

EMPREGO DA ANÁLISE MULTIVARIADA NA CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.)¹

JAIME ROBERTO FONSECA² e HELOISA TORRES DA SILVA³

RESUMO - Com a finalidade de estudar a divergência genética e identificar possível duplicidade em acessos de feijão, 34 materiais genéticos, disponíveis no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão, foram estudados, utilizando-se dez descritores agronômicos e fenológicos, sendo os resultados obtidos submetidos a análises multivariadas. A técnica de variáveis canônicas não detectou descritores redundantes, isto é, todos foram importantes para a descrição do germoplasma. Por outro lado, a técnica de agrupamento (método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância generalizada (D^2) de Mahalanobis) identificou acessos repetidos de feijão nos grupos comerciais Preto e Mamoninha.

Termos para indexação: divergência genética, variáveis canônicas, distância de Mahalanobis.

USE OF MULTIVARIATE ANALYSIS IN CHARACTERIZATION OF BEAN (*Phaseolus vulgaris* L.) ACESSIONS

ABSTRACTS - With the objective to study the genetic diversity and to identify possible repetitive access of beans, 34 genetics samples, of the Germplasm Active Bank from National Rice and Bean Research Center (CNPAP), were studied, through ten quantitative and fenologic descriptors, submited to multivariate analysis. The canonic variables technique determined that all traits were important for access description. In addition, the clustering techniques (nearest neighbor method, using Mahalanobis distance) identified duplicated acessions of beans, from black and castor oilbean commercial groups.

Index terms: genetic diversity, canonic variables, Mahalanobis distance.

INTRODUÇÃO

A variabilidade genética indispensável ao melhoramento e áreas afins é tentativamente preservada em bancos de germoplasma (BAG's). Nestes, é muito freqüente a ocorrência de duplicidade de acessos, o que implica em maior tempo exigido no processo de caracterização e maior custo de manutenção e conservação do germoplasma.

Algumas metodologias têm sido utilizadas na caracterização de germoplasma, tais como o uso de isoenzimas (Brondani, 1993) e de marcadores moleculares (Maluf, 1990 e Miklas & Kelly, 1992). Uma outra alternativa que pode ser empregada é a análise multivariada de dados morfológicos e agronômicos (Fonseca, 1993 e Ribeiro, 1993), porque além de ser a mais econômica, praticamente não exige nenhum trabalho adicional, a não ser de cálculo, uma vez que as informações para as

análises são obtidas dos próprios descritores tomados dos genótipos, o que se constitui uma atividade rotineira no BAG.

Dentre as técnicas multivariadas disponíveis, os componentes principais, as variáveis canônicas e a análise de agrupamento, a partir das distâncias de Mahalanobis (D^2), têm sido as mais usadas na avaliação da divergência genética presente em diversas espécies (Pereira, 1989; Peeters & Martinelli, 1989; Castineiras, 1990 e Faria, 1994).

Neste trabalho, procurou-se avaliar a eficiência das técnicas multivariadas na obtenção de estimativas de divergência genética entre amostras de feijão, procedentes de coletas feitas em várias regiões brasileiras, com os propósitos de identificar possíveis repetições de acessos e de selecionar descritores utilizados nas atividades de caracterização.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido com 34 acessos de feijão, sendo 24 do grupo Chumbinho e sete do Taquara, ambos de grão preto, e três do grupo Mamoninha, de grão rajado (Tabela 1), provenientes do Banco Ativo de Germoplasma

¹ Aceito para publicação em 19.11.97.

² Pesquisador, Dr., Embrapa Arroz e Feijão, Cx. Postal 179, 74001-970, Goiânia - GO.

³ Pesquisador, M.Sc., Embrapa Arroz e Feijão.

TABELA 1. Grupo comercial, denominação, procedência e número dos acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), caracterizados em Goiânia-GO, 1993.

