

**Parâmetros genéticos, correlações e componentes principais para caracteres
agronômicos em genótipos de feijoeiro comum do grupo carioca**

**Genetic parameters, correlations and main components for agronomic characters in
carioca group common bean genotypes**

**Parámetros genéticos, correlaciones y componentes principales para rasgos agronómicos
en genotipos de frijol común del grupo Carioca**

Recebido: 31/10/2020 | Revisado: 02/11/2020 | Aceito: 12/11/2020 | Publicado: 15/11/2020

Ana Caroline Mello Arevalo

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1277-1553>

Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Brasil

E-mail: amelloarevalo@gmail.com

Deisy Lúcia Cardoso

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1982-3413>

Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Brasil

E-mail: deisycardoso@uems.br

Marcos Jefferson Kraeski

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1026-8057>

Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Brasil

E-mail: marcoskraeski@gmail.com

Dthenifer Cordeiro Santana

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7611-6040>

Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Brasil

E-mail: dthennyfer.santana@hotmail.com

Stefanie Braga Duarte Arguelho

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9328-3278>

Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Brasil

E-mail: stefanie.arguelho@gmail.com

Resumo

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e as correlações em linhagens e cultivares de feijoeiro comum, além de caracterizar estes genótipos por seus componentes agronômicos por meio da análise de componentes principais. O ensaio foi conduzido na

Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, com 22 genótipos de feijão comum em delineamento em blocos ao acaso com três repetições. Com o uso de sete caracteres agronômicos relacionados a produtividade. Os genótipos apresentaram ampla variabilidade para praticamente todos os caracteres avaliados, sendo que a variação fenotípica observada ocorreu em função da variância genotípica. Quando os tratamentos são fixos, a herdabilidade é denominada coeficiente de determinação genotípica (R^2), este parâmetro variou de 53,24% a 84,51%. Os caracteres MCG e ALP mostraram-se promissores para seleção, uma vez que apresentaram os maiores valores de R^2 , e também, apresentaram o quociente b maior que a unidade. Altas correlações genotípicas significativas foram encontradas entre ALPxAIV (0,63). Os resultados da análise dos componentes principais (ACP) indicam a forte relação entre as variáveis agronômicas e os genótipos. Na ACP as linhagens CNFC 16548, CNFC 16566 e CNFC 16484 se destacaram para PROD, NVP e NR.

Palavras-chave: Análise multivariada; *Phaseolus vulgaris* L.; Variação genética.

Abstract

The objective of this work was to estimate the genetic parameters and correlations in common bean lines and cultivars, besides characterizing these genotypes by their agronomic components through principal component analysis. The assay was conducted at the State University of Mato Grosso do Sul, with 22 common bean genotypes in a randomized block design with three replications. With the use of seven agronomic characters related to productivity. The genotypes showed wide variability for virtually all evaluated characters, and the phenotypic variation observed occurred as a function of genotypic variance. When treatments are fixed, heritability is called genotypic determination coefficient (R^2), this parameter ranged from 53.24% to 84.51%. The characters MCG and ALP showed promise for selection, since they presented the highest Values of R^2 , and also presented the quotient b higher than the unit. High significant genotypic correlations were found among ALPxAIV (0.63). The results of the principal component analysis (PCA) indicate the strong relationship between agronomic variables and genotypes. In the PCA, the lines CNFC 16548, CNFC 16566 and CNFC 16484 stood out for PROD, NVP and NR.

Keywords: Multivariate analysis; *Phaseolus vulgaris* L.; Genetic variation.

Resumen

El objetivo de este trabajo fue estimar los parámetros genéticos y correlaciones en líneas comunes de frijol y cultivares, además de caracterizar estos genotipos por sus componentes

agronômicos a través del análisis de componentes principales. El ensayo se llevó a cabo en la Universidad Estatal de Mato Grosso do Sul, con 22 genotipos de frijol comunes en un diseño de bloque aleatorizado con tres replicaciones. Con el uso de siete caracteres agronómicos relacionados con la productividad. Los genotipos mostraron una amplia variabilidad para prácticamente todos los caracteres evaluados, y la variación fenotípica observada ocurrió como una función de varianza genotípica. Cuando los tratamientos son fijos, la heredabilidad se denomina coeficiente de determinación genotípica (R^2), este parámetro oscila entre 53,24% y 84,51%. Los personajes MCG y ALP mostraron promesa para la selección, ya que presentaron los valores más altos de R^2 , y también presentaron el cociente b más alto que la unidad. Se encontraron altas correlaciones genotípicas significativas entre ALPxAIIV (0.63). Los resultados del análisis de componentes principales (PCA) indican la fuerte relación entre las variables agronómicas y los genotipos. En el PCA, las líneas CNFC 16548, CNFC 16566 y CNFC 16484 destacaron para PROD, NVP y NR.

Palabras clave: Analisis multivariable; *Phaseolus vulgaris* L.; Variación genética.

1. Introdução

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é considerado um dos cultivos mais antigos do mundo e está entre as principais culturas produzidas, estando o Brasil como o terceiro maior produtor mundial dessa espécie (FAO, 2019). No Brasil, o feijoeiro ocupa a terceira colocação em área cultivada, ficando atrás apenas das culturas da soja e do milho. Seu cultivo está distribuído em todo o território nacional, nas diversas condições edafoclimáticas, em diferentes épocas de semeadura, níveis tecnológicos e sistemas (CONAB, 2020).

A cultura possui uma grande importância socioeconômica no país, devido a sua cadeia de produção de grãos, beneficiamento e comercialização, gerar ocupação e renda, principalmente para a classe menos privilegiada, além de ter relevância na dieta alimentar da população, constituindo uma das principais fontes de proteína (CONAB, 2019).

