

Potencial e divergência genética em populações avançadas de feijão

Potential and genetic divergence in advanced common bean populations

**Haroldo Tavares Elias¹, Rogério Luiz Backes², Gilcimar Adriano Vogt³,
Luiz Fernando Pacassa⁴, Giseli Valentini⁵**

Recebido em 25/06/2007; aprovado em 11/07/2008.

RESUMO

O sucesso da seleção como método de melhoramento de plantas depende da existência de divergência genética. O objetivo deste trabalho foi avaliar o nível de divergência genética existente entre 24 genótipos de feijão, sendo 22 populações F₅ do Programa de Melhoramento Genético de Feijão da Epagri/Cepaf. O experimento foi conduzido no delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. A divergência genética entre oito caracteres de importância agrônômica foi estimada pela distância generalizada de Mahalanobis e os genótipos foram agrupados pelo método de Tocher e vizinho mais próximo. Identificaram-se como mais promissoras as populações CHP 97-05 e CHP 97-08-21. Estas populações devem ser conduzidas para a extração de novas linhagens, bem como poderão ser utilizadas em cruzamentos com outras populações identificadas como divergentes e complementares em caracteres agrônômicos.

PALAVRAS CHAVE: *Phaseolus vulgaris*, variabilidade, dissimilaridade genética.

SUMMARY

The selection success in a breeding program depends on the existence of genetic variability. The objective

of this work was to evaluate the level of genetic divergence among 24 common bean genotypes, being 22 F₅ populations of the Common Beans Genetic Breeding Program of Epagri/Cepaf. Treatments were arranged in complete randomized blocks with four replications. The genetic divergence of eight agronomical important traits was estimated by the generalized distance of Mahalanobis. The genotypes were grouped by the method of Tocher and next neighbor. Populations CHP 97-05 and CHP 97-08-21 were identified as the most promising. They will be further evaluated to obtain new lines. These two populations can also be crossed with populations identified as divergent and complementary in agronomic traits.

KEY WORDS: *Phaseolus vulgaris*, variability, genetic dissimilarity.

INTRODUÇÃO

O melhoramento genético pode contribuir para a sustentabilidade da cadeia produtiva do feijão, disponibilizando cultivares que atendam as necessidades dos produtores e consumidores. Assim, o Programa de Melhoramento Genético de Feijão da Epagri vem avaliando genótipos de diferentes origens em diversas condições ambientais. São realizados ensaios de safra (águas) e

¹ Eng. Agr., Dr, Pesquisador - Epagri/Cepaf – Centro de Pesquisa para Agricultura Familiar, C.P. 791, 89.801-970 Chapecó/SC. E-mail: htelias@epagri.sc.gov.br.

² Eng. Agr. D.S., Pesquisador – Epagri/Estação Experimental de Canoinhas, C.P. 216, 89.460-000 Canoinhas/SC. E-mail: backes@epagri.sc.gov.br.

³ Eng. Agr., M.Sc., Pesquisador - Epagri/Cepaf – Centro de Pesquisa para Agricultura Familiar, C.P. 791, 89.801-970 Chapecó/SC. E-mail: gilcimar@epagri.sc.gov.br.

⁴ Eng. Agr., Projeto Microbacias Saltinho. E-mail: emasaltinho@epagri.sc.gov.br.

⁵ Acadêmica do Curso de Agronomia/Unochapecó, Estagiária na Epagri/Cepaf. E-mail: giseli.v@unochapeco.edu.br.

safrinha (seca), buscando identificar genótipos de alta produtividade, estáveis e de boa qualidade de grãos, com resistência às principais doenças e porte ereto (HEMP et al., 2006). Quanto à produtividade, Elias et al., (1999) verificaram ganhos genéticos de 1,21% ao ano entre as cultivares recomendados para Santa Catarina, no período de 1979 a 1999, mostrando a significativa contribuição dos programas de melhoramento desta cultura no Estado.

O melhoramento genético do feijão está pautado na seleção, que só é eficiente como método de melhoramento quando recai sobre variabilidade de causas genéticas (CRUZ et al., 2004). Nas populações segregantes que apresentam variabilidade genética, são selecionados indivíduos com caracteres desejáveis de acordo com os objetivos propostos, dessa forma, obtém-se novas linhagens que devem ser adaptadas às condições edafoclimáticas, de forma que possam expressar melhor o desempenho produtivo. Portanto, o desafio é selecionar genitores que combinados darão origem a populações segregantes de alta divergência genética, com alta probabilidade de aparecimento de transgressivos e que apresentem características agronômicas favoráveis (CRUZ e CARNEIRO, 2003; CRUZ et al., 2004; THOMPSON e NELSON, 1998).