Número	Denominação	Nº de acesso no BAG-Feijão-CNPAF	Procedência
Grupo Preto Chumbinho			
1	Chumbinho	840001	Veranópolis (RS)
2	Chumbinho	840002	Veranópolis (RS)
3	Chumbinho	840012	Nova Prata (RS)
4	Chumbinho	840036	Sananduva (RS)
5	Chumbinho	840087	Marcelino Ramos (RS)
6	Chumbinho	840095	Erechim (RS)
7	Chumbinho	840156	Pelotas (RS)
8	Chumbinho	800114	Região Sul
9	Chumbinho	800162	Região Sul
10	Chumbinho	840054	Sananduva (RS)
11	Chumbinho	830156	Caxambú do Sul (SC)
12	Chumbinho	830167	Palmitos (SC)
13	Chumbinho	830131	Coronel Freitas (SC)
14	Chumbinho	840885	Chalé (MG)
15	Chumbinho	840880	S. José do Mantimento (MG)
16	Chumbinho	840758	Manhumirim (MG)
17	Chumbinho	840831	Simonésia (MG)
18	Chumbinho	840844	Simonésia (MG)
19	Chumbinho	840850	Simonésia (MG)
20	Chumbinho	840859	Simonésia (MG)
21	Chumbinho	840872	Santa do Manhuaçu (MG)
22	Chumbinho	840878	S. José do Mantimento (MG)
23	Chumbinho	840049	Sananduva (RS)
24	Chumbinho (Testemunha)	-	-
Grupo Preto Taquara			
1	Taquara	800152	Região Sul
2	Taquara	830133	Coronel Freitas (SC)
3	Taquara	830139	Coronel Freitas (SC)
4	Taquara	830160	Caxambú do Sul (SC)
5	Taquara	830164	Caxambú do Sul (SC)
6	Taquara	830165	Caxambú do Sul (SC)
7	Taquara	830171	Palmitos (SC)
Grupo Diversos (Mamoninha)			
1	Mamoninha	840471	Barra do Mendes (BA)
2	Mamoninha	840535	Barra do Mendes (BA)
3	Mamoninha	840536	Barra do Mendes (BA)

(BAG-Feijão) do Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAF), da Embrapa, em Goiânia, Goiás.

Os acessos foram avaliados em julho de 1993, utilizando o delineamento experimental blocos casualizados com duas repetições, instalados em área de pesquisa do CNPAF. A semeadura foi feita manualmente em parcelas de três linhas de três metros de comprimento, distanciadas de 0,50m com uma densidade de 15 sementes por metro, ou seja, 135 plantas/parcela experimental. A adubação foi realizada de acordo com a análise do solo e os demais tratamentos culturais foram normais à boa condução da cultura, inclusive irrigação por aspersão convencional.

Anotaram-se dados referentes a dez caracteres, sendo oito morfológicos: altura da planta (ALT), número de nós do caule principal (NNCP), comprimento do folíolo central (CFC), largura do folíolo central (LFC), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), número de sementes por vagem (NSV) e peso de 100 sementes (P100) e dois fenológicos: floração (FLOR) e ciclo cultural (CI).

Procedeu-se a análise dos dados, submetendo-os a procedimentos multivariados. Para a identificação de descritores redundantes, foi utilizada a técnica de variáveis canônicas (Rao, 1952; Bock, 1975 e Ferreira, 1993), ou seja, os caracteres que apresentavam correlações significativas com, pelo menos, uma das primeiras variáveis canônicas capazes de explicar 80% da variação total observada, foram considerados importantes. Para a quantificação da divergência genética e do agrupamento dos acessos, com vistas à identificação de duplicidades, foi utilizado o método hierárquico aglomerativo do vizinho mais próximo, adotando como medida de dissimilaridade a distância generalizada (D^2) de Mahalanobis (Cruz, 1990; Ribeiro, 1993 e Fonseca, 1993).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo das análises de variâncias univariadas para os dez caracteres estudados, envolvendo os 34 acessos de feijão, é indicado na Tabela 2. Constatou-se elevada precisão experimental, medida através de coeficientes de variação (variação de 2,23% - largura da vagem até 7,52% - altura da planta). Desse modo, foi possível detectar pelo teste F, diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para quase todos os caracteres, com exceção apenas do ciclo cultural.

Através da análise de variância multivariada obteve-se o valor da estatística de Wilks $\Lambda = 7,77795$. Este valor é significa-

TABELA 2. Resumo das análises de variância univariadas de dez caracteres avaliados em trinta e quatro acessos de feijão. Goiânia-GO, 1993.