O Brasil é um dos maiores consumidores desse grão, o qual mais de 90% da produção nacional é consumida aqui, exportando-se somente uma pequena quantidade. Esse consumo é concentrado no grão do tipo carioca, que ocupa mais de 80% do mercado, ressaltando a preferência nacional, em que os consumidores e as indústrias exigem uma maior qualidade desses grãos (FAO, 2019).

Em função disso, para atender as exigências de mercado, os programas de melhoramento de feijoeiro no Brasil buscam genótipos com intuito de obter cultivares com

ampla adaptação e boa produtividade (Borém et al, 2017). A identificação de genótipos mais promissores está entre as etapas fundamentais desses programas, que buscam desenvolver cultivares de feijão comum com características de qualidade e mais produtivas (Silva et al., 2013).

Trabalhos que buscam essa identificação dos genótipos superiores foram expostos por Moura et al. (2013) que estimaram coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental, entre os pares de caracteres do feijoeiro; Mambrin et al. (2015) que avaliaram a variabilidade genética de linhagens de feijão quanto aos caracteres morfológicos, fenológicos e de produção; Gonçalves et al. (2016) que estimaram a variabilidade genética entre os acessos de feijoeiro por meio de análise multivariada; Tavares et al. (2017) que utilizaram dados da produtividade de grão de seis cultivares de feijão comum em seis ambientes para análise de adaptabilidade e estabilidade dos grãos; Hiolanda et al. (2018) que avaliaram desempenho de genótipos de feijão carioca. Ressalta a importância da constante busca por informações genéticas sobre a cultura do feijoeiro, devido à alta exigência e consumo do mercado brasileiro.

As informações que possibilitam a inferência sobre a variabilidade genética, o grau de expressão de um dado caráter e o ganho esperado com a seleção é obtida por meio das estimativas de parâmetros genéticos como variâncias, herdabilidade, coeficiente de determinação genotípico, coeficiente de variação genética e quociente b (Rocha, 2003).

Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais demonstram a influência de um determinado caráter sobre outro caráter a ele correlacionado. Essas correlações podem ser negativas ou positivas, quando são correlações positivas ambas aumentam num mesmo sentido, e quando negativas indicam tendência de um caráter aumentar enquanto a outra diminui (Nogueira et al., 2012).

A Análise de Componentes Principais (ACP) é uma técnica estatística multivariada que transforma um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de variáveis de mesmas dimensões chamadas de componentes principais. A ideia é reduzir a massa de dados, com menor perda possível da informação, buscando redistribuir a variação observada nos eixos originais para se obter um conjunto de eixos ortogonais não correlacionados (Hongyu et al., 2016). Dessa forma a análise auxilia na identificação da retenção das variáveis em cada cultivar ou linhagem de feijoeiro avaliada, servindo como forma de seleção de características de interesse.

Assim, o trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e correlações de uma população constituída de 22 genótipos de feijão comum do grupo comercial carioca,

além de caracterizar os genótipos por seus caracteres agronômicos, por meio da análise de componentes principais.

2. Metodologia

2.1 Condução experimental

O experimento foi conduzido entre os meses de junho a setembro de 2018 na área experimental da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul – Unidade Universitária de Aquidauana, situada no município de Aquidauana/MS, com coordenadas geográficas 20°27' Sul e 55°40' Oeste e altitude média de 170 m. O solo é do tipo Argissolo Vermelho-Amarelo distrófico de textura arenosa (Schiavo et al., 2010). O clima da região, segundo classificação KÖPPEN, é Aw, definido como tropical quente sub-úmido, com estação chuvosa no verão e seca no inverno (Alvares et al., 2014), com precipitação média anual de 1.282,7 mm (Pacheco et al., 2020)

As temperaturas registradas durante o experimento, via Plataforma de Coleta de Dados Meteorológicos do Laboratório de Manejo e Conservação do Solo e Água da UEMS de Aquidauana-MS, ficaram entre 10 °C e 35 °C., consideradas dentro da faixa de temperatura adequada para cultura do feijoeiro (Pereira et al., 2014).

O consumo hídrico da cultura pode ser estimado entre 300 a 600 mm ao longo de seu ciclo (Marco et al., 2012), porém, no presente trabalho o somatório das precipitações registradas não atendeu a esta demanda, ficando em 112,1 mm, realizando-se irrigação suplementar para atender a necessidade da planta.

O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com 22 tratamentos e três repetições. As parcelas foram constituídas de quatro fileiras de plantas com quatro metros de comprimento, espaçadas 0,5m entre si, com densidade de 12 plantas por metro. No Tabela 1 estão descritos os 22 genótipos de feijão comum utilizados no experimento, cultivares e linhagens procedentes da Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa Arroz e Feijão (CNPAP), do grupo comercial carioca.

Tabela 1. Genótipos avaliados no experimento em Aquidauana-MS, 2020.

Genótipos	Cultivar/ Linhagem	Genótipos	Cultivar/ Linhagem
ANFC9	Cultivar	CNFC 16522	Linhagem
BRS Estilo	Cultivar	CNFC 16548	Linhagem
BRS FC402	Cultivar	CNFC 16558	Linhagem
BRSMG Uai	Cultivar	CNFC 16561	Linhagem
IPR Campos Gerais	Cultivar	CNFC 16562	Linhagem
Pérola	Cultivar	CNFC 16563	Linhagem
CNFC 16183	Linhagem	CNFC 16564	Linhagem
CNFC 16484	Linhagem	CNFC 16566	Linhagem
CNFC 16495	Linhagem	CNFC 16567	Linhagem
CNFC 16496	Linhagem	CNFC 16611	Linhagem
CNFC 16497	Linhagem	CNFC 16636	Linhagem

Fonte: Autores.