A divergência genética pode ser estimada com base em diferentes técnicas multivariadas, conforme apresentado por Cruz e Carneiro (2003) e Cruz et al. (2004). Para tanto, diversos caracteres podem ser utilizados na estimação da diversidade genética, como bioquímicos, moleculares, morfológicos e agronômicos (MIRANDA et al., 2001).

A partir de dados obtidos pela avaliação fenotípica pode-se estimar as distâncias genéticas, inicialmente por técnicas multivariadas, como componentes principais e análise canônica, e avaliar a dissimilaridade dos indivíduos por intermédio de dispersões gráficas dos escores obtidos. Outra opção é estimar uma medida de dissimilaridade entre os indivíduos e, na seqüência, aplicar técnicas de agrupamento sobre as medidas de distância, formando grupos de dissimilaridade (CRUZ et al., 2004; PEREIRA e CRUZ, 2003).

Neste sentido, o objetivo do presente trabalho

foi avaliar o potencial agronômico de 22 populações F_5 de feijão, indicar as populações mais promissoras para a seleção de linhagens e conhecer a divergência genética entre as populações segregantes para subsidiar a escolha de genitores para nova hibridação.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas 22 populações avançadas de feijão preto, geração F_5 , além de duas testemunhas. Vinte das populações avaliadas foram obtidas por meio de hibridações realizadas na Epagri/Programa de Melhoramento Genético de Feijão (Tabela 1), conduzidas pelo método de melhoramento “bulk”, com seleção de famílias a partir de F_4 . Duas populações foram introduzidas a partir do CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical) e duas testemunhas (TPS Nobre e IPR Uirapuru), ambas amplamente aceitas e cultivadas em todo o Estado de Santa Catarina, tanto nos cultivos de safra como de safrinha, apresentando bons níveis de produtividade e boa estabilidade (BACKES et al., 2005; HEMP, et al., 2006).

O experimento foi conduzido na safrinha de 2005 (28/01/2005), no Centro de Pesquisa para Agricultura Familiar, em Chapecó/SC. O delineamento experimental foi de blocos casualizados, com quatro repetições. A parcela foi constituída de quatro fileiras de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,45m, sendo para efeito de avaliação consideradas as duas fileiras centrais. A área útil foi de 3,6 m².

A semeadura foi no sistema de plantio direto, sobre resteva de nabo forrageiro. A adubação foi realizada com base na análise química do solo, seguindo as recomendações da ROLAS. O manejo de insetos e plantas daninhas foi realizado por meio químico, entretanto não foi realizado controle de doenças.

As características avaliadas no campo foram: número de dias para a floração (DPF); porte, por meio de notas de 1 (plantas de porte ereto, inserção da primeira ramificação elevada, e vagens que não encostam no solo) a 5 (plantas prostradas, vagens encostando no solo e presença de guias longas), conforme escala do CIAT (1987); altura da planta (ALT), em cm do solo à última guia; altura de inserção

Tabela 1 – Origem das populações e das cultivares avaliados

Genótipos	Origem	Genótipos	Origem
CHP-97-05	Pérola/TPS Nobre	CHP-97-05-16	Pérola/TPS Nobre
CHP-97-19	Rio Negro/A226	CHP-97-06-11	Pérola/CI 967
CHP-98-31	Diamante Negro/Empasc 201	CHP-97-08-09	Rudá/TPS Nobre
CHP-98-45	TPS Nobre/Macanudo	CHP-97-08-15	Rudá/TPS Nobre
CHP-98-60	Cruzamento natural em Iapar 44	CHP-97-08-21	Rudá/TPS Nobre
CHP-98-63	Seleção de Plantas B5	CHP-97-12-26	CI 9661/Iapar 44
CHP-99-66	TF4/Diamante Negro	CHP-97-13-08	CI 9661/TPS Nobre
CHP-00-139	Preto Iraceminha/Preto Capema	CHP-97-14-16	CI 9661/CI967/2 v
CHP-97-02-25	TPS Nobre/Iapar 44	CHP-97-14-29	CI 9661/CI967/2 v
CHP-97-04-09	Rudá/CI967	MN 13348	CIAT
CHP-97-04-27	Rudá/CI967	MN 13337	CIAT
TPS Nobre ^{1/}	FT 120/FT 84-1806//FT 84-424	IPR Uirapuru ^{2/}	Iapar BAC 29/PR1711///Nep 2//Puebla 173/Icapijao

^{1/} Obtentor: Terassawa Produção de Sementes.