Caracteres	Quadrados médios			Média	CV%
	Blocos	Acessos	Erro		
ALT (cm)	15,821	59,952**	10,749	43,55	7,52
NNCP	8,612	2,750**	0,442	16,82	3,95
CFC (cm)	0,016	0,550*	0,258	9,62	5,28
LFC (cm)	0,308	0,299**	0,114	7,52	4,50
CV (cm)	0,116	4,262**	0,077	10,16	2,74
LV (mm)	0,016	0,168**	0,036	8,51	2,23
NSV	0,477	0,329**	0,092	6,54	4,67
P100 (g)	2,614	7,074**	0,503	17,54	4,04
FLOR (dias)	41,308	32,670**	4,520	43,93	4,84
CI (dias)	3,308	9,098	10,217	86,75	3,68

* e ** significativos pelo teste de t a 5% e 1%, respectivamente.

tivo ($P \leq 0,01$) com 340 e 672 graus de liberdade, indicando que houve variação global entre os acessos.

Os valores característicos da análise de variáveis canônicas, obtidos da matriz de correlação dos caracteres avaliados, revelaram que as duas primeiras foram suficientes para explicar 85,5% da variação observada (Tabela 3), sendo que a primeira, a mais importante de todas, explicou 72,6% e a segunda, 12,9%.

Os coeficientes de correlação entre os dez caracteres originais e as duas primeiras variáveis canônicas são observados na Tabela 4. Todos os caracteres foram significativos com pelo

menos uma dessas variáveis, indicando que não houve descritores redundantes, isto é, todos foram importantes na descrição dos acessos. É interessante salientarmos que o ciclo cultural, que não variou significativamente entre os acessos, pode ser considerado um caráter importante na avaliação da divergência genética entre os mesmos. É provável que este fato tenha ocorrido porque essa característica não é indiretamente representada por outras e que, quando avaliada em conjunto pela análise multivariada, evidencia a sua real contribuição para a descrição, tornando-se importante, mesmo não sendo significativa na análise univariada (Ferreira, 1993; Ribeiro, 1993 e Fonseca, 1993).

O fato de não terem sido identificados caracteres redundantes entre os dez estudados, é coerente com os dados apresentados por Oliveira (1989) e Fonseca (1993) mas, discorda dos resultados de Castineiras (1990) e Faria (1994).

Na análise de agrupamentos, obtiveram-se dendrogramas (método hierárquico aglomerativo do vizinho mais próximo) com base nas distâncias de Mahalanobis, para os três grupos de feijão estudados.

No grupo Chumbinho (Figura 1), composto de 24 acessos, a escala apresenta uma amplitude de 0,77, indicando uma divergência (intragrupo) maior do que nos demais, sendo possível formarem-se três subgrupos: os dois primeiros isolados formados pelos genótipos 3 e 2, os demais constituindo o terceiro conjunto.

No grupo preto Taquara (Figura 2), constituído de sete acessos, a amplitude da divergência foi pequena (0,20), sendo possível também formarem-se três subgrupos, o primeiro isolado formado pelo acesso 4; o segundo originado pelos acessos 5 e 1, e os demais acessos constituindo o terceiro subgrupo. Finalmente, no grupo Mamoinha (Figura 3), apenas dois subgrupos foram observados: o primeiro contendo apenas o acesso 2 e o outro, os demais.

Do exposto, pela análise multivariada somente oito amostras, ao invés de 34, deveriam ser conservadas no Banco de germoplasma. Contudo, há a possibilidade que alelos de importância dentro do grupo possam ser perdidos. Para evitar isso, sem causar maiores transtornos às atividades do Banco de germoplasma, a opção poderia ser a de fazer uma amostra composta, contendo representantes de todos os materiais coletados que foram agrupados na análise como similares. Em caso de necessidade do melhorista, durante a multiplicação desse material, poderia se identificar assim, possíveis variações úteis dentro de cada amostra. Este procedimento reduziria o custo de manutenção do Banco de germoplasma e aumentaria a eficiência no seu manuseio.