Nos últimos anos a área experimental vem sendo utilizada para o cultivo de feijão comum, safra de inverno, permanecendo em pousio no decorrer do ano, até a próxima safra. O preparo do solo teve início com uma gradagem aradora para destruir (corte e enterrio) as touceiras de capim colônia (*Panicum maximum*) e demais daninhas. Em sequência, foram realizadas duas gradagens niveladoras e a abertura manual dos sulcos a uma profundidade média de 5cm.

A semeadura foi realizada manualmente, distribuindo-se 15 sementes m^{-1} , no espaçamento de 0,5m, quando necessário foi realizado desbaste das plântulas, de modo a ser obtida uma população final de 240.000 plantas ha^{-1} .

O controle das plantas daninhas foi por meio de capinas manuais durante os estádios fenológicos V2 a R5. Quando a cultura entrou no estágio V4 foi realizado a adubação nitrogenada de cobertura, utilizando como fonte a ureia na dose de 133 kg ha^{-1} do adubo comercial, a qual foi distribuída em filete contínuo ao lado das fileiras de plantas. Posteriormente foi realizada a aplicação de uma lâmina d'água de 10 mm, no sistema de aspersão convencional, para incorporação do adubo, evitando perdas de N por volatilização.

Ao final do ciclo da cultura foi realizada a colheita manual, colocando as plantas amontoadas com as raízes expostas para cima por um período de um a dois dias para completar a secagem. Em seguida, ainda no campo foi realizado a trilhagem (debulha) das vagens, colocando as plantas sobre lona plástica resistente e realizando a bateção (surra do

feijão) com a utilização de varas flexíveis. Os grãos foram separados das impurezas pela abanação com peneira de malha apropriada. A produção de cada parcela foi acondicionada em sacos de papel devidamente etiquetados e levada para os laboratórios para pesagem e determinação de umidade.

2.2 Caracteres avaliados

Os genótipos foram avaliados pelos seguintes caracteres agronômicos, quando as plantas se encontravam no estágio fenológico R9 (maturação).

a) Altura de planta (ALP): Expressa em centímetros (cm), avaliando-se 10 plantas de cada parcela, tomadas aleatoriamente, utilizando-se uma trena flexível, medindo-se da base do feijoeiro até o ápice da haste principal;

b) Altura de inserção da primeira vagem (AIV): Expressa em centímetros (cm), tomadas 10 plantas aleatoriamente de cada parcela, com o auxílio de uma régua graduada, medindo-se a distância entre o solo até o ápice da vagem mais próxima ao solo;

c) Número de ramificações secundárias por planta (NRP): Avaliou-se 10 plantas aleatoriamente por parcela, contando o número de ramificações secundárias existentes.

d) Número de vagens por planta (NVP): Calculou-se o número médio de vagens em 10 plantas amostradas aleatoriamente por parcela;

e) Número de grãos por vagem (NGV): Calculou-se o número médio de grãos por vagem, avaliando-se três vagens de cada uma das plantas amostradas para o caráter NVP, totalizando trinta vagens por parcela

f) Massa de cem grãos secos (MCG): Expressa em gramas, obtido pela pesagem, em balança semi analítica, de uma amostra de 100 grãos de cada parcela, posteriormente fez-se a conversão da umidade para 13%;

g) Produtividade de grãos secos (PRD): Expresso em kg ha^{-1} , obtido pela pesagem de todos os grãos da parcela, sendo os valores ajustados para a umidade de 13% e transformados em kg ha^{-1} .

2.3 Análise estatística

Procedeu-se à análise de variância pelo teste F adotando-se o modelo estatístico proposto por Cruz et al. (2014), considerando-se o efeito de genótipos como fixo.

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij} \text{ em que:}$$

Y_{ij} = valor da característica do i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco;

μ = média geral do ensaio;

g_i = efeito do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, g$);

b_j = efeito do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, r$); e

ε_{ij} = erro aleatório associado ao genótipo i e ao bloco j , $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

Os parâmetros genéticos foram analisados para cada característica, utilizando-se as seguintes expressões (Cruz, 2013):

a) Variância fenotípica: $(\sigma^2_F) = \text{QM}_g / k$

b) Variância ambiental média: $(\sigma^2_A) = \text{QM}_r / k$

c) Variância genotípica média: $(\sigma^2_G) = (\text{QM}_g - \text{QM}_r) / k$

d) Coeficiente de determinação genotípico: $R^2 = (\sigma_G / \sigma_F) \times 100$

e) Coeficiente de variação genético: $CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{m} \times 100$

f) Coeficiente de variação experimental: $CV_e = 100 \left(\frac{\sqrt{\text{QM}_e}}{m} \right)$

g) Quociente b : $CV_g / CV_e = \sqrt{\frac{\sigma_G^2}{\sigma^2}}$

Em que: $k = \frac{N - (\frac{1}{N} \sum_{i=1}^g r_i)}{g-1}$ e $N = \sum_{i=1}^g r_i$

Em que r_i é o número máximo de repetição do i -ésimo genótipo.

Nas estimativas das correlações empregaram-se as expressões citadas por Falconer (1981):

a) Correlação fenotípica (r_P): $r_P(xy) = \frac{\text{COV}_F(xy)}{\sqrt{\sigma_{F_x}^2 \cdot \sigma_{F_y}^2}}$

b) Correlação genotípica (r_G): $r_G(xy) = \frac{\text{COV}_G(xy)}{\sqrt{\sigma_{G_x}^2 \cdot \sigma_{G_y}^2}}$

c) Correlação ambiental (r_E): $r_E(xy) = \frac{\text{COV}_E(xy)}{\sqrt{\sigma_{E_x}^2 \cdot \sigma_{E_y}^2}}$

Em que: $r(xy)$ correlação entre os caracteres X e Y; $\text{COV}_{E(xy)}$ = covariância entre os caracteres X e Y; e σ^2_x e σ^2_y = variância dos caracteres X e Y, respectivamente.