^{2/} Obtentor: IAPAR (Instituto Agronômico do Paraná).

da primeira vagem (A1V), em cm do solo à primeira vagem.

Após a colheita avaliou-se: número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), peso de mil grãos (PMG) e produtividade (PRO) em kg/ha⁻¹.

Os dados foram submetidos à análise de variância e quando detectada diferença significativa entre tratamentos, realizou-se o teste de Scott-knott a 5% de probabilidade. Para avaliação da divergência genética, estimou-se inicialmente a distância generalizada de Mahalanobis (D²) a partir dos dados transformados. Tomando como base (D²), os genótipos foram agrupados pelo método de Tocher, conforme procedimentos detalhados por Cruz et al., 2004. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa GENES (CRUZ, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância individual revelou a existência de diferenças significativas entre todos os caracteres avaliados, à exceção de número de

grãos por vagem (Tabela 2). Este resultado evidencia a presença de divergência genética entre os genótipos avaliados. Como os tratamentos foram compostos por populações e por testemunhas, a soma de quadrado foi decomposta em soma de quadrados para populações, testemunhas e contraste entre populações e testemunhas. Detectou-se divergência entre populações quanto ao ciclo, altura de planta, altura de inserção da 1ª vagem, número de vagens por planta, peso de mil grãos e produtividade. Já as duas testemunhas diferiram entre si apenas quanto à altura de planta, número de vagens por planta e peso de mil grãos (Tabela 2).

O contraste entre a média das populações e das testemunhas evidenciou diferença significativa para três características. As cultivares utilizadas como testemunhas apresentaram melhor nota quanto ao porte, menor altura de planta, e também menor número de vagens por planta (Tabela 2).

Os coeficientes de variação oscilaram de 2,6% (DPF) a 19,8% (NVP), demonstrando a boa precisão do experimento (Tabela 2). Os coeficientes de variação foram semelhantes aos obtidos por Benin et al. (2002) e inferiores aos obtidos por Ribeiro e

Tabela 2 - Resumo da análise de variância de oito caracteres avaliados em 22 populações e duas cultivares de feijão do grupo preto. Chapecó, 2005.

Características ^{1/}	Quadrados médios ^{2/}							
	TRAT	Populações	Testemunhas	P vs. T	Resíduo	Média		
	(GL = 23)	(P) (GL = 21)	(T) (GL = 1)	(GL = 1)	(GL = 69)	P	T	CV%
DPF	3,06*	3,32*	0,13	0,64	0,94	37,07	37,38	2,61
Porte	0,19*	0,17	0,36	0,49*	0,09	2,67	2,41	11,09
ALT	347,82*	329,80*	926,65*	147,30*	32,01	78,37	73,89	7,25
A1V	16,80*	17,66*	0,08	0,01	6,00	22,36	22,33	10,96
NVP	7,00*	5,97*	20,80*	14,82*	3,40	9,43	8,01	19,80
NGV	0,28	0,29	0,25	0,08	0,25	4,92	4,81	10,21
PMG	615,10*	608,71*	1200,50*	163,88	115,59	184,48	179,75	5,84
PRO	80588,30*	84886,89*	52413,75	18492,39	30365,58	1223,33	1173,11	14,29

^{1/} DPF = número de dias para a floração; ALT = altura de planta; A1V = altura de inserção da 1ª vagem; NVP = número de vagens por planta; NGV = número de grãos por vagem; PMG = peso de mil grãos; PRO = produtividade de grãos.

^{2/} * = Quadrados médios significativos pelo teste F, ao nível de 5% de probabilidade do erro.

Storck (2003).

Os tratamentos avaliados formaram dois grupos quanto ao ciclo e, conforme o esperado (Tabela 2), há diferenças entre as populações quanto a esta característica (Tabela 3). Essas diferenças, apesar de serem pequenas, contribuíram no sentido da discriminação das diferenças genéticas existentes. Já quanto ao porte, apesar da significância do quadrado médio, todos os tratamentos formaram um único grupo pelo teste de Scott Knott (Tabela 3).

