

MARILENE SANTOS DE LIMA

**CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA, CULINÁRIA E DE RAÍZES
DE GENÓTIPOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE FEIJÃO DA UFV**

Tese apresentada à Universidade Federal
de Viçosa, como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia,
para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2010

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

L732c
2010

Lima, Marilene Santos de, 1977-

Caracterização morfoagronômica, culinária e de raízes de
genótipos do banco de germoplasma de feijão da UFV /
Marilene Santos de Lima. – Viçosa, MG, 2010.
xi, 62f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Orientador : José Eustáquio de Souza Carneiro.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Feijão - Genética. 2. Feijão - Raízes - Qualidade.
3. Feijão - Qualidade. 4. Culinária (Feijão). 5. Germoplasma
vegetal - Recursos. I. Universidade Federal de Viçosa.
II. Título.

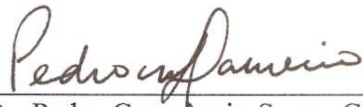
CDD 22. ed. 635.652

MARILENE SANTOS DE LIMA

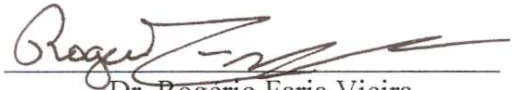
**CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA, CULINÁRIA E DE RAÍZES
DE GENÓTIPOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE FEIJÃO DA UFV**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 16 de dezembro de 2010.



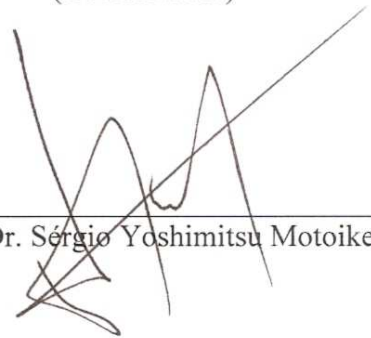
Prof. Dr. Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Coorientador)



Dr. Rogério Faria Vieira
(Coorientador)



Dr. Newton Deniz Piovesan



Prof. Dr. Sérgio Yoshimitsu Motoike



Prof. Dr. José Eustáquio de Souza Carneiro
(Orientador)

*Ao meu pai, Luiz Pereira de Lima (**in memoriam**), a quem devo tudo que sou, pelo grande amor, pelo carinho e pela dedicação.*

Aos meus irmãos e sobrinhos, representados por Eivelton de Souza Lima, pelo amor, apoio e por estarem sempre presentes em todos os momentos da minha vida.

Ao Carlos Roberto Lima, a quem tanto amo, pelo carinho, pelo cuidado e por fazer parte da minha vida.

Aos amigos, que sempre me incentivaram e me apoiaram.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me fortalecer nos momentos difíceis e por todas as outras coisas que bondosamente tem me oferecido, principalmente pela realização desse trabalho.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Departamento de Fitotecnia, pela oportunidade de participar do Programa de Pós-Graduação, em nível de Doutorado.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa Científica (CNPq), pela concessão da bolsa de estudo e à Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (Fapemig), pelo apoio financeiro ao projeto de pesquisa.

Ao meu orientador, professor José Eustáquio de Souza Carneiro, pela orientação, pelo apoio, pela compreensão e, sobretudo, pelos conhecimentos transmitidos. Seu exemplo de profissionalismo e integridade será sempre fonte de referência para minha vida profissional.

Ao professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro, pela coorientação, pela amizade, pelos ensinamentos, pelas críticas e sugestões, que muito contribuíram para melhoria deste trabalho.

Ao professor Paulo Roberto Cecon, pela coorientação e valiosa ajuda nas análises estatísticas.

Ao Dr. Rogério Faria Vieira, pela coorientação, pela imensurável ajuda e pelas sugestões na elaboração desse trabalho.

Ao corpo docente da Universidade Federal de Viçosa (UFV), pelos conhecimentos transmitidos no decorrer do curso.

Aos meus pais, Luiz Pereira de Lima (*in memoriam*) e Maria Santos de Lima, que me deram a vida e me ensinaram a vivê-la com dignidade.

Aos meus irmãos, pelo apoio, encorajamento e por tantas vezes terem suportado minha ausência para que eu pudesse concluir esse trabalho.

À família Granzinoli, especialmente à Lourdes, Leiza e Wanda, pelo carinho, pelo acolhimento, pelo apoio e pela agradável convivência.

Ao Carlos Roberto Lima, pelo amor, companheirismo, incentivo e por compartilhar todos os momentos alegres e difíceis no decorrer do curso.

Aos amigos, Lêlisângela C. da Silva e Roseli Pinheiro, pelas alegrias e tristezas compartilhadas, pelo apoio e incentivo constante. Enfim, pela preciosa amizade.

Aos amigos, Sebastião Elviro de Araújo Neto e Regina Lúcia Ferreira, pela amizade sincera, pelo incentivo e apoio durante toda minha vida acadêmica.

A todos os funcionários da Agronomia e da estação experimental de Coimbra, em especial ao Gilberto, pelo incentivo constante e pela contribuição na condução e coleta de dados desse estudo.

Aos colegas do Programa Feijão, pela amizade, pelos momentos de descontração, que tornaram o trabalho agradável e pela ajuda na condução dos experimentos.

A todos que, direta e indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho, meus sinceros agradecimentos e reconhecimento.

MUITO OBRIGADA!

BIOGRAFIA

MARILENE SANTOS DE LIMA, filha de Luiz Pereira de Lima e de Maria Santos de Lima, nasceu em Pauní, Estado do Amazonas, em 26 de julho de 1977.

Em março de 2000, ingressou no curso de graduação em Engenharia Agrônoma na Universidade Federal do Acre (UFAC), obtendo o título de Engenheira Agrônoma em fevereiro de 2005, em Rio Branco, Estado do Acre.

Em março de 2005, ingressou no Curso de Pós-Graduação em Fitotecnia, na Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA), obtendo o título de mestre em fevereiro de 2005, em Mossoró-RN.

Em março de 2007, iniciou o curso de Doutorado no Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa em dezembro de 2010.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	x
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1. Bancos de germoplasma	3
2.2. Caracterização de germoplasma de feijão-comum	5
2.2.1. Caracterização morfológica e agronômica	5
2.2.2. Caracterização da qualidade tecnológica dos grãos.....	8
2.3. Diversidade genética no feijoeiro	10
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	12
CAPÍTULO 1.....	18
CARACTERIZAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJÃO POR DESCRITORES MORFOAGRONÔ- MICOS	18
Resumo	18
Abstract.....	18
1. Introdução	19
2. Material e métodos.....	20
2. Resultados e discussão.....	24

	Página
4. Conclusões	28
Referências bibliográficas.....	28
 CAPÍTULO 2.....	 30
CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO QUANTO À QUALIDADE TECNOLÓGICA DOS GRÃOS	 30
Resumo	30
Abstract.....	30
1. Introdução	31
2. Material e métodos.....	32
3. Resultados e discussão.....	36
4. Conclusões	43
Referências bibliográficas.....	43
 CAPÍTULO 3.....	 45
VARIABILIDADE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DO SISTEMA RADICAL EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO MESOAMERICANO	 45
Resumo	45
Abstract.....	45
1. Introdução	46
2. Material e métodos.....	48
2.1. Avaliação dos números de verticilos e de raízes basais e notas de pelos	48
2.2. Avaliação dos ângulos das raízes basais, comprimento e massa de raiz	48
3. Resultados e discussão.....	52
4. Conclusões	59
Referencias bibliográficas.....	59
 3. CONCLUSÕES GERAIS.....	 62

RESUMO

LIMA, Marilene Santos de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2010.
Caracterização morfoagronômica, culinária e de raízes de genótipos do banco de germoplasma de feijão da UFV. Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro. Coorientadores: Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Paulo Roberto Cecon e Rogério Faria Vieira.

A caracterização de germoplasma é importante para direcionar o uso dos recursos genéticos nos programas de melhoramento. O objetivo principal deste trabalho foi caracterizar 100 genótipos do Banco de Germoplasma de feijão da Universidade Federal de Viçosa, quanto aos descritores morfológicos e agronômicos. Para a caracterização da parte aérea da planta foi conduzido um experimento em Coimbra-MG, no delineamento em látice quadrado triplo, e parcelas constituídas de duas linhas de 2 m. Foram usados 22 descritores morfoagronômicos: 18 qualitativos e quatro quantitativos. Os dados foram submetidos à análise de divergência genética, empregando-se análise multivariada por intermédio de componentes principais e do método de agrupamento de Tocher. Na caracterização da qualidade tecnológica dos grãos utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, com três repetições para capacidade de hidratação e porcentagem de grãos duros e duas para tempo de cocção. A capacidade de hidratação foi determinada a cada duas horas, durante 16 horas. Para efeito de análise dessa característica utilizou-se o esquema de parcela subdividida no tempo, em que o tempo de embebição foi considerado subparcela. A caracterização morfológica do sistema radical jovem foi conduzida em laboratório e em casa de

vegetação, no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. Houve efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipos sobre dias do plantio ao florescimento, arquitetura da planta, produtividade e massa de 1000 grãos. A análise de divergência genética possibilitou reunir os genótipos em oito grupos de similaridade genética e identificar o brilho da semente como de menor importância na discriminação dos genótipos. Quanto à qualidade tecnológica dos grãos, observou-se efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipos sobre todas as variáveis. A correlação entre capacidade de hidratação máxima e tempo de cozimento foi negativa e de alta magnitude. A correlação entre tempo de cocção e porcentagem de grãos duros, também foi de alta magnitude, mas positiva. Efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipos foi também observado para todas as características relacionadas à raiz: números de verticilos e de raízes basais, quantidade de pelos radicais, ângulo das raízes basais, nota de arquitetura de raiz, massa das raízes secas e comprimento total das raízes. Concluiu-se que os genótipos de feijão apresentam variabilidade genética quanto às características morfoagronômicas; a similaridade dos genótipos tem relação com a classificação segundo o grupo comercial e origem (*pool* gênico); tanto a capacidade de hidratação quanto a porcentagem de grãos duros podem ser utilizados como métodos indiretos para avaliar o tempo de cozimento dos grãos de feijão; os genótipos mesoamericanos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da UFV apresentam grande variabilidade de características do sistema radical; a avaliação da arquitetura das raízes basais do feijoeiro pode ser feita visualmente por meio de escala diagramática

ABSTRACT

LIMA, Marilene Santos de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, December, 2010.
Characterization morpho-agronomic, culinary and roots of genotypes of beans of the germplasm bank of the UFV. Adviser: José Eustáquio de Souza Carneiro. Co-advisers: Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Paulo Roberto Cecon and Rogério Faria Vieira.