Quanto a análise de componentes principais, utilizou-se a equação:

$$\frac{T_{ij} - \bar{T}_j}{s_j} = \lambda_1 \alpha_{11} \rho_{1j} + \lambda_2 \alpha_{21} \rho_{2j} + \varepsilon_{ij}$$

Em que: T_{ij} é o valor do genótipo i para o variável j ; \bar{T}_j é o valor médio da característica j sobre todos os genótipos, s_j é o desvio-padrão da característica j entre as médias do genótipo; λ_1 e λ_2 são os autovetores dos PC1 e PC2, respectivamente; α_{i1} e α_{i2} são os escores PC1 e PC2, respectivamente, para o genótipo i ; ρ_{1j} e ρ_{2j} são os escores PC1 e PC2, respectivamente para a característica j ; ε_{ij} é o resíduo do modelo associado ao genótipo i na característica j . Um GT-biplot é construído plotando os scores do primeiro componente principal (PC1) dos genótipos e as variáveis em relação às pontuações scores do segundo componente principal (PC2) resultante da decomposição de valor singular (SVD) de dados padronizados em variáveis (Yan & Frégeau-Reid, 2008).

Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F e análises genéticas e estatísticas utilizando o software GENES (Cruz, 2013). Na análise de componentes principais foi utilizado o software R (Team, 2014) e Rbio (Bhering, 2017).

3. Resultados e Discussão

3.1 Parâmetros genéticos

Os resultados apresentados na Tabela 2 representam as análises de variância e as estimativas dos parâmetros genéticos. Estes, evidenciaram a existência de ampla variabilidade genética na população, pois foram significativos a 1% de probabilidade para a maioria deles.

Tabela 2. Resumo das análises de variância e estimativas de parâmetros genéticos de caracteres de arquitetura de planta, dos componentes primários de produção e de produtividade de grãos de 22 genótipos de feijão comum.

F.V.	Quadrados Médios						
	ALP	AIV	NRP	NVP	NGV	MCG	PRD
Blocos	19,13	5,66	0,27	4,57	0,17	2,56	9166,96
Genótipos	685,89**	12,22**	0,75*	15,61 ^{ns}	0,37*	18,06**	234294,63**
Resíduo	148,23	3,67	0,32	9,93	0,18	2,79	74711,14
Média	77,71	11,87	2,76	15,40	3,95	31,58	1.894,18
CV _e (%)	15,67	16,15	20,67	20,46	10,59	5,30	14,43
Parâmetros genéticos							
σ^2_F	228,63	4,07	0,25	5,20	0,13	6,02	78098,20
σ^2_A	49,41	1,22	0,11	3,31	0,06	0,93	24903,71
σ^2_G	179,22	2,85	0,14	1,89	0,07	5,09	53194,49
R^2 (%)	78,39	69,93	56,51	36,39	52,24	84,51	68,11
CV _g (%)	17,23	14,22	13,59	8,93	6,40	7,14	12,18
Quociente <i>b</i>	1,10	0,88	0,66	0,44	0,60	1,35	0,84

Observações: ALP = altura de planta (cm); AIV = altura de inserção da 1ª vagem (cm); NRP = número de ramificações secundárias por planta; NVP = número de vagens por planta; NGV = número de grãos por vagem; MCG = massa de 100 grãos (grama); PRD = produtividade de grãos (kg ha⁻¹); CV_e = coeficiente de variação experimental (%); σ^2_F = variância fenotípica; σ^2_A = variância ambiental; σ^2_G = variância genotípica; R^2 = coeficiente de determinação genotípica; CV_g = coeficiente de variação genético; quociente *b* = CV_g/CV_e; **, *, ^{ns} = significativo a 1%, 5% e não significativo pelo teste F, respectivamente. Fonte: Autores.

A existência da variabilidade genética numa população é considerada fator determinante para qualquer programa de melhoramento (Cruz et al., 2014; Gonçalves et al., 2016). Nesse sentido, a população em estudo mostra-se, a princípio, promissora para trabalhos de seleção de desenvolvimento de novas cultivares, visto que a diversidade representa a base biológica para produzir alimentos nos dias de hoje, enfrentando os desafios da crescente população, mudanças climáticas e presença de pragas e doenças (Ramalho et al., 2012).

O coeficiente de variação experimental (CV_e), parâmetro que indica o grau de precisão experimental, ficou abaixo de 20% para a maioria dos caracteres, ficando acima apenas para os caracteres NVP e NRP, com 20,46% e 20,67%, respectivamente. Tal parâmetro é considerado médio quando está entre 10% e 20%, segundo a classificação estabelecida por Gomes (1985).

O coeficiente de variação para PRD foi de 14,43%, próximos aos 13,8% encontrados em avaliação de desempenho de genótipos de feijão carioca no Cerrado Central do Brasil (Hiolanda et al., 2018). E inferior aos encontrados em estudo de adaptabilidade e estabilidade da produção de grão em feijão comum, em seis ambientes distribuídos pelos estados brasileiros (Tavares et al., 2017).

