-651.
- Lafta, A.M., Lorenzen, J.H. (1995) Effect of high temperature on plant growth and carbohydrate metabolism in potato. *Plant Physiology*, 109(2): 637-643.
- Leakey, C.L.A. (1988). Genotypic and phenotypic markers in common bean. GEPTS, P. (Ed.). *Genetic Resources of Phaseolus beans: Their maintenance, domestication, evolution, and utilization*. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, p 245-327.

- Ledo, C.A.S., Gonçalves, L.S.A. (2012) Novas abordagens multivariadas em experimentação com fruteiras. *XXII Congresso Brasileiro de Fruticultura*. Bento Gonçalves, RS.
- Lobô, R.N.B., Vilella, L.C.V. (2005) Ferramentas para o melhoramento genético. *CAMPOS. Do campus para o campo: tecnologias para produção de ovinos e caprinos*. Sobral: Gráfica Nacional, 205-214.
- Maluf, W.R., Barbosa, M.L., Resende, M.R.R., Costa, H.S.C. (2002) A cultura do feijão-devagem. In: *Boletim técnico de hortaliças* n° 65.
- Mardia, K.L., Kent, J.T., Bibby, J.M. (1979) *Multivariate analysis*. London: Academic Press, 521p.
- Mariguele, K.H., Maluf, W.R., Gomes, L A.A., Lopes, M.J.C., Melo, O.D. (2008) Controle genético da qualidade da vagem em cruzamento de feijão-vagem e feijão-comum. *Pesq. Agropec. Bras*, 43 (1): p.47-52.
- Marinho, C.D. (2012) *Análise de estabilidade fenotípica e uso de índices para seleção de linhagens de feijão-vagem*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 149p.
- Marinho, C.D., Gravina, G.A., Araújo, L.C., Almeida, S.N., Amaral, A.J., Daher, R.F., Gonçalves, L.S. (2013) Snap bean recommendation based on different methods of phenotypic stability. *Genetics and molecular research*, 12(1): 248-255.
- Mariot, E.J. (2000) Aptidões climáticas, ideótipos e épocas de cultivo do feijoeiro no Paraná. In: *IAPAR. Feijão: tecnologia e produção*. Londrina: IAPAR, Informe de Pesquisa, p.5-13.
- Martins, V.S., Gonçalves-Vidigal, M.C., Lacanallo, G. F., Filho, P.S.V. (2014) Validation of molecular markers linked to alleles controlling growth habit in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Australian Journal of Crop Science*, 8(11): 1503-1509.

- Mendes, M.P., Ramalho, M.A.P., Abreu, Â.F.B. (2011) Strategies for selecting individuals in common bean breeding programs. *Bean Improvement Cooperative*, 54: 68-69.
- Menezes Júnior, J.A.N., Ramalho, M.A.P. (2008) Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. *Bragantia*, 67 (4): 833-838.
- Miranda, R.A., Portal, R.K.V.P., Silva, E.C. (2017) Caracterização Fenológica Associada aos Números de Dias em genótipos de Feijão-Vagem em Ipameri-GO. *XIV Semana de Ciências Agrárias e V Jornada de Pós-Graduação em Produção Vegetal Produção Agrícola e Florestal: Tecnologias e seus desafios*. Ipameri, GO.
- Mistro, J.C., Fazuoli, L.C., Oliveira, A.C.B., Petek, M.R., Gallo, P.B., Pezzopane C.G. (2005) Estimativas de correlações genóticas e fenotípicas entre caracteres de café arábica. *Centro de Café "Alcides Carvalho", Instituto Agrônomo (IAC/APTA), Campinas, SP.*
- Mojena, R. (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal*, 20: (4), 359-363.
- Moreira, G.R., Silva, J.H.D., Picanço, M.C., Peternelli, L.A., Caliman, F.R.B. (2005) Divergência genética entre acessos de tomateiro infestados por diferentes populações da traça-do-tomateiro. *Horticultura Brasileira*, 23(4): 893-898.
- Moreira, R.M.P., Ferreira, J.M., Takahashi, L.S.A., Vanconcelos, M.E.C., Geus, L.C., Botti, L. (2009). Potencial agrônomo e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. *Semina: Ciências Agrárias*, 30: 1051-1060.
- Norton, J. B. (1915) Inheritance of habit in the common bean. *The American Naturalist*, 49(585), 547-561.
- Oca, G.M. (1987) Mejoramiento genético de la habichuela en el CIAT y resultados de viveros internacionales. In: *El mejoramiento genético de la habichuela en América Latina*. Memorias de un taller. Cali. p. 60-72.