Germplasm characterization is important for direct the using genetic resources in breeding programs. The objective of this works was to characterize genetic variability of 100 genotypes from the Bean Germplasm Bank of the Universidade Federal de Viçosa as to the morphological and agronomic descriptors. For characterization of the aerial section of the plant, an experiment was carried out in Coimbra-MG, in a triple lattice square design and plots composed of two 2-m lines. Twenty-two morpho-agronomical descriptors: 18 qualitative and four quantitative, were using. Data were submitted to genetic divergence analysis using multivariate analyses, through main component and clustering method of Tocher. In the characterization of technological quality of grains, it was used a random block design with three replicates for capacity of hydration and percentage of hard-shell and two for cooking time. Hydration capacity was determined each two hours, over 16 hours. For analysis effect this trait a split-plot design was used, with soaking time being considered the split-plot. The morphological characterization of young radical system was carried out in laboratory and greenhouse in a random block design with four repetitions. There was a significant effect ($P < 0.01$) from the genotypes on days from planting to flowering, plant architecture, productivity and mass of 1,000 grains. The analyses of genetic divergence, enabled to assemble the genotypes in eight groups of genetic similarity and to identify brightness of seed as the minor importance in discrimination of genotypes. For technological quality of grains, it

was observed a significant effect ($P < 0.01$) of the genotypes on all variables. Correlation maximal among hydration capacity and cooking time was negative and of high magnitude. The correlation among cooking time and hard-shell grain percentage, was also of high magnitude but positive. Significant effect ($P < 0.01$) of genotypes was also observed for all morphological root traits: number of whorls, basal roots, quantity of root hair, angle of basal roots, notes of root architecture, dry root mass and total length root. It is concluded that there genetic variability among genotypes regarding to morphological and agronomical traits related to aerial section and plant root system and to technological quality of grains; the similarity of genotypes is related to classification according to commercial group and origin (gene pool); both the capacity of hydration as the hard-shell grain percentage can be used as indirect method to assess the time of cooking of grains of beans; mesoamerican genotypes from the Bean Active Germplasm Bank of the UFV show great variability of root system characteristics; the evaluation of the architecture of basal roots of bean can be done visually by diagrammatic.

1. INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil destaca-se na produção de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) e também por ser considerado o maior consumidor mundial (FAO, 2010). No ano agrícola de 2008/2009 foram produzidos 3,5 milhões de toneladas de grãos, em uma área plantada de 4,3 milhões de hectares (IBGE, 2010). Sob o ponto de vista nutricional, os grãos dessa leguminosa constituem-se uma das principais fontes de proteína na alimentação da população brasileira (RESENDE *et al.*, 2008). O feijão é uma cultura que a cada dia vai conquistando maior espaço no agronegócio (CARBONELL *et al.*, 2003), sendo consumido em todos os Estados do país e cultivado em três safras anuais (safras da seca, do inverno e das águas).

O consumo *per capita* de feijão, em 2007, foi de 16,2 kg/hab./ano, enquanto na década de 1970, girava em torno de 20 kg/hab./ano (FAO, 2010). As possíveis causas desta queda do consumo *per capita* estão relacionadas com a substituição do feijão por fontes de proteína de origem animal, pelo êxodo rural, pela mudança de hábitos alimentares, com o advento do *fast food*, além da demora para o preparo do produto (BORÉM; CARNEIRO, 2006; GUARNIERI *et al.*, 2010). Mesmo assim, o feijão ainda é um dos alimentos tradicionais da dieta do brasileiro.

Os feijões de origem mesoamericanos são os preferidos pela população brasileira. Esta preferência se dá pelos tipos de grãos carioca, que representa 70% do consumo, e preto (EBAH, 2010). Cultivares de feijões andinos, em virtude do maior tamanho da semente, possuem pouca aceitabilidade no comércio (CHIORATO, 2004).

Essa preferência, muitas vezes, limita o uso da variabilidade genética disponível nos bancos de germoplasma (COELHO *et al.*, 2007).

A maior coleção de germoplasma de feijoeiro encontra-se no Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), que reúne mais de 38 mil acessos (CIAT, 1986). Das coleções nacionais, a que reúne maior número é a coleção ativa da Embrapa Arroz e Feijão, em parceria com a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, com aproximadamente, 14.100 genótipos, dos quais, 7.880 são nacionais e 5.760 do exterior (SILVA; FONSECA, 2005).

A Universidade Federal de Viçosa (UFV) também conta com um Banco Ativo de Germoplasma de Feijão. Esse banco reúne aproximadamente 500 genótipos, oriundos de coletas internacionais e regionais. No entanto, para que esses genótipos sejam utilizados de forma mais efetiva nos programas de melhoramento, atividades de caracterização e avaliação são essenciais (FALEIRO; JUNQUEIRA, 2010).

Diferentes grupos de características são utilizados na caracterização de genótipos dos bancos de germoplasma, destacando-se as características morfológicas, agronômicas (SINGH, 2001), bioquímicas e moleculares. Na maioria das vezes, a caracterização preliminar se faz utilizando características morfológicas e agronômicas da planta, uma vez que é mais baratas e de fácil avaliação.

A caracterização morfoagronômica fornece informações a respeito da variabilidade genética existente nos bancos de germoplasma (GUIMARÃES *et al.*, 2006). Esses dados ainda permitem identificar genótipos registrados em duplicatas (VALLS, 2007); melhorar a documentação de identificação e catalogação (CHIORATO *et al.*, 2007); dar suporte na regeneração e na manutenção da integridade genética dos genótipos. Ademais, permite determinar a importância relativa dos caracteres utilizados na avaliação da diversidade genética existente, o que possibilita realizar descarte de caracteres de pouca importância.

Informações sobre o germoplasma disponível, visando não somente o incremento do potencial produtivo, mas, também, sua associação com outras características, como qualidade tecnológica dos grãos (CARBONELL *et al.*, 2003; RODRIGUES *et al.*, 2005a) e características desejáveis de raízes, são fundamental para uso efetivo dos genótipos nos programas de melhoramento. Entretanto, poucas informações são disponibilizadas a respeito da caracterização da qualidade tecnológica e do sistema radical do germoplasma do feijoeiro.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Bancos de germoplasma

O termo germoplasma, que se refere à variação de uma população, é originado das expressões *germo* (do latim *gérmen*), que significa princípio rudimentar de um novo ser orgânico e *plasma* o material primordial dos seres vivos, que denota formação (RIBEIRO, 1995). Allard (1971) define germoplasma como sendo a soma total dos materiais de cada espécie, podendo ser na forma de pólen, anteras, plantas, sementes, tecidos (meristemas, calo), células ou estruturas simples.

A fim de preservar o germoplasma das espécies, foram criadas as coleções de germoplasma (BROWN, 1989). O tipo de coleção dependerá do uso que se dará e do tempo durante o qual se manterá o germoplasma. Segundo Barbieri (2003), as coleções de germoplasma se dividem em: a) coleção base, que é uma coleção ampla, armazenada em longo prazo, com temperaturas entre -18 e -20 °C. No caso de sementes ortodoxas, seu grau de umidade deve ser reduzido para o intervalo entre 4 a 6%; b) coleção ativa ou banco ativo de germoplasma (BAG), que conserva amostras de germoplasma em médio prazo, com temperatura acima de 0 e abaixo de 15°C; c) coleção nuclear ou *core collection*, que é uma coleção com o mínimo de exemplares e o máximo de variabilidade/ e d) coleção de trabalho, que é uma coleção pequena, destinada ao uso mais imediato.

As coleções são armazenadas nos bancos de germoplasma, que são a sede física onde são centralizadas todas as atividades relativas ao manejo do germoplasma. Um banco de germoplasma tem papel fundamental na manutenção e preservação da variabilidade genética (RAMALHO *et al.*, 2008). Além disso, de acordo estes autores, nos bancos realizam-se várias atividades, dentre elas: a) coleta e introdução de germoplasma para enriquecimento e resgate da variabilidade; b) multiplicação para obtenção de sementes em quantidade suficiente, para atender à demanda dos usuários, e regeneração para manutenção da integridade genética da amostra; c) caracterização e avaliação, que permitem a compreensão da variabilidade existente na coleção; é realizada através de descritores mínimos, visando à individualização fenotípica de cada genótipo; d) intercâmbio para atender às solicitações de germoplasma; e) conservação: existem diversos métodos de conservação *ex situ*, como bancos de sementes, preservação *in vivo*, culturas de tecidos e criopreservação, sendo as sementes a forma mais apropriada para armazenamento de germoplasma vegetal; e f) utilização e manutenção do banco de dados, contendo os dados de passaporte e caracterização do germoplasma.