Quanto à altura de planta, os tratamentos formaram três grupos. Um primeiro grupo, de plantas mais altas (>87,9cm), constituído exclusivamente de populações. O segundo grupo foi composto de plantas com altura intermediária (77,8 a 84,9cm), onde se inclui a cultivar TPS Nobre. As plantas de menor porte (63,1 a 75,8 cm) formaram outro grupo, onde esta incluída a cultivar IPR Uirapuru (Tabela 3). Destaca-se que apesar da detecção de variação entre populações quanto à altura de planta, isto não se refletiu em diferenças quanto as notas de porte, o que é justificado pela maior influência de fatores ambientais sobre esta característica, comparativamente à altura (Tabela 2). Observou-se ainda que existe variabilidade quanto à altura de inserção da primeira vagem, e que há algumas populações que apesar da menor altura de planta apresentam inserção de vagens alta (CHP 98-31,

CHP 97-05-16 e CHP 00-139), conforme apresentado na Tabela 3.

Foram formados dois grupos para número de vagens por planta, o primeiro de plantas com mais de 9,6 vagens por planta; grupo que incluiu TPS Nobre. O outro grupo, com menos de 9,1 vagens por planta, inclui a cultivar IPR Uirapuru. Para peso de mil grãos, houve a formação de três grupos (Tabela 3).

A produtividade variou de 1468,3 kg.ha⁻¹ (CHP 97-05) a 946,7 kg.ha⁻¹ (CHP 97-12-26), sendo os tratamentos subdivididos em dois grupos (Tabela 3). A análise de variância, não detectou diferença significativa entre as testemunhas quanto à produtividade (Tabela 2), entretanto, essas integram grupos distintos, segundo o teste de Scott Knott (Tabela 3). Neste experimento, TPS Nobre superou a IPR Uirapuru em produtividade, entretanto, Backes et al., (2005) analisando a média de dez experimentos no Estado de Santa Catarina, e Hemp et al., (2006) avaliando três ensaios de safrinha em Chapecó verificaram o contrário.

Com base na distância generalizada de Mahalanobis, os genótipos foram agrupados pelo método de Tocher (CRUZ et al., 2004), de forma que as médias de dissimilaridade dentro do grupo são inferiores às distâncias medias entre grupos. Com esta metodologia obteve-se 12 grupos, dos quais cinco foram constituídos por indivíduos únicos (Tabela 3).

Tabela 3 - Grupos de similaridade estabelecidos pelo método de Tocher, e comparação de médias para os caracteres número de dias para a floração (DPF), porte, altura de planta (ALP), altura inserção da 1ª vagem (AIV), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), peso de mil grãos (PMG), produtividade de grãos (PRO) de 22 populações e duas cultivares de feijão do grupo preto. Chapecó, 2005.