- Oliveira, M.S.P., Ferreira, D.F., Santos, J.B. (2006) Seleção de descritores para caracterização de germoplasma de açaizeiro para produção de frutos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41 (7): 1133-1140.
- Paiva, C.A.L., Teixeira, R.B., Yamaki, M. (2010) Análise de componentes principais em características de produção de aves de postura. *R. Bras. Zootec*, 39 (2): 285-288.
- Pañeda, A., Rodríguez-Suárez, C., Campa, A., Ferreira, J.J., Giraldez, R. (2008) Molecular markers linked to the fin gene controlling determinate growth habit in common bean. *Euphytica*, 162(2): 241-248.
- Park, S. O., Coyne, D.P., Bokosi, J. M., Steadman, J. R. (1999) Molecular markers linked to genes for specific rust resistance and indeterminate growth habit in common bean. *Euphytica*, 105(2): 133-141.
- Patterson, H.D., Thompson, R. (1971) Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58 (3): 545-554.
- Paula, R.C. (2007) *Repetibilidade e divergência genética entre matrizes de Pterogyne nitens Tul. (Fabaceae – Caesalpinioideae) por caracteres biométricos de frutos e de sementes e parâmetros da qualidade fisiológica de sementes*. Tese (Livre-Docência em Silvicultura) – Jaboticabal-SP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista – UNESP, 128p.
- Pedrozo, C.A., Benites, F.R.G., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V., Silva, F.L. (2009) Efficiency of selection indexes using the REML/BLUP procedure in sugarcane breeding. *Scientia Agraria*, 10 (1):31-36.
- Peixoto, N., Braz, L.T., Banzatto, D.A., Moraes, E.A., Moreira, F.M. (2002) Características agronômicas, produtividade, qualidade de vagens e divergência genética em feijão-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, 20 (3): 447-451.
- Pereira, F.H.F., Puiatti, M., Miranda, G.V., Silva, D.J.H., Finger, F.L. (2003) Divergência genética entre acessos de taro utilizando caracteres qualitativos de inflorescência. *Horticultura Brasileira*, 21 (3): 520-524.

- Pereira, H.S., Santos, J.B., Abreu, Â.F.B., Couto, K.R. (2007) Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42 (5): 707-713.
- Pereira, T.B., Carvalho, J.P.F., Botelho, C.E., Resende, M.D.V., Rezende, J.C.D., Mendes, A.N.G. (2013) Eficiência da seleção de progênies de café F<sub>4</sub> pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). *Bragantia*, 72(3): 230-236.
- Pereira, V.A. (1989) *Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (Manihot esculenta Crantz.)*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Piracicaba-SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – Esalq/USP, 180p.
- Peroni N., Martins P.S., Ando A. (1999) Inter- and intraspecific diversity and use of multivariate analysis for the morphology of cassava (*Manihot esculenta*): a case study. *Scientia Agricola*, 56 (3): 587-595.
- Pípolo, C.V., Vizoni, É., Giroto, J.C.M. (2001) Determinação do melhor período para realização de cruzamento artificial em feijão-vagem, *Phaseolus vulgaris* L., em Londrina, Estado do Paraná. *Acta Scientiarum Agronomy*, 23(5): 1191-1193.
- Querol, D. (1993) *Recursos genéticos, nosso tesouro esquecido*. Tradução Joselita Wasniewski. Rio de Janeiro: ASPTA, 216p.
- Quijano, A., Kadamani Abiyoma, S. (2010) Comida colorida, experiencia y sensación: una propuesta pedagógica de gastronomía y color. *IX Congreso Nacional de Color Alicante, Universidad de Alicante*.
- Ramalho A.R., Ramalho M.A.P., Ribeiro P.H.E. (2001) Comportamento de famílias de meios-irmãos em diferentes épocas de semeadura visando à produção de forragem de milho. *Ciência e Agrotecnologia* 25: 510-518.
- Ramalho, M.A.P., Abreu, A.D.F., Santos, J.B., Nunes, J.A.R. (2012) *Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas*. 1 ed. Lavras, Editora UFLA, 522p.