As amostras de germoplasma que representam a variação genética de uma população são tradicionalmente chamadas de acessos de germoplasma (ZIMMERMAN *et al.*, 1996). Porém, de acordo com a orientação técnica nº 2, de 30 de outubro de 2003, o Conselho de Gestão do Patrimônio Genético (CGEN, 2003b) sugere a utilização da expressão subamostra, uma vez que acesso já possui conotação legal com sentido distinto ao utilizado para representar germoplasma que foi registrado em bancos. Assim, subamostra refere-se à porção do material biológico ou de componente do patrimônio genético devidamente acompanhada de informações biológicas, químicas ou documentais, que permitem a identificação da procedência e a identificação taxonômica do material.

Na orientação técnica nº 1, de 24 de setembro de 2003, o Conselho de Gestão do Patrimônio Genético (CGEN, 2003a) define acesso como a atividade realizada sobre o patrimônio genético com o objetivo de isolar, identificar ou utilizar informação de origem genética ou moléculas e substâncias provenientes do metabolismo dos seres vivos e de extratos obtidos desses organismos. Entretanto, o termo subamostra ainda é pouco utilizado por não ser reconhecido na nomenclatura internacional, que utiliza o termo acesso ou genótipos.

2.2. Caracterização de germoplasma de feijão-comum

2.2.1. Caracterização morfológica e agronômica

A caracterização genética constitui etapa fundamental para o efetivo uso desses recursos conservados em bancos de germoplasma, uma vez que mais de 200 mil genótipos de diversas espécies encontram-se armazenadas em bancos espalhados por todo o País, sem as informações mínimas necessárias, que permite o seu emprego em programas de melhoramento (VALLS, 1988).

Segundo Faleiro e Junqueira (2010), as características morfológicas são aquelas relacionadas aos caracteres botânicos de alta herdabilidade, facilmente visíveis ou mensuráveis e que se expressam consistentemente em todos os ambientes. Existe grande variabilidade morfológica entre as espécies e entre genótipos da mesma espécie, considerando o porte da planta e as características das raízes, folhas, flores e frutos. Muitas vezes, essas características podem subsidiar o uso prático de determinado genótipo ou espécie.

Em contraste, as características agronômicas compreendem aquelas que fornecem informações sobre o desempenho agronômico de uma espécie ou de um acesso (FALEIRO; JUNQUEIRA, 2010). Por exemplo, um acesso pode possuir maior desempenho agronômico que outro, porque é mais resistente a várias doenças ou a várias raças do patógeno causador daquela doença. Além da resistência a doenças, outras características agronômicas têm grande importância, como as relacionadas à produtividade, às épocas de florescimento, à adaptabilidade a diferentes ecossistemas, à resistência e à tolerância a insetos-praga, entre outras (FALEIRO; JUNQUEIRA, 2010).

Geralmente, as características agronômicas são quantitativas, governadas por um conjunto de genes e fortemente influenciadas pelas condições ambientais (FALEIRO; JUNQUEIRA, 2010). Neste sentido, a montagem de experimentos com repetições, em diferentes ambientes, utilizando delineamentos adequados para o controle ambiental, é de grande importância no processo de avaliação destes caracteres.

Normalmente, para a cultura do feijoeiro, além das informações sobre a origem do material, são também levados em conta para a caracterização diferenças relacionadas ao seu comportamento agronômico, como produtividade, reação às pragas e aos patógenos, assim como aquelas diferenças advindas da avaliação dos descritores morfológicos (CHIORATO, 2004).

Segundo o IBPGR (1982), os descritores de feijoeiro são divididos em três grupos: dados de passaporte ou identificação dos genótipos, de caracterização e de avaliação preliminar. A lista sugerida pelo IBPGR possui 60 descritores botânicos, mas, geralmente, nos programas de melhoramento são utilizados de 25 a 40 descritores (RODRIGUES *et al.*, 2002; CHIORATO *et al.*, 2007).

No Brasil, a caracterização morfológica da parte aérea do feijoeiro é realizada com base em uma lista de descritores morfológicos e agronômicos, denominados “descritores mínimos”, necessários à proteção legal de cultivares (BRASIL, 1997). De modo geral, esses descritores incluem características qualitativas e quantitativas, como dias para florescimento, cor da flor, hábito de crescimento, porte da planta, cor da vagem durante a maturação, características da semente, ciclo da cultura, entre outras. Além destes, outras características agronômicas como resistência a doenças e pragas e tolerância a estresses abióticos também são utilizadas no processo de caracterização (CHIORATO, 2004).

O emprego de descritores morfológicos e agronômicos na caracterização de germoplasma de feijão tem possibilitado grandes avanços na descrição dos genótipos e na quantificação da divergência genética dos bancos de germoplasma. Singh *et al.* (1991) trabalharam com 306 acessos do Banco de Germoplasma do CIAT. Verificaram que os descritores responsáveis pela separação dos grupos andino e mesoamericano foram comprimento do quinto internódio, comprimento de semente e massa de 100 sementes. No Brasil, Ceolin *et al.* (2007) e Coelho *et al.* (2007), também relataram que a massa de 100 grãos é a característica que mais contribui na discriminação dos genótipos de feijão.

Além das características morfológicas da parte aérea, o feijoeiro apresenta ampla variabilidade genética para características de raízes. Diferenças genótípicas em feijão-comum ocorrem com relação à massa de raiz e sua arquitetura (RUBIO; LYNCH, 2007), gravitropismo de raízes basais (LIAO *et al.*, 2001), número de raízes basais e de verticilos (VIEIRA *et al.*, 2008) e quantidade de pelos radicais (VIEIRA *et al.*, 2007). Porém, no Brasil, estudos de caracterização do sistema radical ainda são incipientes e têm recebido pouca atenção dos melhoristas.

O sistema radical do feijoeiro é típico de uma planta dicotiledônea anual, constituído por uma raiz primária, um número variável (geralmente de 8 a 16) de raízes basais e raízes adventícias (BASU *et al.*, 2007). A raiz primária do feijoeiro tem forte gravitropismo positivo e cresce normalmente em linha reta descendente (LYNCH;

BROWN, 2001). As raízes basais surgem a partir da porção basal do hipocótilo. Em conjunto com as raízes laterais que surgem delas, constituem a maior parte do comprimento total de raízes da planta (BASU *et al.*, 2007). As adventícias surgem da parte subterrânea do hipocótilo, acima do ponto de onde surgem as raízes basais, e crescem horizontalmente no solo (MILLER *et al.*, 2003).

O feijoeiro pode apresentar de um a quatro verticilos, que são anéis localizados na interface raiz-caule, de onde surgem as raízes basais (VIEIRA *et al.*, 2008). Cada verticilo pode apresentar de duas a quatro raízes basais (BASU *et al.*, 2007). Em geral, os feijões de origem andina apresentam maior número de verticilos e, conseqüentemente, maior número de raízes basais e menor nota de pelos nas raízes principais (ROSADO *et al.*, 2008; VIEIRA *et al.*, 2008). A diversidade da arquitetura da raiz do feijoeiro é, em parte, em função da variação no número e ângulo das raízes basais (BASU *et al.*, 2007).

O ângulo de crescimento das raízes basais de feijão se estabelece ainda na fase de plântula. Sua trajetória de crescimento inicial determina a distribuição vertical do comprimento das raízes no solo, incluindo não apenas as raízes basais, mas, também, as raízes laterais que se desenvolvem a partir delas (LIAO *et al.*, 2001). Os ângulos de crescimento das raízes basais variam com o genótipo e determinam a profundidade dessas raízes (BONSER *et al.*, 1996; LIAO *et al.*, 2001; LYNCH; BROWN, 2001). Em alguns genótipos, as raízes basais crescem mais superficiais, em função da diminuição da disponibilidade de fósforo (BONSER *et al.*, 1996; LIAO *et al.*, 2001), indicando a plasticidade destas raízes em resposta à disponibilidade de fósforo, que é maior na camada superficial do solo (BASU *et al.*, 2007).

Em geral, a profundidade do sistema radical determina a eficiência da exploração de recursos superficiais, como fósforo (LYNCH; BROWN, 2001), e recurso profundo, como água (HO *et al.*, 2004, 2005). Estudo utilizando genótipos de feijão com arquitetura radical contrastante mostrou que raízes superficiais, em solos com baixa disponibilidade de fósforo, são correlacionadas com a aquisição desse nutriente (BONSER *et al.*, 1996; LIAO *et al.*, 2004).

As raízes adventícias são importantes na exploração da camada superficial do solo, e os genótipos de feijão diferem no número e na extensão dessas raízes, desde nenhuma formação até a formação de grande número (MILLER *et al.*, 2003; OCHOA *et al.*, 2004). As raízes adventícias têm menos raízes laterais que as raízes basais, o que permite maior dispersão delas em grande volume de solo com menor investimento metabólico (MILLER *et al.*, 2003).

As raízes laterais geralmente formam a maior parte da biomassa do sistema radical (LYNCH; BROWN, 2001). Em solos com baixa disponibilidade de nutrientes, é vantajoso para o sistema radical desenvolver-se com poucas raízes laterais, pois grande volume de solo poderia ser explorado a baixo custo metabólico até que os nutrientes sejam encontrados (MILLER *et al.*, 2003). A proliferação de raízes laterais em resposta a nutrientes localizados é vista como uma adaptação à distribuição e à disponibilidade de nutrientes no tempo e no espaço (LYNCH; BROWN, 2001). Segundo esses autores, essa resposta também pode ajudar na exploração do solo, pois baixo investimento em raízes laterais em solos pouco férteis libera recursos para a contínua exploração do solo pela raiz primária ou pelo crescimento de outras partes do sistema radical.