Genótipo	Grupos (Tocher)	Caracteres ^{1/}															
		DPF (dias)		PORTE (nota)		ALP (cm)		AIV (cm)		NVP		NGV		PMG (g)		PRO (kg ha ⁻¹)	
CHP 98-45	1	35,5	b	2,4	a	71,2	c	22,1	b	8,5	b	4,7	a	183,0	b	1286,7	a
CHP 97-12-26	1	37,0	b	2,6	a	75,8	c	20,8	b	8,7	b	5,2	a	178,0	b	946,9	b
CHP 97-02-25	2	38,3	a	2,4	a	70,7	c	20,9	b	9,8	a	5,3	a	159,5	c	1322,8	a
CHP 97-04-09	2	37,5	a	2,6	a	67,9	c	19,0	b	10,0	a	5,2	a	160,0	c	1351,1	a
MN 13337	2	36,8	b	2,7	a	82,1	b	20,8	b	10,3	a	4,9	a	189,0	a	1157,9	b
CHP 98-60	3	36,0	b	2,9	a	84,9	b	23,8	a	10,5	a	5,4	a	182,0	b	1308,8	a
CHP 98-63	3	37,5	a	2,7	a	81,5	b	24,6	a	10,7	a	4,7	a	180,0	b	1047,5	b
CHP 97-14-29	3	36,8	b	2,6	a	70,6	c	19,8	b	8,9	b	5,1	a	201,5	a	1187,2	b
CHP 98-31	4	37,0	b	2,5	a	70,6	c	24,2	a	8,3	b	4,6	a	199,5	a	1416,3	a
CHP 99-66	4	36,5	b	2,6	a	77,8	b	24,4	a	7,5	b	4,9	a	195,5	a	1099,4	b
CHP 97-04-27	4	37,5	a	3,0	a	91,1	a	23,3	a	10,1	a	4,9	a	174,5	b	1150,9	b
CHP 97-14-16	4	38,3	a	2,7	a	68,3	c	22,0	b	8,6	b	5,2	a	197,0	a	1200,0	b
CHP 97-05-16	5	36,8	b	2,2	a	68,3	c	23,3	a	9,1	b	4,6	a	190,0	a	1364,5	a
CHP 97-06-11	5	38,0	a	2,8	a	91,9	a	21,3	b	9,8	a	5,1	a	177,5	b	1053,9	b
CHP 00-139	6	35,3	b	2,6	a	67,4	c	26,2	a	7,6	b	4,7	a	178,5	b	1086,4	b
TPS Nobre	6	37,5	a	2,7	a	84,7	b	22,2	b	9,6	a	5,0	a	167,5	c	1254,1	a
CHP 97-19	7	36,3	b	2,7	a	84,1	b	21,7	b	10,7	a	4,5	a	183,5	b	1220,7	b
CHP 97-08-09	7	36,5	b	2,9	a	87,9	a	22,2	b	10,0	a	4,8	a	189,0	a	1210,0	b
CHP 97-08-21	7	38,5	a	2,7	a	78,6	b	20,1	b	12,4	a	5,2	a	183,5	b	1440,3	a
CHP 97-05	8	37,5	a	2,8	a	84,8	b	24,8	a	9,7	a	4,9	a	197,5	a	1468,3	a
CHP 97-13-08	9	36,5	b	2,6	a	66,3	c	18,6	b	7,9	b	4,8	a	195,0	a	1273,9	a
MN 13348	10	38,3	a	2,9	a	92,7	a	23,0	a	8,1	b	4,4	a	199,0	a	1320,5	a
IPR Urupuru	11	37,5	a	2,2	a	63,1	c	22,4	b	6,4	b	4,6	a	192,0	a	1092,2	b
CHP 97-08-15	12	38,5	a	3,1	a	89,9	a	25,4	a	10,3	a	5,1	a	165,5	c	999,4	b

^{1/} Médias seguidas de mesma letra foram agrupadas pelo teste de Scott Knott (5%).

Destaca-se que, TPS Nobre que é parental de oito das 22 populações avaliadas, não foi agrupado junto a estes. O não agrupamento do genitor com as populações descendentes se deve, inicialmente, à recombinação e conseqüente formação de transgressivos, que via seleção originaram populações com características divergentes dos genitores.

Os genótipos reunidos em grupos distintos são mais dissimilares. De forma que a combinação via cruzamento entre genótipos de grupos distintos é a estratégia mais apropriada no sentido de buscar

ampla variabilidade na população não avançada (FALCONER, 1987; BENIN et al., 2002; MACHADO et al., 2002; CRUZ et al., 2004).

Entretanto, como um dos objetivos é aumentar a produtividade, a definição dos cruzamentos a serem realizados, deve combinar o critério da dissimilaridade com a performance dos candidatos. Assim, os genitores devem ter boa performance “per se”, serem geneticamente divergentes e, preferencialmente, apresentarem complementaridade quanto a caracteres importantes.

Tabela 4 – Cruzamentos recomendados considerando a dissimilaridade genética, o desempenho “per se”, e a complementariedade das populações. Chapecó, 2005.