TABELA 3. Variâncias, variâncias percentuais e acumuladas das variáveis canônicas obtidas de dez caracteres avaliados em trinta e quatro acessos de feijão. Goiânia-GO, 1993.

Variáveis canônicas	Variância		
	Variáveis canônicas	Percentual	Percentual acumulada
1	93,68011	72,6	72,6
2	16,68942	12,9	85,5
3	6,79593	5,2	90,7
4	4,66740	3,6	94,3
5	2,40571	1,8	96,1
6	1,89405	1,4	97,5
7	1,32055	1,1	98,6
8	0,78686	0,7	99,3
9	0,38719	0,4	99,7
10	0,31222	0,3	100,0

TABELA 4. Coeficientes de correlação entre os dez caracteres originais e as duas principais variáveis canônicas. Goiânia-GO, 1993.

Caracteres originais	Variável canônica (1)	Variável canônica (2)
ALT	0,58169**	0,12516
NNCP	0,33029	0,84905**
CFC	0,35377*	-0,33692
LFC	0,07182	-0,39740*
CV	-0,99531**	0,03990
LV	0,69492**	0,05038
NSV	0,49979**	0,55577**
P100	-0,85909**	-0,32601
FLOR	-0,59936**	0,76649**
CI	0,78845**	0,03128

* e ** significativos pelo teste de t a 5% e 1%, respectivamente.