Os pelos radicais são extensões de células da epiderme radicular que apresentam importante papel na aquisição de água e nutrientes de baixa mobilidade no solo, como o fósforo, e na produção de substâncias que mediam associações entre planta-microorganismo (BERTIN *et al.*, 2003; YAN *et al.*, 2004). Seu papel na aquisição de nutrientes ocorre pelo aumento do volume de solo explorado pelas raízes, com a expansão da zona de absorção de fósforo e com a dispersão de exsudados, como ácidos orgânicos na rizosfera (LYNCH, 2007). Diferenças fenotípicas em relação a pelos radiculares, como comprimento e densidade, e plasticidade de alterar densidade e comprimento em diversos estresses abióticos, são correguladas pela disponibilidade de fósforo no meio, podendo ser as respostas apresentadas em nível local e individual (plasticidade) (BATES; LYNCH, 2001; LYNCH, 2007).

Alguns estudos relacionam o efeito da disponibilidade de fósforo com o comprimento e a densidade de pelos radicais (MA *et al.*, 2001; LÓPEZ-BUCIO *et al.*, 2002). Assim, a variação genotípica observada para as características de pelos radiculares (VIEIRA *et al.*, 2007) e o efeito dessas características sobre a aquisição de fósforo, indicando a possibilidade de seleção fenotípica direta, fazem com que eles se tornem uma oportunidade para o melhoramento de plantas (LYNCH, 2007).

2.2.2. Caracterização da qualidade tecnológica dos grãos

No processo de lançamento, registro e, ou, proteção de uma cultivar, tão importante quanto à produtividade e à resistência a doenças, é a qualidade tecnológica do grão comercializado, que chegará ao consumidor (CARBONELL *et al.*, 2003). Estes autores ainda relatam que a identificação de cultivares de feijão, com menor tempo de

cozimento e rápida capacidade de hidratação, é determinante na aceitação da nova cultivar pelos consumidores.

A qualidade dos grãos está relacionada principalmente às suas características tecnológicas de absorção de água e ao tempo de cozimento (COELHO *et al.*, 2009). Estas características podem ser afetadas pela constituição genética, associadas às condições ambientais de produção e armazenamento (DALLA CORTE *et al.*, 2003; RODRIGUES *et al.*, 2005b; COELHO *et al.*, 2009).

As cultivares de feijão com tempo de cozimento menor do que 30 minutos têm preferência do consumidor, pois representam economia de energia e de capital (RODRIGUES *et al.*, 2005b; RIBEIRO, 2008). Variabilidade genética para tempo de cozimento em feijão tem sido constatada, com valores entre 13,51 a 67,5 minutos (COSTA *et al.*, 2001; CARBONELL *et al.*, 2003; DALLA CORTE *et al.*, 2003; CORRÊA *et al.*, 2010).

O tempo de cozimento do feijão é determinante para que as propriedades químicas, físicas e sensoriais do feijão sejam preservadas no processamento (RIBEIRO, 2008). Se um tempo demasiadamente longo for necessário para que se obtenha a maciez considerada adequada para o consumo ocorrem perdas de minerais, vitaminas e proteínas serão provocadas (PUJOLÀ *et al.*, 2007; RAMÍREZ-CÁRDENAS *et al.*, 2008). Ademais, há necessidade de maior dispêndio de energia para o preparo e, por isso, os consumidores poderão rejeitar esse produto.

A baixa capacidade de hidratação dos grãos de feijão pode ser em virtude da impermeabilidade do tegumento à água (*hard-shell*), causando uma hidratação mais lenta durante o cozimento (STANLEY; AGUILERA, 1985). Também se atribui à baixa capacidade de hidratação a impermeabilidade dos cotilédones à água (*hard-to-cook*), em razão de modificações químicas que ocorrem antes e após o cozimento (COELHO *et al.*, 2008; COELHO *et al.*, 2009). Segundo Scholz e Fonseca Júnior (1999), além da capacidade de hidratação, as características do tegumento dos grãos e a qualidade do grão no momento da colheita influenciam o cozimento.

Alguns estudos indicam que a determinação da capacidade de hidratação dos grãos antes do cozimento pode ser um bom indicativo do tempo de cocção, ou seja, menor tempo de hidratação e maior quantidade de água absorvida causariam um menor tempo de cocção (RODRIGUES *et al.*, 2005a). Outros autores encontraram baixa ou nenhuma correlação entre esses caracteres (CARBONELL *et al.*, 2003; DALLA

CORTE *et al.*, 2003; COELHO *et al.*, 2008), o que tem limitado o uso prático desse parâmetro.

2.3. Diversidade genética no feijoeiro

Várias estratégias podem ser utilizadas no melhoramento genético de plantas. No caso do feijoeiro, a hibridação, seguida de sucessivos ciclos de autofecundação, constitui-se no principal método utilizado pelos melhoristas. Neste sentido, busca-se obter populações com média alta e grande variabilidade genética. Assim, o conhecimento da divergência genética entre os possíveis genitores é fundamental para a orientação dos programas na fase de pré-melhoramento (MACHADO *et al.*, 2000; RODRIGUES *et al.*, 2002; COELHO *et al.*, 2007; ELIAS *et al.*, 2007).

No estudo da diversidade genética, empregam-se os procedimentos de análise multivariada para avaliar a dissimilaridade entre os genótipos e selecionar os descritores e genótipos mais promissores para serem incorporados em programas de melhoramento (COELHO *et al.*, 2007; MACHADO *et al.*, 2002; RIBEIRO; STORCK, 2003). Vários métodos multivariados podem ser aplicados no estudo da divergência genética. Dentre eles, destacam-se a análise de componentes principais, de variáveis canônicas e os métodos de agrupamentos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os métodos de agrupamento baseiam-se principalmente em métodos hierárquicos e de otimização. Nos hierárquicos, destacam-se o método do vizinho mais próximo e o UPGMA (*unweighted pair group mean average*), onde os agrupamentos são identificados na forma de dendrogramas (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Nos de otimização, destaca-se o algoritmo de Tocher, em que o objetivo é alcançar uma partição dos indivíduos que otimize (maximize ou minimize) alguma medida predefinida.

A utilização dos métodos de agrupamento requer uma matriz de dissimilaridade, obtida a partir de medidas definidas em função do tipo de variável, se qualitativa, binária ou multicategórica. Na estruturação da matriz de dissimilaridade empregam-se a distância Euclidiana, a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e os índices de coincidência (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Estes métodos de análise multivariada têm sido utilizados para estimar a divergência genética em algumas culturas, como milho (MELO, 2001), feijão (MACHADO *et al.*, 2000; RIBEIRO; STORCK, 2003;

CHIORATO *et al.*, 2005; CEOLIN *et al.*, 2007; COELHO *et al.*, 2007; CARGNELUTTI FILHO *et al.*, 2008), pimentas e pimentões (SUDRÉ *et al.*, 2005).

Comparando métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão, Cargnelutti Filho *et al.* (2008) verificaram que o método de Tocher, com base nas distâncias euclidiana média padronizada (D) e generalizada de Mahalanobis (D^2), separou as cultivares em dois grupos, com comportamentos similares dentro do grupo e divergentes entre grupos. Os autores ainda concluíram que o método otimização de Tocher, com base tanto em D quanto D^2 , agruparam as cultivares de forma similar e coerente com a origem genética do germoplasma avaliado.

Elias *et al.* (2007) avaliaram a diversidade genética de 45 cultivares de feijões, por meio do método de agrupamento de Tocher, com base em 11 caracteres morfoagronômicos e nutricionais. Estes autores sugerem compor um programa de hibridação com os cruzamentos entre as cultivares que pertenciam ao grupo 2 (em especial CFE 25, CFE 100 e FT Nobre) e do grupo 7 (em especial o acesso CFE 22). Essas cultivares destacam-se por serem as mais divergentes entre si e por proporcionarem as maiores produtividades.

Coelho *et al.* (2007) usaram características morfológicas no estudo da divergência genética em feijão. Verificaram que houve separação dos genótipos em dois grandes grupos. A massa de 100 sementes foi o caráter de maior relevância na separação dos genótipos. Por outro lado, Machado *et al.* (2000) e Ceolin *et al.* (2007) constataram que o caráter mais importante no melhoramento do feijoeiro, a produtividade, teve pequena contribuição para a divergência dos genótipos.

Chiorato *et al.* (2005) estudaram a diversidade genética de 993 genótipos de feijão do Banco de germoplasma do IAC, por meio da técnica de componente principal. Constataram que entre os 23 descritores morfoagronômicos avaliados, a uniformidade da semente, a cor do halo e a massa de 100 sementes foram de pouca importância na separação dos genótipos. Os autores ressaltam que nos estudos de caracterização de feijão devem ser utilizados de 10 a 20 descritores e que uma quantidade superior a essa seria desnecessária e onerosa.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. Rio de Janeiro: USAID, 1971. 331 p.

BARBIERI, R. L. Conservação e uso de recursos genéticos vegetais. In: FREITAS, L.B. de; BERED, F. (Ed.). **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre: Editora da UFRGS, 2003. p. 403-413.

BASU, P.; ZHANG, Y.; LYNCH, J. P.; BROWN, K. M. Ethylene modulates genetic, positional, and nutritional regulation of root plagiogravitropism. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 34, p. 41-51, 2007.

BATES, T. R.; LYNCH, J. P. Root hair confer a competitive advantage under low phosphorus availability. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 236, p. 243-250, 2001.

BERTIN, C.; YANG, X.; WESTON, L. A. The role of root exudates and allelochemicals in the rhizosphere. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 256, p. 67-83, 2003.

BONSER, A.M.; LYNCH, J.P.; SIEGLINDE, S. Effect of phosphorus deficiency on growth angle of basal roots in *Phaseolus vulgaris*. **New Phytologist**, Lancaster, v.132, p.281-288, 1996.

BORÉM, A.; CARNEIRO, J. E. S. A cultura. In: VIEIRA, C.; PAULA JR., T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. p. 13-18.