Quanto aos parâmetros genéticos e de acordo com classificação estabelecida por Cruz (2013), as estimativas de coeficiente de determinação genotípico (R^2) foram altas (acima de 70%), para os caracteres ALP (78,39%) e MCG (84,51%). Indicativo de que estes caracteres são os menos influenciados pelo ambiente, considerando uma população promissora para a seleção. Resultados similares foram encontrados por Santos et al. (2015) em estudo com o feijão-comum, sendo o maior coeficiente de determinação genotípica observado para o caráter MCG (93,41%).

Os caracteres AIV, PRD, NRP e NGV apresentaram estimativas de R^2 de 69,93%, 68,11%, 56,51% e 52,24%, respectivamente, sendo consideradas população medianamente promissora para a seleção do caráter (50 a 70%), segundo a classificação estabelecida por Cruz (2013). A estimativa mais baixa de R^2 foi obtida para o caráter NVP (36,39%) indicando ser a população pouco promissora para a seleção desse caráter, permitindo inferir um longo tempo para a realização do programa e baixos ganhos genéticos nas seleções iniciais.

Por meio do parâmetro de coeficiente de variação genético é possível fazer inferência sobre a variabilidade genética nos diferentes caracteres, sendo que valores elevados de CVg (acima de 25%) são indicativos de que a população é promissora para a seleção do caráter em estudo, devendo-se esperar ganhos significativos de seleção (Correa et al., 2003).

O que não acontece no presente trabalho, no qual os coeficientes de variação genético obtidos foram considerados baixos para todos os caracteres. As variáveis MCG (7,14%) e PRD (12,18%) ficaram abaixo dos valores obtidos por Santos et al. (2015), que encontraram valores de variação genético de 18,71% para MCG e 23,11% para PRD.

Os caracteres NGV, NVP, NRP, AIV e ALP, apresentaram coeficientes de variação genético de 6,40%, 8,93%, 13,59%, 14,22% e 17,23%, respectivamente.

O quociente b é uma ferramenta auxiliar para o melhorista, pois expressa a relação entre o CVg e o CVE, no qual permite fazer inferências sobre as chances de sucesso do melhoramento na população estudada. Nesse sentido, quando o quociente estimado for maior ou igual a um, a variação genética disponível é a maior responsável pela variação estimada dos dados experimentais, sendo a razão CVg/CVE um índice indicativo do grau da facilidade de seleção dos genótipos para cada caráter (Correa et al., 2015).

No presente estudo, o quociente b variou de 1,35 para o caráter de MCG a 0,44 para o caráter NVP. Considerando que para os caracteres MCG (1,35) e ALP (1,10) as estimativas de b foram ≥ 1 , podendo ratificar a inferência de que a população é altamente promissora para a seleção desses caracteres. Já Públio Júnior et al. (2018), em estudo de genótipos de feijão-frade, apresentaram resultados superiores a um para todas as características analisadas, indicando que é favorável a seleção pois a variação ambiental é menor que a variação genética em relação à média, indicando que as características avaliadas devem ser utilizadas na seleção de plantas pelos programas de melhoramento genético.

3.2 Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais

Com relação às estimativas de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre os caracteres avaliados, na tabela 3 observa-se que as correlações no geral foram de baixa intensidade ($< 0,40$) e não significativas. Dado que a correlação entre caracteres que pode ser diretamente medida é a fenotípica, segundo Falconer (1981), sendo que essa correlação possui causas genéticas e ambientais. Contudo, só as causas genéticas envolvem uma associação de natureza herdável, podendo, conseqüentemente, ser utilizada na orientação de programas de melhoramento (Cruz et al., 2014).

Tabela 3. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre os caracteres de 22 genótipos de feijão comum.

Caracteres		ALP	AIV	NRP	NVP	PRD	MCG	NGV
ALP	σ^2_F	1,00	0,47	0,12	0,26	-0,22	-0,08	-0,21
	σ^2_A	1,00	0,01	0,33	0,42	0,39	-0,07	-0,14
	σ^2_G	1,00	0,63**	0,02	0,20	0,43*	0,08	0,34
AIV	σ^2_F		1,00	0,05	-0,03	0,28	0,15	-0,19
	σ^2_A		1,00	0,09	-0,01	0,22	-0,03	-0,14
	σ^2_G		1,00	0,04	-0,05	0,31	0,22	-0,22
NRP	σ^2_F			1,00	0,53	-0,02	0,12	-0,38
	σ^2_A			1,00	0,51*	0,33	0,17	-0,08
	σ^2_G			1,00	-0,59*	-0,22	0,12	-0,63**
NVP	σ^2_F				1,00	-0,15	0,05	-0,24
	σ^2_A				1,00	0,28	0,01	-0,06
	σ^2_G				1,00	-0,56*	0,09	-0,64**
PRD	σ^2_F					1,00	0,14	0,29
	σ^2_A					1,00	0,18	-0,09
	σ^2_G					1,00	0,14	0,55*
MCG	σ^2_F						1,00	0,24
	σ^2_A						1,00	-0,07
	σ^2_G						1,00	0,39
NGV	σ^2_F							1,00
	σ^2_A							1,00
	σ^2_G							1,00

Observações: ALP = altura de planta (cm); AIV = altura de inserção da 1ª vagem (cm); NRP = número de ramificações secundárias por planta; NVP = número de vagens por planta; NGV = número de grãos por vagem; MCG = massa de 100 grãos (grama); PRD = produtividade de grãos (kg ha⁻¹); σ^2_F = variância fenotípica; σ^2_A = variância ambiental; σ^2_G = variância genotípica. Fonte: Autores.

As mais altas correlações genotípicas significativas positivas neste trabalho, foram entre os caracteres ALPx AIV (0,63) significando que quanto maior a altura da planta maior a altura de inserção da primeira vagem, sendo esse fator considerado importante para a seleção indireta de genótipos superiores para colheita mecanizada, pois uma altura de inserção alta, contribui para realizar uma boa colheita mecânica (Moura et al., 2013).