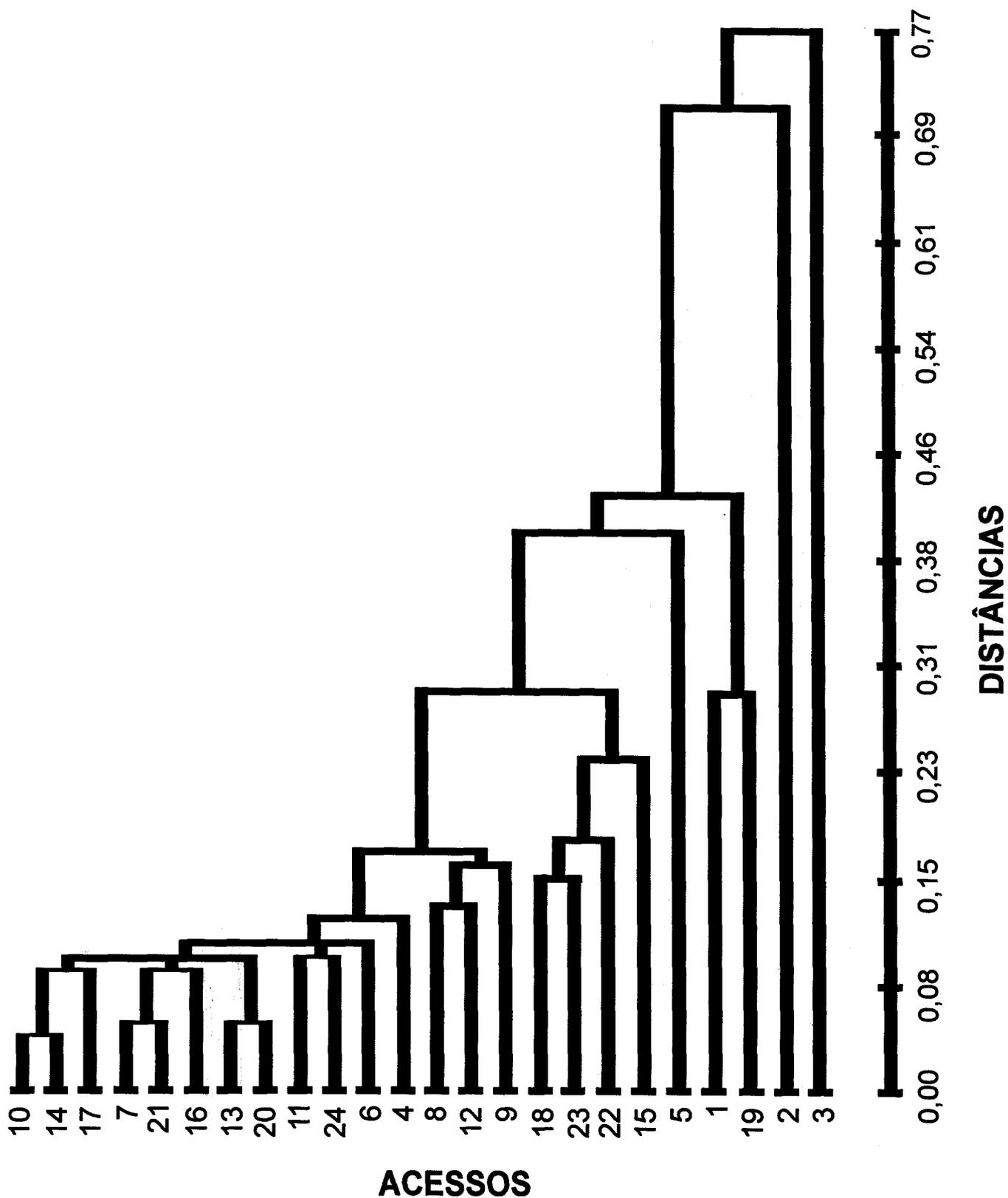


FIG. 1. Dendrograma obtido pelo método hierárquico aglomerativo do vizinho mais próximo com base nas distâncias de Mahalanobis, para os 24 acessos de feijão do grupo preto Chumbinho. Goiânia-GO, 1993.