BRASIL. Presidência da República. Decreto nº 2.366, de 5 de novembro de 1997. Regulamenta a Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997, que institui a Proteção de Cultivares, dispõe sobre o Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – SNPC, e dá outras providências. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, nº 216, 7 de nov. 1997. Seção 1, p. 25333-25354.

BROWN, A. H. D. Core Collection: a practical approach to genetic resources management. **Genome**, Ottawa, v. 31, p. 818-824, 1989.

CARBONELL, S. A. M.; CARVALHO, C. R. L.; PEREIRA, V. R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 3, p. 369-379, 2003.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P. dos.; SOUZA, J. R. de; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 8, p. 2138-2145, 2008.

CEOLIN, A. C. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; GONELA, A.; SCAPIM, C. A. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, Lund, v. 144, p. 1-9, 2007.

CONSELHO DE GESTÃO DO PATRIMÔNIO GENÉTICO (CGEN). **Orientação Técnica nº 1, de 24 de setembro de 2003a**. Brasil: Ministério do Meio Ambiente.

CONSELHO DE GESTÃO DO PATRIMÔNIO GENÉTICO (CGEN). **Orientação Técnica nº 2, de 30 de outubro de 2003b**. Brasil: Ministério do Meio Ambiente.

CHIORATO, A.F. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do Banco de Germoplasma do Instituto Agrônomo-IAC**. 2004. Dissertação (mestrado em agronomia)-Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas-SP, 2004.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BENCHIMOL, L. L.; CHIAVEGATO, M. B.; DIAS, L. A. S.; COLOMBO, C. A. Genetic diversity in common bean accessions evaluated by means of morpho-agronomical and RAPD. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 64, n. 3, p. 256-262, 2007.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; COLOMBO, C. A.; DIAS, L. A. S. Genetic diversity of common bean accessions in the germplasm bank of the Instituto Agrônomo Campinas – IAC. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 5, p. 1-9, 2005.

INTERNATIONAL CENTER FOR TROPICAL AGRICULTURE (CIAT). **Informe Anual Programa de Frijol**. Cali, 1986. 339 p.

COELHO, C. M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. A.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 5, 2007.

COELHO, C. M. M.; SOUZA, C. A.; DANELLI, A. L. D.; PEREIRA, T.; SANTOS, J. C. P.; PIAZZOLI, D. Capacidade de cocção de grãos de feijão em função do genótipo e da temperatura da água de hidratação. **Ciências e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 4, p. 1080-1086, 2008.

- COELHO, S. R. M.; PRUDENCIO, S. E.; NÓBREGA, L. H. P.; LEITE, C. F. R. Alterações no tempo de cozimento e textura dos grãos de feijão comum durante o armazenamento. **Ciências e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 2, p. 539-544, 2009.
- CORRÊA, M. M.; CARVALHO, L. M. J.; NUTTIB, M. R.; CARVALHO, J. L. V.; HOHN NETO, A. R.; RIBEIRO, E. M. G. Water Absorption, hard shell and cooking time of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **African Journal of Food Science and Technology**, Nigeria, v. 1, n. 1, p. 13-20, 2010.
- COSTA, G. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Variabilidade para absorção de água nos grãos de feijão do germoplasma da UFLA. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 4, p. 1017-1021, 2001.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2, 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. 585 p.
- DALLA CORTE, A.; MODA-CIRINO, V.; SCHOLZ, M. B. da S.; DESTRO, D. Environment effect on grain quality in early common bean cultivars and lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 3, n. 3, p. 193-202, 2003.
- EBAH. **Cultivo do feijão**. Disponível em: <<http://www.ebah.com.br/cultivo-do-feijao-pdf-17869.html>>. Acesso em: 10 abr. 2010.
- ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, out. 2007.
- FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. **Recursos genéticos: conservação, caracterização e uso**. Disponível em: <www.cpac.embrapa.br/publico/usuarios/uploads/cursobiotec/capitulo5.pdf>. Acesso em: 18 jul. 2010.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION (FAO). **Faostat**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567>>. Acesso em: 10 abr. 2010.
- GUARNIERI, C. C. O.; LEMOS, L. B.; FARINELLI, R. Desempenho produtivo, nutricional e tecnológico de genótipos de feijão cultivados na época de inverno primavera em Jaboticabal (SP). Disponível em: <prope.unesp.br/xxi_cic/27_35790317839.pdf>. Acesso em: 23 out. 2010.
- GUIMARÃES, W. N. R.; MARTINS, L. S. S.; SILVA, E. F.; FERRAZ, G. M. G.; OLIVEIRA, F. J. de. Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 11, n. 1, p. 37-45, 2006.
- HO, M. D.; McCANNON, B. C.; LYNCH, J. P. Optimization modeling of plant root architecture for water and phosphorus acquisition. **Journal of Theoretical Biology**, London, v. 226, p. 331-340, 2004.

HO, M. D.; ROSAS, J. C.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Root architectural tradeoffs for water and phosphorus acquisition. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 32, p. 737-748, 2005.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Indicadores IBGE**: Estatística da produção agrícola. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/lspa_201009.pdf>. Acesso em: 23 out. 2010.

INTERNATIONAL BOARD FOR PLANT GENETIC RESOURCES (IBPGR). **Descriptors for *Phaseolus vulgaris***. Rome: IBPGR Secretariat, 1982.

LIAO, H.; RUBIOLOGY, G.; YAN, X.; CAO, A.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Effect of phosphorus availability on basal root shallowness in common bean. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 232, p. 69-79, 2001.

LIAO, H.; YAN, X.; RUBIO, G.; BEEBE, S. E.; BLAIR, M. W.; LYNCH, J. P. Genetic mapping of basal root gravitropism and phosphorus acquisition efficiency in common bean. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 31, p. 959-970, 2004.

LÓPEZ-BUCIO, J. L.; HERNÁNDEZ-ABREU, E.; SÁNCHEZ-CALDERÓN, L.; NIETO-JACOBO, M. F.; SIMPSON, J.; HERRERA-ESTRELLA, L. Phosphate availability alters architecture and causes changes in hormone sensitivity in the *Arabidopsis* root system. **Plant Physiology**, Rockville, v. 129, p. 244-256, 2002.

LYNCH, J. P. Roots of the second green revolution. **Australian Journal of Botany**, Australia, v. 55, p. 493-512, 2007.

LYNCH, J. P.; BROWN, K. M. Topsoil foraging: an architectural adaptation to low phosphorus availability. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 237, p. 225-237, 2001.

MA, Z.; BIELENBERG, D. F.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Regulation of root hair density by phosphorus availability in *Arabidopsis thaliana*. **Plant, Cell and Environment**, Oxford, v. 24, p. 459-467, 2001.

MACHADO, C. F.; SANTOS, J. B.; NUNES, G. H. S. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência avaliada a partir de caracteres morfo-agronômicos. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 1, p. 11-20, 2000.

MACHADO, C. F.; NUNES, G. H. de. S.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. dos. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 251-258, 2002.

MELO, W. M. C.; PINHO, R. G. V.; FERREIRA, D. F. Capacidade combinatória e divergência genética em híbridos comerciais de milho. **Ciência e Agrotécnica**, Lavras, v. 25, p. 821-830, 2001.

MILLER, C. R.; OCHOA, I.; NIELSEN, K. L.; BECK, D.; LYNCH, J. P. Genetic variation for adventitious rooting in response to low phosphorus availability: potential utility for phosphorus acquisition from stratified soils. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 30, p. 973-985, 2003.

OCHOA, I. E.; BLAIR, M. W.; BROWN, K. M.; BEEBE, S. E.; LYNCH, J. P. Genotypic variation in adventitious rooting under low phosphorus availability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Michigan, v. 47, p. 199-200, 2004.

PUJOLA, M.; FARRERAS, A.; CASANAS, F. Protein and starch content of raw, soaked and cooked beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Chemistry**, Reino Unido, v. 102, n. 4, p. 1034-1041, 2007.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 2. ed. Lavras: Editora UFLA, 2008. 464 p.

RAMIREZ-CÁRDENAS, L. R.; LEONEL, A. J.; COSTA, N. M. B. Efeito do processamento doméstico sobre o teor de nutrientes e de fatores antinutricionais de cultivares de feijão comum. **Ciência e Tecnologia dos Alimentos**, Campinas, v. 28, n. 1, p. 200-213, 2008.

RESENDE, O.; CORRÊA, P. C.; FARONI, L. R. D.; CECON, P. R. Avaliação da qualidade tecnológica do feijão durante o armazenamento. **Ciências e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 2, p. 517-524, 2008.

RIBEIRO, N. D. Qualidade tecnológica e nutricional de feijoeiro e interação com o ambiente. **Documentos**, IAC, Campinas, v. 85, 2008.

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

RIBEIRO, R. M. A. Glossário de termos de coleta e conservação de recursos genéticos. **Ciência da Informação**, v. 24, n. 3, 1995.

RODRIGUES, J. A.; RIBEIRO, N. D.; CARGNELUTTI-FILHO, A.; TRENTIN, M.; LONDERO, P. M. G. Qualidade para o cozimento de grãos de feijão obtidos em diferentes épocas de semeadura. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 3, p. 369-376, 2005b.

RODRIGUES, J. A.; RIBEIRO, N. D.; LONDERO, P. M. G.; CARGNELUTTI-FILHO, A.; GARCIA, D. C. Correlação entre absorção de água e tempo de cozimento de cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 1, p. 209-214, 2005a.

RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 9, p. 1275-1284, 2002.

ROSADO, R. D. S.; LIMA, R. C.; LIMA, M. S.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; TOMAZ, R. S. Diversidade genética do feijoeiro com base no sistema radical. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO GENÉTICO, 9., 2009. Guarapará, ES. **Anais...** Guarapará, 2009 [n.p.].