- Ramalho, M.A.P., Araújo, L.C.A. (2011) Breeding self-pollinated plants. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11(SPE): 1-7.
- Ramalho, M.A.P., Santos, J.B., Pinto, C.B. (2008) *Genética na agropecuária*. Editora UFLA. Lavras, 463p.
- Rava, C.A., Costa, J.G.C., Fonseca, J.R., Salgado, A.L. (2003) Fontes de resistência a antracnose, crestamento-bacteriano-comum e murcha-de-curtobacterium em coletas de feijoeiro comum. *Revista Ceres*, 50 (292): 797-802.
- Resende, M.D.V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 975p.
- Resende, M.D.V. (2004) *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Colombo: Embrapa Florestas, 57p.
- Resende, M.D.V. (2007) *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 362p.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16 (4): 330-339.
- Ribeiro, E.B. (2011) *Adaptabilidade e estabilidade, qualidade tecnológica e nutricional e divergência genética entre linhagens de feijoeiro-comum*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 136p.
- Ribeiro, N.D., Mello, R., Costa, R.D., Sluszz, T. (2001) Correlações genéticas de caracteres agromorfológicos e suas implicações na seleção de genótipos de feijão carioca. *Current Agricultural Science and Technology*, 7(2): 93-99.
- Rocha, M.M., Campelo, J.E.G., Freire Filho, F.R., Ribeiro, V.Q., Lopes, A.D.A. (2003) Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco. *Revista Científica Rural*, 8 (1): 135-141.

- Rodrigues, R., Leal, N.R., Pereira, M.G. (1998) Análise dialéctica de seis características agronômicas em *Phaseolus vulgaris* L., *Bragantia*, 57 (2): 241-250.
- Romero, J.P. (1961) *Variedades de judias cultivadas en Espana: nueva clasificacion de la especie Phaseolus vulgaris (L. ex p.) Savi [1961]*. Monografia. Madrid: Ministério da Agricultura, 798p.
- Sant'anna, C.Q.F.S. (2019) *Análise de distinguibilidade, homogeneidade, estabilidade e GT biplot na proteção de novas linhagens de feijão-de-vagem para o norte e noroeste fluminense*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF 78p.
- Sant'Anna, C.Q.S.S., Gravina, G.A., Cruz, D.P., Oliveira, T.R.A., Gravina, L.M., Gomes, A.B.S., Entringer, G.C., Vivas, M., Daher, R.F., Araújo, K.C., Silva, M.G.M. (2019) Feijão vagem UENF Goytacá: uma nova opção para pequenos produtores. *Horticultura Brasileira*, 37(2): 239-242.
- Sant'Anna, C.Q.S.S., Oliveira, T.R.A., Gravina, G.A., Cruz, D.P., Gomes, A., Daher, R. F., Vivas, M, Oliveira, G.H.F., Entringer, G.C., Coelho, F.C. (2020) Distinctness, uniformity and stability and GT biplot tests for the selection of snap bean lines. *Horticultura Brasileira*, 38(4): 370-377.
- Santos, A., Braga, D.C., Correa, A.M., Melo, C.L.P., Silva, J.A.S., Lima, A. R.S., Rodrigues, E.V. (2015) Escolha de genitores de feijão-comum baseado na divergência genética. *Agrarian*, 8(29): 235-245.
- Santos, C.A.F., Oliveira, C.A.V., Menezes, E.A. (1995) Seleção de descritores na caracterização e avaliação preliminar de germoplasma de guandu. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 30 (7): 971-975.
- Santos, F.F., Matos, M.J.L.F., Melo, M.F., Lana, M.M., Luengo, R.F.A., Tavares, S.A. (2002) Feijão-de-vagem. Disponível em: <<http://www.emater.df.gov>>. Acesso em janeiro de 2021.