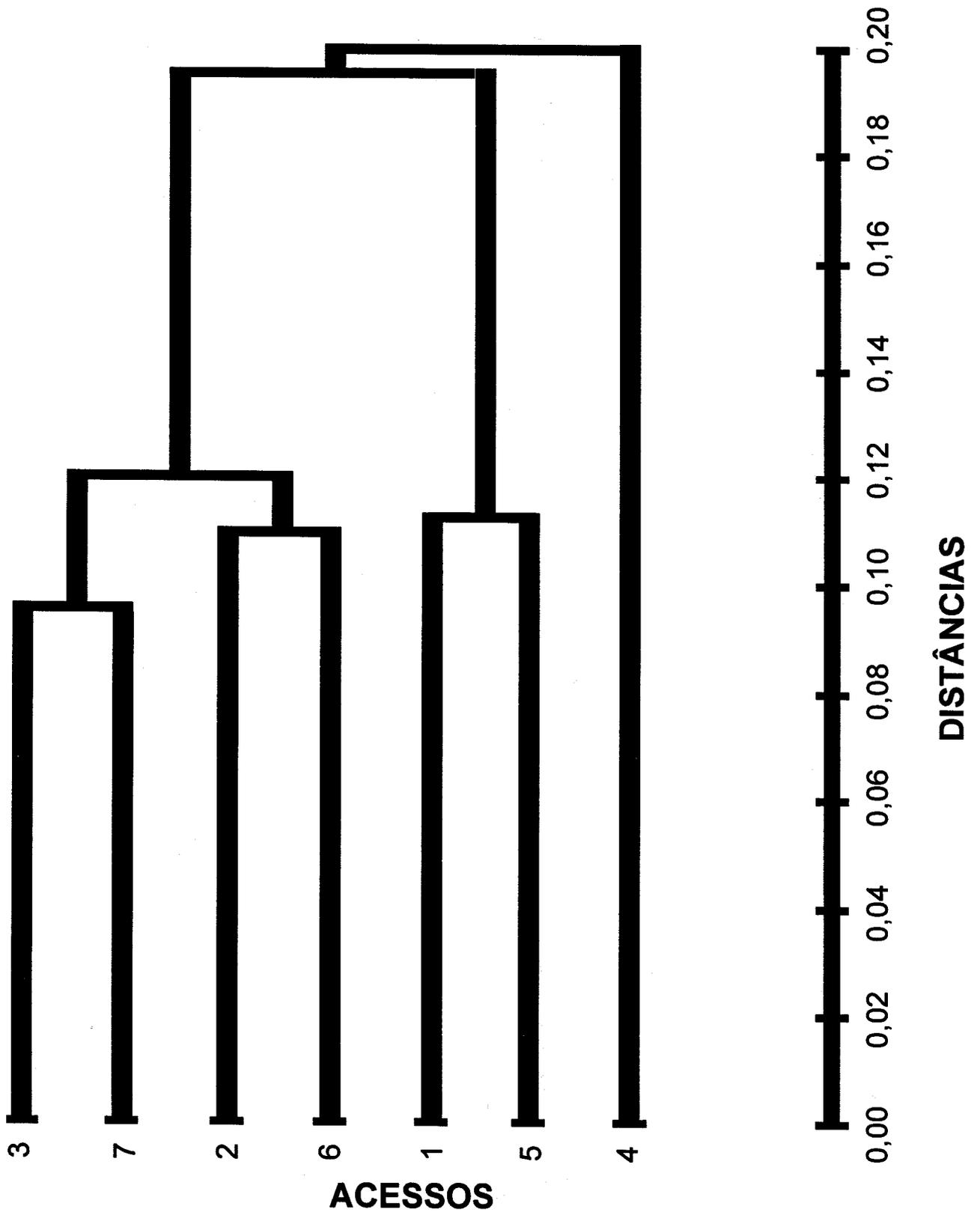


FIG. 2. Dendrograma obtido pelo método hierárquico aglomerativo do vizinho mais próximo com base nas distâncias de Mahalanobis, para os sete acessos de feijão do grupo preto Taquara. Goiânia-GO, 1993.