RUBIO, G.; LYNCH, J. P. Compensation among root classes in *Phaseolus vulgaris* L. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 290, p. 307-321, 2007.

SCHOLZ, M. B. S.; FONSECA JÚNIOR, N. S. Efeito de ambientes, dos genótipos e da interação genótipos x ambientes na qualidade tecnológica de feijão do grupo de cores no Estado do Paraná. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DO FEIJÃO, 6., 1999. Goiânia, GO. **Anais...** Goiânia: Embrapa, 1999. p. 339-342.

SILVA, H. T.; FONSECA, J. R. Banco ativo de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO - CONAFE, 8., 2005. Goiânia, GO. **Anais...** Goiânia, 2005. p. 1131-1135.

SINGH, S. Broadening the genetic base of common bean cultivars: A review. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 1659-1675, 2001.

SINGH, S. P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, New York, v. 45, n. 3, p. 379-396, 1991.

STANLEY, D. W.; AGUILERA, J. M. A review of textural defects in cooked reconstituted legumes – the influence of structure and composition. **Journal of Food Biochemistry**, USA, v. 9, p. 277-290, 1985.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL JUNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 22-27, 2005.

VALLS, J. F. M. Caracterização de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. (Ed.) **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 281-305.

VALLS, J. F. M. Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica vegetal. In: ENCONTRO DE SOBRE RECURSOS GENÉTICOS, 1988, Jaboticabal, SP. **Anais...** Jaboticabal, 1988, p. 106-108.

VIEIRA, R. F.; CARNEIRO, J. E. S. ; LYNCH, J. P. Root traits of common bean genotypes used in breeding programs for disease resistance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, p. 707-712, 2008.

VIEIRA, R. F.; JOCHUA, C. N.; LYNCH, J. P. Method for evaluation of root hairs of common bean genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 9, p. 1365-1368, 2007.

YAN, X.; LIAO, H.; BEEBE, S.; BLAIR, M.; LYNCH, J. P. QTL mapping of root hair and acid exudation traits and their relationship to phosphorus uptake in common bean. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 265, p. 17-29, 2004.

ZIMMERMANN, M. J. O.; CARNEIRO, J. E. S.; PELOSO, M. J. D.; RAVA, C. A.; SARTORATO, A.; PEREIRA, P. A. A. Melhoramento genético e cultivares. In: ARAUJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. (Ed.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 223-273.

CAPÍTULO 1

CARACTERIZAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJÃO POR DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS

Resumo: O objetivo deste trabalho foi caracterizar a variabilidade genética entre 100 genótipos de feijão por meio de descritores morfoagronômicos; reuni-los em grupos de dissimilaridades genética; e identificar os descritores de menor importância na avaliação da divergência genética. Para a caracterização dos genótipos foi conduzido um experimento em Coimbra-MG, no delineamento em látice quadrado 10 x 10, com três repetições e parcelas constituídas de duas linhas de 2 m. Foram avaliados 22 descritores morfoagronômicos: 18 qualitativos e quatro quantitativos. Os dados foram submetidos à análise de divergência genética, empregando-se a análise multivariada, por intermédio de componentes principais e o método de agrupamento de Tocher. Houve efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipos sobre dias do plantio ao florescimento, arquitetura da planta, produtividade e massa de 1000 grãos. A análise de divergência possibilitou reunir os genótipos em oito grupos de similaridade genética e identificar o brilho da semente como de menor importância na discriminação dos genótipos. A similaridade dos genótipos tem relação com a classificação segundo o grupo comercial e origem (*pool* gênico). Os genótipos V 7936, Gold Gate, LM 95103904, 1829 S 349 Venezuela, 1831 S 353 Venezuela e Ouro Vermelho apresentam maior produtividade e PF 9029975, CNFC 9454, Fe 732015 e BRS Supremo apresentam porte ereto.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; germoplasma; descritores; diversidade genética.

CHARACTERIZATION OF GENETIC VARIABILITY AMONG GENOTYPES OF BEANS BY MORPHOLOGICAL AND AGRONOMICAL DESCRIPTORS

Abstract: The objective of this works was to characterize genetic variability among 100 genotypes of bean using morpho-agronomic; to gather them in groups of genetic dissimilarity and to identify descriptors of minor importance in evaluation of genetic divergence. An experiment was carried in Coimbra, Minas Gerais to characterize genotypes, it was used a 10 x 10 lattice square design with three replicates and plots with two 2-m rows. Twenty-two morphological and agronomic descriptors, 18 qualitative and four quantitative, were evaluated. Data were submitted to genetic divergence analysis using multivariate analyses, through main component and clustering method of Tocher. There was a significant effect ($P < 0.01$) from the genotypes on days from planting to flowering, plant architecture, productivity and mass of 1,000 grains. The analyses of genetic divergence, enabled to assemble the genotypes in eight groups of genetic similarity and to identify brightness of seed as the minor importance in discrimination of genotypes. Similarity of genotypes is related to classification according to commercial group and origin (gene pool). Genotypes V 7936, Gold Gate, LM 95103904, 1829 S 349 Venezuela, 1831 S 353 Venezuela e Ouro Vermelho showed high yield e PF 9029975, CNFC 9454, Fe 732015 and BRS Supremo, showed erect plant.

Key Words: *Phaseolus vulgaris*, germplasm, descriptors, genetic diversity.

1. Introdução

A espécie *Phaseolus vulgaris* L. possui dois centros de origem, o mesoamericano e o andino. Grande parte da variabilidade genética dessa espécie no mundo tem sido mantida e conservada *ex situ*, fora do local de origem, nos bancos de germoplasma (Borda, 2010). A manutenção dessa diversidade em coleções é fundamental para apoio e desenvolvimento dos programas de melhoramento. Entretanto, a falta de informação a respeito destes recursos genéticos é uma das principais causas do seu baixo uso pelos melhoristas (Valls, 2007).

Para que o germoplasma conservado nos bancos seja utilizado e aproveitado de forma prática, sua caracterização é essencial (Faleiro & Junqueira, 2010). Diversos caracteres podem ser utilizados na caracterização dos recursos genéticos, destacando-se os morfológicos e agronômicos (Singh, 2001), bioquímicos e moleculares. Na caracterização preliminar dos genótipos são priorizadas as características morfológicas e agronômicas da planta por serem mais baratas e fáceis de serem avaliadas.

A caracterização morfoagronômica fornece informações que permitem inferir a respeito da variabilidade genética dos genótipos do banco; identificar acessos registrados em duplicatas (Valls, 2007); melhorar a documentação de identificação e catalogação dos acessos (Chiorato et al., 2007); e dar suporte na regeneração dos genótipos e na manutenção de sua integridade genética.

Dentre outras informações que podem ser obtidas a partir da caracterização do germoplasma, a determinação da importância relativa dos caracteres utilizados na avaliação da diversidade genética (Rodrigues et al., 2002; Chiorato et al., 2005), merece destaque. Pois, em caso de escassez de recursos financeiros e, ou, humanos pode ser realizado descarte daqueles caracteres de menor importância.

No estudo da diversidade genética, empregam-se procedimentos de análise multivariada. Dentre eles, destacam-se a análise de componentes principais, de variáveis canônicas e os métodos de agrupamento (Cruz & Carneiro, 2006).

Os métodos de agrupamento dividem-se, basicamente, em hierárquicos e de otimização. Dentre os primeiros, destacam-se o método do vizinho mais próximo e o UPGMA (*unweighted pair groupmean average*), em que os agrupamentos são identificados na forma de dendrogramas. Como método de otimização, o algoritmo de Tocher é o mais utilizado. Neste caso, o objetivo é alcançar uma partição dos genótipos

de forma que a distância intragrupo seja menor que qualquer distância intergrupo, resultando em agrupamentos exclusivos.

Todos esses métodos de análise da diversidade baseiam-se em uma matriz de dissimilaridade, obtida a partir de medidas definidas, em função do tipo de variável, se qualitativa, quantitativa ou multicategórica (Cruz, 2008). Como medidas de dissimilaridade empregam-se a distância Euclidiana, a distância generalizada de Mahalanobis e os índices de coincidência (Cruz & Carneiro 2006). Na avaliação da variabilidade genética em feijão, os métodos de análises multivariadas têm sido utilizados por alguns autores (Rodrigues et al. 2002; Chiorato et al., 2005; Machado et al., 2002; Ceolin et al. 2007; Elias et al., 2007).

Os objetivos deste trabalho foram: 1) caracterizar a variabilidade genética de 100 genótipos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade Federal de Viçosa por descritores morfoagronômicos; 2) reuní-los em grupos de dissimilaridade genética, visando sua utilidade em programas de melhoramento; e 3) identificar os descritores de menor importância na avaliação da divergência genética.

2. Material e métodos

Na caracterização de 100 genótipos (Tabela 1) do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade Federal de Viçosa (BAGF-UFV) foram utilizados caracteres morfológicos e agronômicos. Os caracteres morfológicos foram escolhidos conforme relação da lista de descritores mínimos de feijão para a Inscrição no Registro Nacional de Cultivares (RNC), preconizada no Decreto nº 2366/1997 (Brasil, 1997). Os caracteres arquitetura da planta e produtividade de grãos foram incluídos por serem importantes nos programas de melhoramento genético do feijoeiro.

O experimento foi instalado na Estação Experimental do Departamento de Fitotecnia da UFV, em Coimbra-Minas Gerais. O delineamento experimental foi em látice quadrado 10 x 10, com três repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 2 m, espaçadas de 0,5 m.

O plantio foi realizado em 7 de março de 2007, em solo previamente preparado com arado e grade, adubado com 350 kg/ha do formulado 8-28-16 (N-P₂O₅-K₂O). Aos 25 dias após a emergência, as plantas receberam 100 kg/ha de ureia em cobertura. A área experimental foi irrigada por aspersão e os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura.