Obteve-se correlações genotípicas positivas entre os caracteres PRDxNGV (0,55), apontando que o aumento do número de grãos por vagem pode levar a incrementos no rendimento de grãos. Resultados similares são encontrados por Mambrin et al. (2015) entre a rendimento de grãos e o número de grãos por vagem (0,62), uma vez que, entre os componentes primários da produção, o NGV é um dos caracteres de maior potencialidade para seleção e identificação de genótipos superiores para produtividade de grãos em feijoeiro.

Públio Júnior et al. (2018) em estudo de genótipos de feijão-frade, encontraram correlação genotípica positiva entre o índice de grãos para as características massa da vagem, comprimento da vagem e número de grãos por vagem, resultados já esperados, em virtude do índice de grãos ser a relação entre o peso dos grãos e o peso das vagens.

Os caracteres ALPxPRD foram encontradas correlações genotípicas positivas (0,43), indicando que plantas com maior altura são mais produtivas do que plantas com menor altura.

Já as mais altas correlações genotípicas significativas negativas foram identificadas em NVPxNGV (-0,64) e NRPxNGV (-0,63), indicando que plantas com maior número de vagens produzem menor quantidade de grãos por vagem, o mesmo ocorre em plantas com maior número de ramos, produzindo menor número de grãos por vagens. Isso pode ser explicado por Portes (2008), que relata sobre a partição de fotoassimilados dentro da planta, no qual o tecido vascular forma um sistema de tubos que pode direcionar, por partição, o fluxo de fotoassimilados para vários órgãos, folhas jovens, caule, raízes, frutos ou sementes. E uma vez que, existe a partição de fotoassimilados em benefício de um determinado órgão um outro, possivelmente, ficará prejudicado, pois nem sempre a planta produz fotoassimilados o suficiente para abastecer todos os seus órgãos simultaneamente. Como verificado no presente estudo, em que parte dos fotoassimilados foram utilizados na nutrição das ramificações, e possivelmente não supriram toda a necessidade de fotoassimilados para o enchimento de todos os grãos.

Correlações genotípicas significativas negativas, ocorreram também para os caracteres NRPxNVP (-0,59) indicando que plantas com maior número de ramificações possuem um menor número de vagens por planta.

Também pode ser explicado pelo auto sombreamento, que reduz a eficiência fotossintética, podendo até reduzir o rendimento de grãos, pois somente a parte superior do cultivo recebe radiação solar, causando o auto sombreamento, tornando-se crítico no período de vingamento de vagens e grãos (Silva et al., 2012).

Do mesmo modo para os caracteres NVPxPRD (-0,56), mostrando que quanto maior a quantidade de vagens por planta, menor será a produtividade dessa planta. Diferentes dos

resultados observados por Ribeiro et al. (2001), que constataram correlação fenotípica positiva (0,63) entre o número de vagens por planta e produtividade de grãos em feijão carioca.

Quanto à correlação ambiental positiva, ocorreu apenas nos caracteres NRPxNVP (0,51) propondo que as plantas que obtiveram mais ramificações, conseqüentemente tiveram maiores números de vagens por planta. Já Santos et al. (2015) encontraram correlação ambiental positiva na cultura do feijoeiro entre os caracteres MCG x PROD. A existência de correlação ambiental significativa entre os pares de caracteres indica que os dois são influenciados pelas condições ambientais.

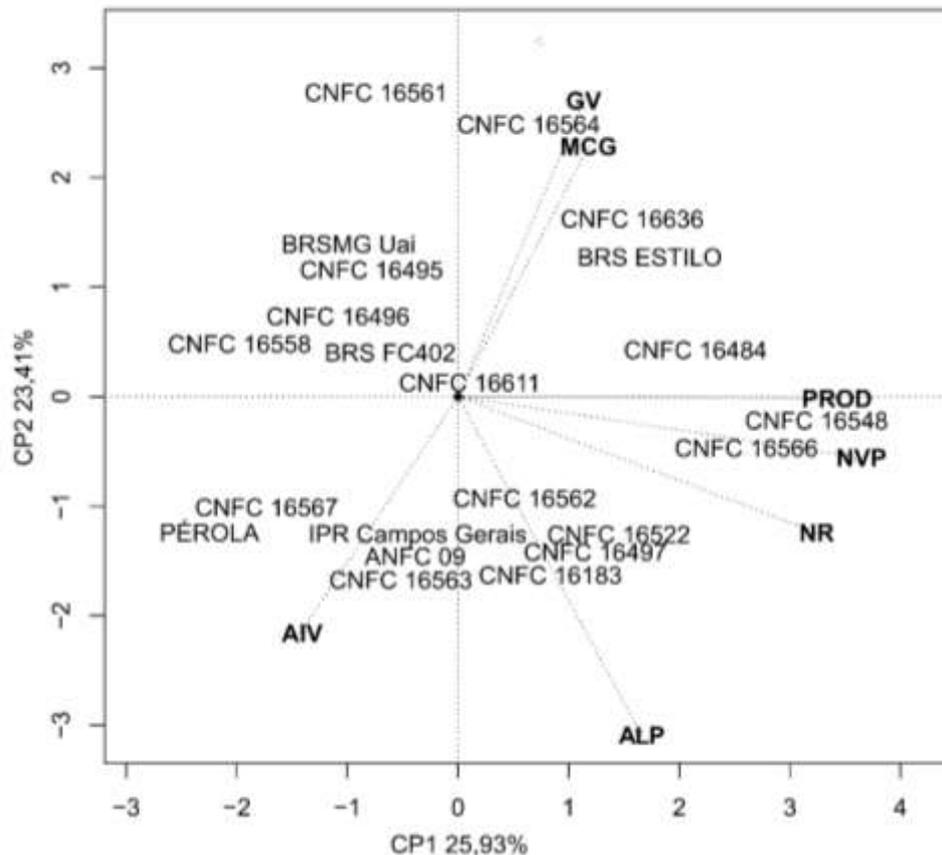
Em geral, no presente trabalho, as correlações genotípicas foram superiores às ambientais, como observado também em estudo de Santos et al. (2015), demonstrando uma maior contribuição dos fatores genéticos na expressão dos caracteres avaliados, em relação aos ambientais.