- Santos, V.S., Martins Filho, S., Alves, R.M. (2014) Aplicação da PCAM e da análise de agrupamento em clones de cupuaçuzeiro. *Revista da Estatística UFOP*, 3(3): 192-196.
- Seif, Y.I.A., El-Miniawy, S.E.D.M., El-Azm, N.A.A., Hegazi, A.Z. (2016) Response of snap bean growth and seed yield to seed size, plant density and foliar application with algae extract. *Annals of Agricultural Sciences*, 61 (2): 187-199.
- Silbernagel, M.J., Janssen, W., Davis, J.H.C., Oca, G.M. (1991) Snap bean production in the tropics: Implications for genetic improvement. In: Van Schoonhoven, A., Voysest, O. (eds.) *Common beans: Research for crop improvement*. Cali: CIAT, 835-862.
- Silva, A.B. (2013) *Cruzamentos dialélicos para caracteres agronômicos na cultura de feijão-de-vagem*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 54p.
- Silva, M.P., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Rodrigues, R., Daher, R.F., Posse, S.C.P. (2005) Diversidade genética e identificação de híbridos por marcadores RAPD em feijão-de-vagem. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 27(3): 531-539.
- Silva, M.P., Amaral Júnior, A.T., Rodrigues, R., Daher, R.F., Leal, N.R., Schuelter, A.R. (2004) Análise dialélica da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. *Horticultura Brasileira*, 22 (2): 277-280.
- Singh, D. (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 41 (2): 237-245.
- Singh, S.P. (2001) Broadening the Genetic Base of Common Bean Cultivars: A Review. *Crop Science*, 41 (6): 1659-1675.
- Sokal, R.R., Rohlf, F.J. (1962) The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, 11: 33-40.

- Sousa, C.M.B. (2015) *Seleção de progênies F<sub>2</sub> de feijão-vagem para produção via modelos mistos*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 56p.
- Souza, C.M.P. (2012) *Análise dialélica para caracteres quantitativos e qualitativos entre genótipos de feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.) de porte determinado*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 103p.
- Souza, V.F., Hatt, S., parrella, R.D.C., Tardin, F., schaffert, R. (2012). Estimativas de correlações fenotípicas e genotípicas entre parâmetros agroindustriais do sorgo sacarino. *XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo*. Águas de Lindóias, SP.
- Stevens, M.A. (1994) Varietal influence on Nutritional Value. In: White, D.L., Selvey, N. (ed.) *Nutritional Quality of Fresh fruits and Vegetables*. New York: Futura Publishing, p.87.
- Sudré, C.P., Rodrigues, R., Riva, E.M., Karasawa, M., Amaral Júnior, A.T. (2005) Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. *Horticultura brasileira*, 23 (1): 22-27.
- Sudré, C.P., Rodrigues, R., Silva, M.P., Riva, E.M., Amaral Júnior, A.T., Pereira, T.N.S (2006) Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. *Horticultura Brasileira*, 24 (1): 88-93.
- Teixeira, A.B., Amaral Júnior, A.T., Rodrigues, R., Pereira, T.N.S., Bressan-Smith, R. E. (2004) Genetic divergence in snap-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4(1): 57-62.
- Tessarioli Neto, J., Groppo, G.A. (1992) A cultura do feijão-vagem. *Boletim técnico CATI*, Campinas, 212: 1-12.

- Thompson, R. (1976) Relationship between the cumulative difference and best linear unbiased predictor methods of evaluating bulls. *Animal Production*, 23: 15-24.
- Toebe, M., Cargnelutti Filho, A. (2013) Não normalidade multivariada e multicolinearidade na análise de trilha em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48(5): 466-477.
- Torres Filho, J. (2008) *Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose em meloeiro*. Tese (Doutorado em Agronomia: Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró – RN, 150p.
- Torres, F.E., Teodoro, P.E., Sagrilo, E., Ceccon, G., Correa, A.M. (2015) Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. *Bragantia*, 74(3): 255-260.
- Viçosi, K.A., Carvalho, A.D.S., Silva, D.C., Almeida, F.P., Ribeiro, D., Flores, R.A. (2020). Foliar fertilization with boron on the growth, physiology, and yield of snap beans. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 20(3): 917-924.
- Vieira, C., Borém, A., Ramalho, M.A.P. (1999) Melhoramento do feijão. In: Borém, A. *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa. Ed. UFV, p.273-349.
- Vilela, F.O., Amaral Júnior, A.T., Freitas Júnior, S.P., Viana, A.P., Pereira, M.G., Morais Silva, M.G. (2009) Selection of snap bean recombined lines by using EGT and SSD. *Euphytica*, 165 (1): 21-26.
- Wilches, M.O. (1983) Evaluación de treinta y cuatro variedades de mani mediante técnicas multivariadas. *Revista ICA*, 18 (1): 67-76.
- Yuan, M., Ruark, M.D., Bland, W.L. (2017) A simple model for snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) development, growth and yield in response to nitrogen. *Field Crops Research*, 211 (1): 125-136.