Tabela 1 – Número de registro, nome do genótipo, grupo comercial e origem de 100 genótipos do BAGF-UFV, avaliados quanto às características morfoagronômicas. Viçosa-MG, 2007

Nº do Registro ¹	Nome do Genótipo	Grupo Comercial	Origem	Nº do Registro ¹	Nome do Genótipo	Grupo Comercial	Origem
1	EMP-117	Carioca	Embrapa	51	BAT 304	Preto	CIAT, Colômbia
2	AN 910518	Carioca	Embrapa	52	V 7936	Preto	Desconhecido
3	FEB 171	Carioca	CIAT, Colômbia	53	GF 2570	Preto	CIAT, Colômbia
4	PF 902975	Carioca	ESAL/Embrapa	54	LM 21135	Preto	Embrapa
5	LR 720982 CP	Carioca	Embrapa	55	Fe 732015	Preto	Embrapa
6	38 F	Carioca	Desconhecida	56	Fe 731998	Preto	Embrapa
7	Raça D	Carioca	Desconhecida	57	AN 911120	Preto	Embrapa
8	CNFC 9444	Carioca	Embrapa	58	AN 911104	Preto	Embrapa
9	CNFC 8006	Carioca	Embrapa	59	SC 9029935	Preto	Embrapa
10	CNFC 9466	Carioca	Embrapa	60	51051	Preto	Desconhecida
11	CNFC 9455	Carioca	Embrapa	61	Ouro Negro	Preto	UFV/EPAMIG
12	CNFC 9454	Carioca	Embrapa	62	Meia Noite	Preto	EPAMIG
13	CNFC 9458	Carioca	Embrapa	63	BRS Valente	Preto	Embrapa
14	FEB 199	Carioca	CIAT, Colômbia	64	CB 733782	Preto	Embrapa
15	Carioca 1030	Carioca	IAC	65	ICA Pijão	Preto	CIAT, Colômbia
16	LM 96108664	Carioca	Embrapa	66	IAPAR 44	Preto	IAPAR
17	LM 95102682	Carioca	Embrapa	67	Porriño 70	Preto	CIAT, Colômbia
18	LM 96107218	Carioca	Embrapa	68	ARC-1	Preto	CIAT, Colômbia
19	BR-IPA-11 (Brígida)	Carioca	Embrapa/IPA	69	LM 95103904	Preto	Embrapa
20	Pérola	Carioca	Embrapa	70	CB 733760	Preto	Embrapa
21	BRSMG Talismã	Carioca	UFV, UFLA, Epamig, Embrapa	71	LM 95103786	Preto	Embrapa
22	BRSMG Majestoso	Carioca	UFV, UFLA, Epamig, Embrapa	72	POT 51	Preto	CIAT, Colômbia
23	Manteigão Fôsko 11	Manteigão	UFV	73	LM 95103856	Preto	Embrapa
24	DRK 18	Manteigão	Desconhecida	74	2970196	Preto	UFV
25	1835 S 459 Venezuela	Mulatinho	Estação Experimental Patos	75	2970149	Preto	UFV
26	1862 Sacavem 538	Mulatinho	Estação Experimental Patos	76	2970168	Preto	UFV
27	1864 Sacavem 860	Mulatinho	Estação Experimental Patos	77	2970264	Preto	UFV

Continua...

Tabela 1, Continuação

Nº do Registro ¹	Nome do Genótipo	Grupo Comercial	Origem	Nº do Registro ¹	Nome do Genótipo	Grupo Comercial	Origem
28	1868 Sacavem 1061	Mulatinho	Estação Experimental Patos	78	Serrano	Preto	Emcape
29	3272	Mulatinho	CIAT, Colômbia	79	Rico 1735	Preto	UFV/EPAMIG
30	LM 96107901	Mulatinho	Embrapa	80	BR-2-Grande Rio	Preto	Embrapa/PESAGRO
31	Vinagre	Mulatinho	Desconhecida	81	BRS Supremo	Preto	Embrapa
32	1843 55 G	Outros*	Estação Experimental Patos	82	BRS Valente	Preto	Embrapa
33	1860 Sacavem 63	Outros*	Estação Experimental Patos	83	CNFRJ 10301	Outros*	Embrapa
34	1852 Taquari Sarges	Outros*	Estação Experimental Patos	84	HI 822510	Rosinha	Embrapa
35	S-856-B	Outros*	Costa Rica	85	LM 30013	Rosinha	Embrapa
36	Golden Gate	Outros*	Beltsville, Maryland	86	Rosinha G2	Rosinha	IAC
37	P. White 6301	Preto	University of California	87	Rosinha precoce	Rosinha	Produtor
38	1829 S 349 Venezuela	Preto	Estação Experimental Patos	88	P-36	Roxo	Embrapa
39	1831 S 353 Venezuela	Preto	Estação Experimental Patos	89	FEB (desc.)	Roxo	Desconhecida
40	1836 S 464 Venezuela	Preto	Estação Experimental Patos	90	AN 910522	Carioca	Embrapa
41	1840 4 PS	Preto	Estação Experimental Patos	91	1845 77 G	Vermelho	Estação Exp. Patos
42	1844 74 G	Preto	Estação Experimental Patos	92	1849 Flor. 13041	Vermelho	Estação Exp. Patos
43	1867 Sacavem 1031	Preto	Estação Experimental Patos	93	1861 Sacavem 486	Vermelho	Estação Exp. Patos
44	1869 Sacavem 1084	Preto	Estação Experimental Patos	94	Field grown 49-242	Vermelho	Corwell Univ.
45	Costa Rica	Preto	Pernambuco	95	CNFC 5552	Mulatinho	Esal
46	Cornell 49-242	Preto	Austrália	96	Vi-16-3-3	Vermelho	UFV
47	P.16 Trujillo 4	Preto	CIAT, Colômbia	97	Vermelho	Outros	Desconhecida
48	P 501 (Puebla 199)	Preto	CIAT, Colômbia	98	Ouro Vermelho	Vermelho	UFV, UFLA, Epamig, Embrapa
49	P 326 (PI 310.740)	Preto	CIAT, Colômbia	99	Vermelhinho	Vermelho	Viçosa-MG
50	BAT 65	Preto	CIAT, Colômbia	100	Vermelho 2157	Vermelho	CIAT, Colômbia

¹ Número de registro de acordo com a catalogação do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da UFV.

* Classificados como jalinho, rajado, pintado, enxofre ou pardo.

Foram avaliadas 18 características qualitativas (Silva, 2005) e quatro quantitativas. As qualitativas foram a presença de antocianina nos cotilédones e no hipocótilo (avaliadas em V1 – estágio de plântula), o hábito de crescimento da planta, a presença de antocianina no caule, a rugosidade da folha, a cor da flor (avaliados em R6 - floração), a cor primária e a cor secundária da vagem, o perfil e a forma do ápice da vagem, a forma e a posição do dente apical da vagem (avaliados em R9 – maturação de colheita). Nas sementes foram avaliadas a uniformidade, o brilho, a presença de halo, o grupo comercial, a forma ($J = C/L$, em que C refere-se ao comprimento e L à largura da semente) e o grau de achatamento ($H = E/L$, em que E refere-se à espessura e L à largura da semente). As quatro quantitativas foram dias do plantio a floração, arquitetura da planta, massa de 1000 grãos e produtividade de grãos. A arquitetura da planta foi avaliada com uso de uma escala de notas semelhante ao de Collicchio et al. (1997), em que a nota 1 refere-se à planta ereta, com uma haste e com inserção alta das primeiras vagens; nota 2, à planta ereta e com algumas ramificações; a nota 3, à planta ereta e com muitas ramificações e tendência a prostrar-se; a nota 4, à planta semiereta e mediamente prostrada; e a nota 5, à planta com entrenós longos e muito prostrada.

Os dados de produtividade de grãos, dias do plantio à floração, arquitetura da planta e massa de 1000 grãos foram submetidos à análise de variância.

A avaliação da diversidade genética dos 100 genótipos foi feita simultaneamente com base em variáveis quantitativas e qualitativas. Para essa análise, os fenótipos de cada um dos caracteres qualitativos foram codificados de acordo com a lista de descritores mínimos (Silva, 2005). Posteriormente, foi obtida a moda oriunda das três repetições para cada um dos genótipos. Para as variáveis quantitativas foi obtida a média das três repetições de cada genótipo. Em seguida, estas médias foram agrupadas em classes com base na distribuição de frequência (Ramalho et al., 2005). O número de classes foi determinado com o uso da expressão $K=(An^{1/3}/3,49s)$, em que A é a amplitude de variação total, s é o desvio-padrão e n é o tamanho da amostra. Assim, cada média foi codificada com o número da classe à qual pertencia. Desta forma, em conjunto, os dados qualitativos e quantitativos foram submetidos à análise de diversidade genética pelo procedimento “multicategóricas-classes” (Cruz, 2008). Esta metodologia consiste na obtenção de um índice de dissimilaridade, dado pelo complemento aritmético do coeficiente de coincidência simples ($1 - c$), com c obtido por:

$$c = \frac{C}{C + D},$$

em que c é o coeficiente de coincidência simples, C é o número de concordância de classes e D o número de discordância de classes entre os pares de genótipos.

Para o agrupamento dos genótipos foi utilizado o método de Tocher. A identificação das variáveis que menos contribuíram para a divergência genética entre os genótipos foi feita pela análise de componentes principais (Cruz et al., 2004) e todas as análises foram realizadas utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2008).

3. Resultados e discussão

A eficiência relativa do delineamento em látice comparado ao de blocos ao acaso foi baixa (menor que 110%). Assim, optou-se pela análise de variância, segundo o modelo em blocos ao acaso (Tabela 2).