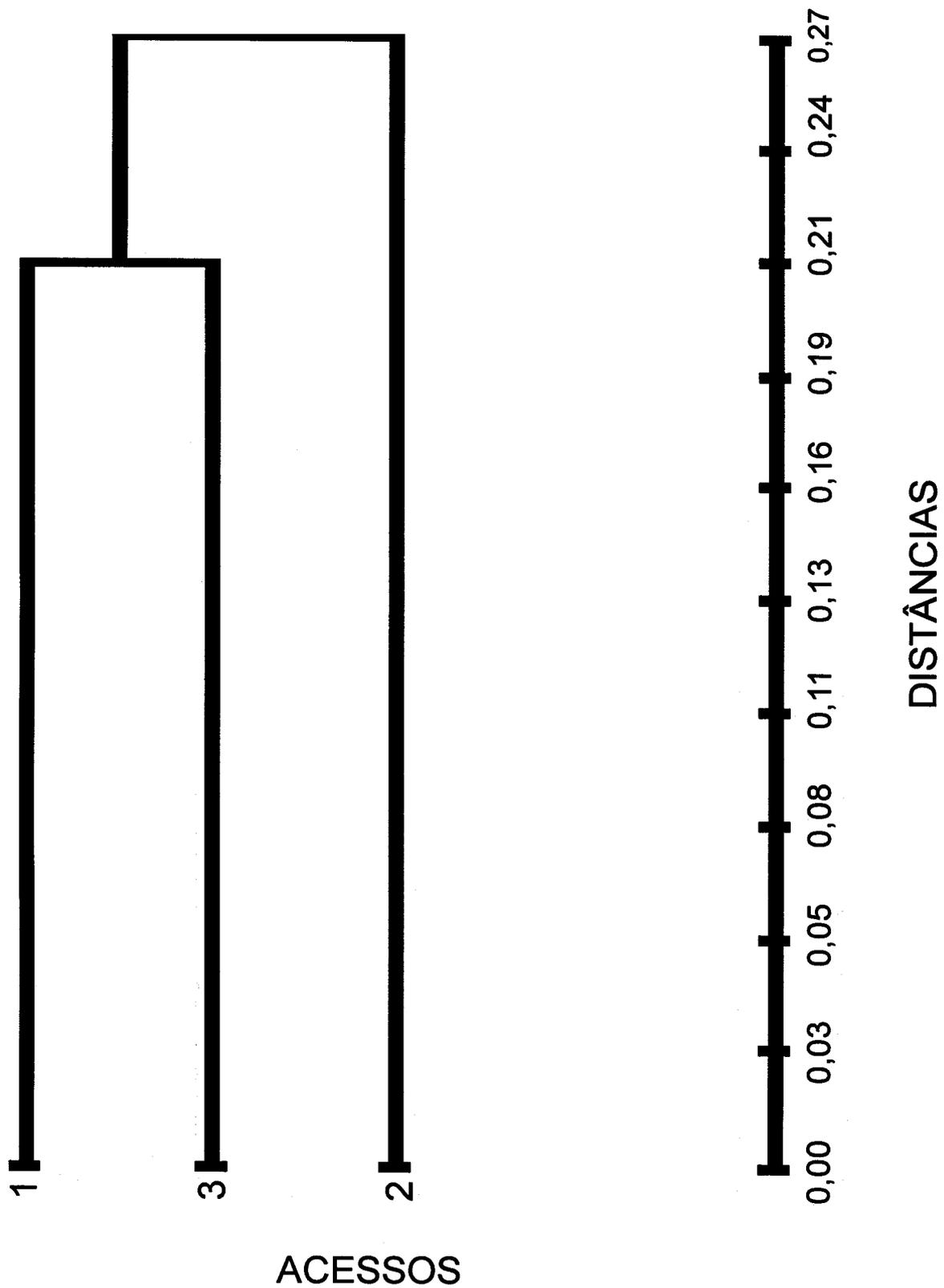


FIG: 3. Dendrograma obtido pelo método hierárquico aglomerativo do vizinho mais próximo base nas distâncias de Mahalanobis, para os três acessos de feijão do grupo Mamo Goiânia-GO, 1993.

CONCLUSÕES

- Utilizando medidas de divergência genética, foi possível identificar acessos de feijão similares dos grupos Preto e Mamoninha, conservados na coleção do BAG/Embrapa Arroz e Feijão;

- por meio da técnica de variáveis canônicas, todos os dez descritores agrônômicos e fenológicos analisados mostraram-se importantes para a descrição do germoplasma.

REFERÊNCIAS

- BOCK, R.D. **Multivariate statistical methods in behavioral research**. New York: McGraw-Hill, 1975. 623p.
- BRONDANI, C. **Análise de RFLP da tolerância à toxidez do alumínio**. Lavras: ESAL, 1993. 78p. (Tese Mestrado).
- CASTINEIRAS, L. **Análisis de descriptores del frijol común (*Phaseolus vulgaris*) mediante métodos multivariados. Ciencia de la Agricultura**. Hawana. v.39, p.54-59. 1990.
- CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba: ESALQ, 1990. 188p. (Tese Doutorado).
- FARIA, L.C. de. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre populações de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo mulatinho**. Goiânia: UFG, 1994. 80p. (Tese Mestrado).
- FERREIRA, D.F. **Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos**. Lavras: ESAL, 1993. 72p. (Tese Mestrado).
- FONSECA, J.R. **Emprego da análise multivariada na caracterização de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Lavras: ESAL, 1993. 123p. (Tese Doutorado).
- MALUF, W.R. **Perspectivas da aplicação da biologia molecular no melhoramento de plantas: o uso dos RFLPs**. In: TORRES, A.C. & CALDAS, L.S. **Técnicas e aplicações da cultura de tecidos de plantas**. Brasília: Embrapa-CNPq, 1990. p.381-389.
- MIKLAS, P. & KELLY, J. **Identifying bean DNA polymorphisms using the polymerase chain reaction**. In: REPORT OF THE BEAN IMPROVEMENT COOPERATIVE, 35. **Anais**. Fort Collins, 1992. p.21-22.
- OLIVEIRA, E.J. de. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Viçosa: UFV, 1989. 91p. (Tese Mestrado).
- PEETERS, J.P. & MARTINELLI, J.A. **Hierarchical cluster analysis as a tool to manage variation in germplasm collection. Theoretical and Applied Genetics**, Berlin. v.78, n.1, p.42-48. 1989.
- PEREIRA, A.V. **Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Krantz)**. Piracicaba: ESALQ, 1989. 180p. (Tese Doutorado).
- RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometrics research**. New York: John Wiley & Sons, 1952. 390p.
- RIBEIRO, F.E. **Divergência genética entre populações de coqueiro gigante (*Cocos nucifera* L.) do Brasil**. Lavras: ESAL, 1993. 84p. (Tese Mestrado).