3.3 Componentes Principais

Através da análise de componentes principais na figura 1, pode-se inferir que os genótipos CNFC 16548, CNFC 16566 e CNFC 16484 estão relacionados com os caracteres PROD, NVP e NR, ou seja, tais características se destacaram para esses genótipos.

Os caracteres AIV e ALP estão diretamente relacionados com os genótipos CNFC 16562, CNFC 16522, CNFC 16497, CNFC 16183, IPR Campos Gerais, CNFC 16563, ANFC09. A variável AIV mostrou destaque para os genótipos Pérola e CNFC 16567. Já os genótipos CNFC 16564, CNFC 16636, BRS Estilo, e CNFC 16561 relacionaram-se diretamente com as variáveis NGV e MCG.

Figura 1. Relação entre as variáveis agronômicas e os genótipos de feijão comum.



Observações: Variáveis agronômicas: ALP = altura de planta; AIV = altura de inserção da 1ª vagem; NRP = número de ramificações secundárias por planta; NVP = número de vagens por planta; NGV = número de grãos por vagem; MCG = massa de 100 grãos; PRD = produtividade de grãos. Genótipos de feijão comum: ANFC9; BRS Estilo; BRS FC402; BRSMG Uai; IPR Campos Gerais; Pérola; CNFC 16183; CNFC 16484; CNFC 16495; CNFC 16496; CNFC 16497; CNFC 16522; CNFC 16548; CNFC 16558; CNFC 16561; CNFC 16562; CNFC 16563; CNFC 16564; CNFC 16566; CNFC 16567; CNFC 16611; CNFC 16636. Fonte: Autores.

Nesse sentido, as linhas perpendiculares dividem em grupos. Os genótipos que se apresentam nos vértices de cada grupo são considerados de melhor desempenho para o conjunto de variáveis contidas neste grupo (Yan & Frégeau-Reid, 2018).

4. Conclusão

Há ampla variabilidade genética na população para quase todas as características avaliadas. A população apresenta potencial e mostra-se promissora para trabalhos de seleção para os caracteres MCG e ALP.

As correlações genóticas positivas foram superiores às correlações ambientais, tonando-se viável para programas de melhoramento genético.

As variáveis destacadas em cada genótipo implicam forte relação entre elas, ou seja, esses genótipos podem ser utilizados em programas de melhoramento que buscam realçar tais caracteres.

Quanto a análise de componentes principais, os genótipos CNFC 16548, CNFC 16566 e CNFC 16484 apresentaram relação com NR, NVP e PROD.

Referências

Alvares, C. A., Stape, J. L., Sentelhas, P. S., Gonçalves, J. L. M., Sparovek, G. (2014). Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22 (6), 711-728. doi: 10.1127/0941-2948/2013/0507

Bhering, L. L. (2017). Rbio: A Tool For Biometric And Statistical Analysis Using The R Platform. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 17 (2), 187-190. doi: 10.1590/1984-70332017v17n2s29

Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2017). *Melhoramento de Plantas*. (7a ed.), Viçosa, Brasil: UFV - Universidade Federal de Viçosa.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. (2019). Acompanhamento da safra brasileira de grãos: Safra 2018/2019. *CONAB*, 6 (7), sétimo levantamento.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. (2020). Acompanhamento da safra brasileira de grãos: Safra 2019/2020. *CONAB*, 7 (10), décimo levantamento.

Correa, A. M., Braga, D. C., Ceccon, G., Oliveira, L. V. A., Lima, A. R. S., Teodoro, P. E. (2015). Variabilidade genética e correlações entre caracteres de feijão-caupi. *Revista Agro@mbiente On-line*, 9 (1), 42-47. doi: 10.5327/Z1982-8470201500012252

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. doi: 10.12702/1984-7033.v03n03a07

Cruz, C. D. (2013). GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *ActaScientiarum.Agronomy*, 35 (3), 271-276. doi: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251

Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., Regazzi, A. J. (2014). *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. (3a ed.), 2, Viçosa, Brasil: UFV - Universidade Federal de Viçosa.

Falconer, D. S. (1981). *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa, Brasil: UFV - Universidade Federal de Viçosa.

FAO – Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura. (2019). Colheitas (Crops), *FAOSTAT*. Recuperado de <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>.

Gomes, F. P. (1985). *Curso de estatística experimental*. Piracicaba, Brasil: Nobel.