Cruzamentos recomendados			
CHP 97-05	vs.	CHP 97-08-21	CHP 97-08-21 vs. CHP 98-31
		CHP 97-02-25	CHP 97-05-16
		CHP 97-04-09	CHP 97-04-09
			CHP 97-02-25
			CHP 97-13-08

Com base nos resultados de dissimilaridade, adotou-se o critério de considerar simultaneamente os dois métodos de agrupamento. Assim, recomenda-se o cruzamento de CHP 97-05 com CHP 97-08-21 (Tabela 4), genótipos alocados em grupos distintos pela metodologia de agrupamento TOCHER, ambos de alta produtividade, complementares quanto ao número de vagens por planta e ao peso de mil grãos (Tabela 3). Essa recomendação contrasta inicialmente com a análise da genealogia (Tabela 1), pois TPS Nobre é genitor nas duas populações, além disso, a cultivar Carioca é ancestral de Pérola e Rudá que também são genitores das referidas populações (RIBEIRO et al., 2003). Dessa forma, a combinação sugerida é, em última instância, uma recombinação em que deve predominar a herança de genes das cultivares TPS Nobre e Carioca. Destaca-se que as populações em avaliação, bem como os genitores (Pérola e Rudá) são resultantes de recombinações submetidas a processos de seleção, buscando aumentar a frequência de genes favoráveis, justificando assim a recomendação do cruzamento de CHP 97-05 e CHP 97-08-21.

As demais combinações recomendadas são apresentadas na Tabela 4. A população CHP 97-05 também pode ser combinada com CHP 97-02-25 e CHP 97-04-09 que se destacam pelo melhor porte de planta (altura e altura de inserção de 1ª vagem, e pelo número de grãos por vagens superior as testemunhas (Tabela 3).

Para cruzamento com CHP 97-08-21, foram indicadas as populações CHP 98-31, CHP 97-05-16 e CHP 97-13-08 (Tabela 4), as quais aliam níveis satisfatórios de produtividade e são complementares a CHP 97-08-21 quanto ao peso de mil grãos.

Enquanto CHP 97-02-25 e CHP 97-04-09 são divergentes de CHP 97-08-21 e o complementam quanto à altura de planta (Tabela 3).

CONCLUSÕES

A divergência genética entre as populações avançadas permitiu a recomendação de cruzamentos entre populações divergentes.

As populações com maior variabilidade genética (CHP 97-05 e CHP 97-08-21) apresentam potencial para seleção de novas linhagens e combinação com outras populações, divergentes e complementares.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BACKES, R.L. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro no Estado de Santa Catarina. **Revista Acta Scientiarum Agronomy**. Maringá, v.27:309-314. 2005.
- BENIN, G. et al. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro preto comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo Preto. **Revista Brasileira Agrociência**, Pelotas, v.8, n.3, p.179-184, 2002.
- CIAT – Centro Internacional de Agricultura Tropical. **Sistema Standar para la evaluación de germoplasma de frijol**. Aart van Schoonhoven y Marcial A. Pastor - Corrales. Cali, Colômbia, 1987. 56 p.
- CRUZ, C.D. Programa Genes: **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, Editora UFV, 2001. 648p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos**

biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volume 2. Viçosa: Editora UFV. 2003. 585p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** - Volume I. 3.ed. Viçosa: Editora UFV. 2004. 480p.

ELIAS, H.T.; HEMP, S.; FLESCHE, R.D. Ganho genético na produtividade das cultivares de feijão recomendadas para Santa Catarina – 1979/1999. In: Reunião Nacional de Pesquisa de Feijão, 6., 1999, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Embrapa, 1999. p.373-375.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa.** Viçosa: UFV, 1987. 279p.

HEMP, S. et al. Feijão. In: **Epagri. Avaliação de cultivares para o Estado de Santa Catarina 2006/2007.** Florianópolis, 2006. p.75-83. Boletim Técnico, 128.

MACHADO, F.C. et al. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.32, n.2, p.251-258, 2002.

MIRANDA, G.V. et al. Genetic diversity among elite brazilian soybean cultivars with narrow genetic base. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.1, n.2, p.115-123, 2001.

PEREIRA, J.J.; CRUZ, C.D. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da diversidade genética de cultivares de arroz. **Revista Ceres**, Viçosa, v.50, n.287, p.41-60, 2003.

RIBEIRO, N.D.; STORCK, L. Genitores potenciais para hibridação identificados por divergência genética em feijão carioca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.3, p.413-421, 2003.

RIBEIRO, N.D.; POSSEBON, S.B.; STROSCHEIN, M.R.D. Dissimilaridade genética entre linhagens avançadas de feijoeiro. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.9, n. 1, p.25-29, 2003.

THOMPSON, J.A., NELSON, R.L. Utilization of diverse germoplasm for soybean yield improvement. **Crop Science**, Madison, v.38, p.1362-1368, 1998.