Gonçalves, D. L., Barelli, M. A. A., Santos, P. R. J., Oliveira, T. C., Silva, C. R., Neves, L. G., Poletine, J. P., Luz, P. B. (2016). Variabilidade genética de germoplasma tradicional de feijoeiro comum na região de Cáceres-MT. *Ciência Rural*, 46 (1), 100-107. doi: 10.1590/0103-8478cr20140812

Hiolanda, R., Machado, D. H., Candido, W. J., Faria, L. C., Dalchiavon, F. C. (2018). Desempenho de genótipos de feijão carioca no Cerrado Central do Brasil. *Revista de Ciências Agrárias*, 41(3), 815-824. doi: 10.19084/RCA17285

Hongyu, K., Sandanielo, V. L. M., Oliveira Junior, G. J. (2016). Análise de componentes principais: resumo teórico, aplicação e interpretação. *E&S Engineering and Science*, 1 (5), 83-90. doi: 10.18607/ES20165053

Mambrin, R. B., Ribeiro, N. D., Storck, L., Domingues, L. S., Barkert, K. A. (2015). Seleção de linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) baseada em caracteres morfológicos, fenológicos e de produção. *Revista de Agricultura*, 90 (2), 141–155. doi: 10.37856/bja.v90i2.128

Marco, K., Dallacort, R., Júnior, C. A. F., Freitas, P. S. L., Villela, T. G. (2012). Aptidão Agroclimática e Características Agronômicas do Feijão-Comum Semeado na Safra das Águas em Tangará da Serra – MT. *Enciclopédia Biosfera*, 8 (15), 160-170. Recuperado de <http://www.conhecer.org.br/enciclop/2012b/ciencias%20agrarias/aptidao.pdf>

Moura, M. M., Carneiro, P. C. S., Carneiro, J. E. S., Cruz, C. D. (2013). Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48 (4), 417-425. doi: 10.1590/S0100-204X2013000400010.

Nogueira, A. P. O., Sedyama, T., Sousa, L. B., Hamawaki, O. T., Cruz, C. D., Pereira, D. G., Matsuo, E. (2012). Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. *Bioscience Journal*, 28 (6), 877-888. Recuperado de <http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14576/11096>

Pacheco, A., Lopes, A. S., Sabbag, O. J., Fanaya Júnior, E. D., Kraeski, M. J., Hernandez, F. B. T., Val, C. D. O. C., França, A. (2020). Economic analysis of irrigated bean production in function of nitrogen fertilization management and inoculation of seeds. *Científica*, 48 (3), 200-205. doi: 10.15361/1984-5529.2020v48n3p200-205

Pereira, V. G. C., Gris, D. J., Marangoni, T., Frigo, J. P., Azevedo, K. D., Grzesiuck, A. E. (2014). Exigências agroclimáticas para a cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista Brasileira de Energias Renováveis*, 3 (1), 32-42. Recuperado de https://revistas.ufpr.br/rber/article/view/36917/pdf_13

Portes, T. A. (2008). *Translocação de solutos orgânicos*. Cap. 8, Goiânia, Brasil: UFG – Universidade Federal de Goiás.

Públio Júnior, E., Guimarães, D. G., Públio, A. P. P. B., Souza, U. O., Amaral, C. L. F. (2018). Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-frade. *Revista de Ciências Agrárias*, 41 (3), 806-814. doi: 10.19084/RCA17232

Ramalho, M. A. O., Santos, J. B. dos, Pinto, C. A. B. P., Souza, E. A. de, Gonçalves, F. M. A., Souza, J. C. de. (2012). *Genética na Agropecuária*. (5a ed.), rev. Lavras, Brasil: UFLA – Universidade Federal de Lavras.

Ribeiro, N. D., Mello, R. M., Dalla, R. C., Sluszz, T. (2001). Correlações genéticas de caracteres agromorfológicos e suas implicações na seleção de genótipos de feijão carioca. *Revista Brasileira de Agrociência*, 7(2), 93-99. doi: 10.18539/CAST.V7I2.379

Rocha, M. M. (2003). Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco. *Revista Científica Rural*, 8 (1), 135-141. Recuperado de <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/66139/1/REVCIENTRURAL80001.pdf>

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. Recuperado de <https://ojs.ufgd.edu.br/index.php/agrarian/article/view/3119>

Schiavo, J. A., Pereira, M. G., Miranda, L. P. M., Dias Neto, A. H., Fontana, A. (2010). Caracterização e classificação de solos desenvolvidos de arenitos da formação Aquidauana-MS. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, 34(3), 881-889. doi: 10.1590/S0100-06832010000300029.

Silva, A. C. F., Melo, P. G. S., Melo, L. C., Bassinello, P. Z., Pereira, H. S. (2013). Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro comum. *Bragantia*, 72 (4), 326-331. doi: 10.1590/brag.2013.046

Silva, R. R., Scariotto, S., Malagi, G., Marchese, J. A. (2012). Análise de crescimento em feijoeiro cultivado sob diferentes densidades de semeadura. *Scientia Agraria*, 13(2), 41-51. doi: 10.5380/rsa.v13i2.40883

Tavares, T., Sousa, S., Salgados, F., Santos, G., Lopes, M., Fidelis, R. (2017). Adaptabilidade e estabilidade da produção de grão em feijão comum (*Phaseolus vulgaris*). *Revista de Ciências Agrárias*, 40 (2), 411-418. doi: 10.19084/RCA16058

Team, R. C. (2014). R development core team. r: A language and environment for statistical computing. *R foundation for statistical computing*, Vienna, Austria.

Yan, W. K., & Frégeau-Reid, J. (2018). Genotype by Yield* Trait (GYT) Biplot: a Novel Approach for Genotype Selection based on Multiple Traits. *Scientific reports*, 8(1), 98. doi: 10.1038/s41598-018-26688-8

Yan, W. K., & Frégeau-Reid, J. (2008). Breeding line selection based on multiple traits. *Crop Science*. 48 (2), 417–423. doi: 10.2135/cropsci2007.05.0254

Porcentagem de contribuição de cada autor no manuscrito

Ana Caroline Mello Arevalo – 20%

Deisy Lúcia Cardoso – 20%

Marcos Jefferson Kraeski – 20%

Dthenifer Cordeiro Santana – 20%

Stefanie Braga Duarte Arguelho – 20%