Tabela 2 – Resumo das análises de variância dos caracteres dias do plantio à floração, arquitetura da planta, produtividade e massa de 1000 grãos, referentes a 100 genótipos do BAGF-UFV. Coimbra-MG, 2007

Fonte de Variação	GL	Quadrado médio ¹			
		Dias do Plantio à Floração	Arquitetura da Planta	Produtividade	Massa de 1000 Grãos
Blocos	2	43,030	1,082	4981682,837	16,003
Genótipos	99	6,141***	1,657***	1545048,226**	11030,923***
Erro	198	1,040	0,160	823574,697	22,190
Média	-	39,0	3,4	3575,0	280,0
CV(%)	-	2,6	11,9	25,4	1,7
Eficiência do látice	-	101,3	109,0	104,1	-

¹ *** e ** Significativo 0,1 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Houve efeito significativo de genótipos no que se refere a dias do plantio à floração, arquitetura da planta, produtividade e massa de 1000 grãos (Tabela 2). A existência da variabilidade genética entre os genótipos é corroborada pela distribuição de frequência das médias dessas características (Figura 1). Considerando os dias do plantio à floração (Figura 1a), constatou-se a formação de sete classes que ficaram na faixa de 34,4 a 43,3 dias.

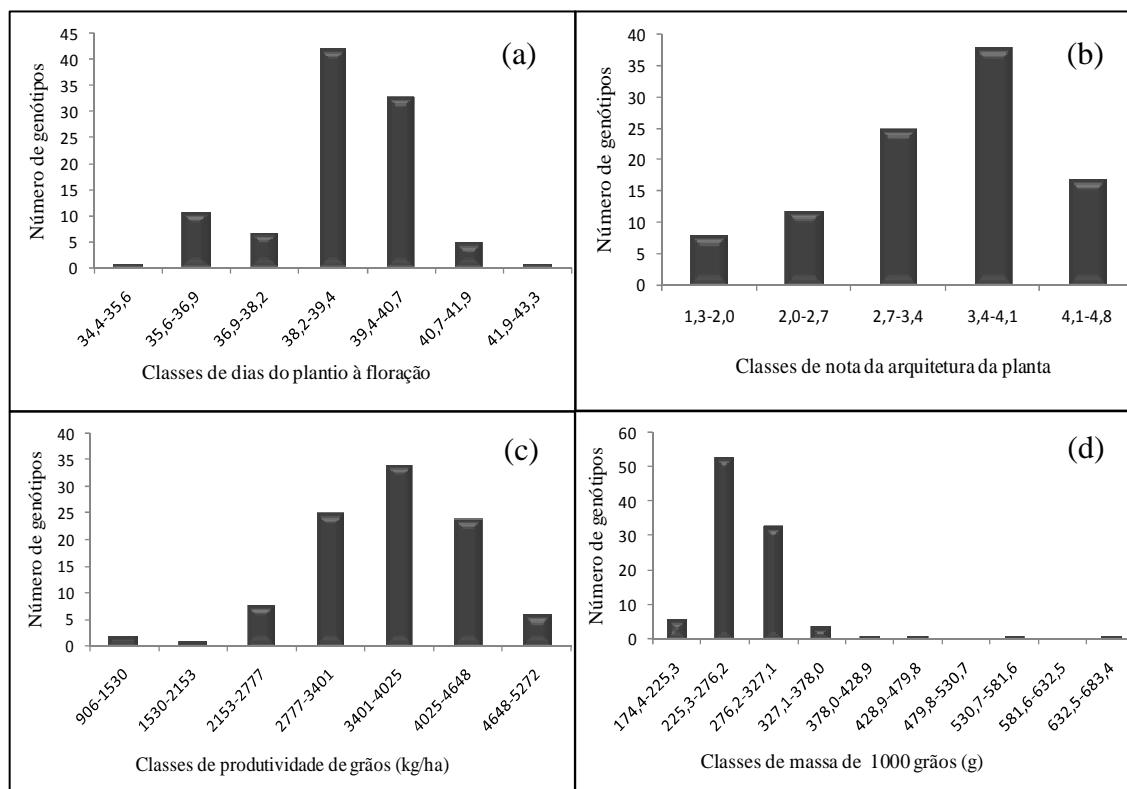


Figura 1 – Distribuição de frequência de dias do plantio à floração (a), arquitetura da planta (b), produtividade de grãos (c) e massa de 1000 grãos (d), obtidos na avaliação de 100 genótipos do BAGF-UFV. Coimbra-MG, 2007.

A nota média de arquitetura da planta variou de 1,3 a 4,8 e originou cinco classes (Figura 1b). Os genótipos PF 9029975, CNFC 9454 e Fe 732015 apresentaram notas inferiores a 2,0 e ficaram na mesma classe do cultivar BRS Supremo, utilizado como testemunha. A arquitetura da planta é um caráter que também tem recebido atenção nos programas de melhoramento de feijão. Neste caso, a finalidade é obter plantas eretas e com vagens mais altas em relação ao solo, por apresentarem vantagens como maior facilidade nos tratos culturais, possibilidade de colheita mecânica e redução da ocorrência de doenças, especialmente do mofo-branco (Collicchio et al., 1997). Outra vantagem de plantas mais eretas é a redução de perda da qualidade dos grãos, caso a colheita coincida com período prolongado de chuvas, uma vez que em plantas mais eretas as vagens não tocam o solo úmido.

Houve sete classes para produtividade de grãos, com variação de 906 a 5272 kg/ha (Figura 1c). Os genótipos V 7936 (5222 kg/ha), Gold Gate (5100 kg/ha), LM 95103904 (4803 kg/ha), 1829 S 349 Venezuela (4847 kg/ha) e 1831 S 353 Venezuela (4678 kg/ha) e a testemunha Ouro vermelho (4845 kg/ha) estiveram na classe dos mais produtivos, com média de produtividade de 4898 kg/ha. Os genótipos

com menor produtividade foram Rosinha Precoce (1443 kg/ha), 1868 Sacavem 1061 (1896 kg/ha) e Vermelho (2404 kg/ha).

Oito classes foram formadas quando se considerou a massa de 1000 grãos (Figura 1d). De acordo com Singh (2001), o tamanho dos grãos de feijão cultivado pode variar de menos de 15 a 90 g por 100 grãos e são agrupados em pequenos (< 25 g), médios (25 a 40 g) e grandes (> 40 g). Com base neste estudo, a maioria dos genótipos apresentou grãos médios. Os genótipos BAT 65, PF 9029975, 1831 S 353 Venezuela, 1867 Sacavem 1031, 1869 Sacavem 1084 e Cornell 49-242 têm grãos pequenos, e os genótipos 1860 Sacavem 63, Manteigão Fôsko 11, DRK 18 e Vermelho, grãos grandes.

Pelo método de agrupamento de Tocher (Tabela 3), a similaridade dos genótipos, em geral, teve relação com o grupo comercial. Todos os genótipos de feijão do grupo comercial preto formaram o grupo I. A disposição de todos os genótipos de grãos pretos dentro de um mesmo grupo também foi relatada por Rodrigues et al. (2002). A maioria dos genótipos de grãos do tipo carioca formou o grupo II. Entretanto, o agrupamento não se restringiu apenas ao grupo comercial. Os genótipos de origem andina, Manteigão fosco 11 e DRK 18 formaram o grupo IV. O genótipo Vermelho fez parte do grupo III. Cabe ressaltar que esse genótipo apresenta grãos grandes, mas estes são mais arredondados do que os do grupo Manteigão e, ainda, está entre os menos produtivos.

Tabela 3 – Agrupamento de 100 genótipos de feijão pelo método de Tocher, com base na matriz de dissimilaridade obtida com base no índice de coincidência simples. Coimbra-MG, 2007

Grupo	Genótipos ¹
I	47, 54, 48, 56, 67, 79, 50, 61, 82, 53, 42, 63, 72, 43, 74, 68, 80, 64, 51, 60, 55, 78, 75, 30, 59, 45, 49, 58, 71, 38, 52, 41, 46, 69, 57, 77, 73, 65, 66, 76, 39, 70, 44, 35, 81, 62, 36, 37, 27, 1, 26, 28, 90, 96, 99, 32, 92, 31, 19, 88, 2, 86, 91, 15, 25, 100, 87, 95, 33, 84
II	5, 20, 21, 22, 11, 9, 18, 7, 10, 12, 16, 4, 17, 14, 3, 13, 8, 6, 85, 89
III	93, 98, 34, 97
IV	23, 24
V	83
VI	94
VII	40
VIII	29

¹ O número do genótipo refere-se ao registro no BAGF-UFV.

Carvalho et al. (2008) salientam que pequena variabilidade dentro de cada grupo, com base em características agronômicas e adaptativas, simultaneamente, é

importante nos trabalhos de melhoramento que objetivam a transferência de uma ou de poucas características. Por outro lado, maior dissimilaridade entre genótipos é importante em trabalhos em que o cruzamento objetiva, além da combinação das características de diferentes genitores, promover maior variabilidade nas populações segregantes.

Pela análise de componentes principais, verificou-se que os dois primeiros componentes explicaram apenas 34% da variação total. Para obter 80% da variação total existente entre os genótipos foram necessários os dez primeiros componentes. Baixa variação nos dois primeiros componentes também foi observada por Machado et al. (2002), Rodrigues et al. (2002) e Chiorato et al. (2005) em estudos realizados com feijoeiro. Cruz e Carneiro (2006) argumentam que, quando pelo menos 80% da variação não for absorvida pelos dois primeiros componentes, a dispersão em um gráfico bidimensional fica prejudicada, não sendo a técnica de componentes principais efetiva na visualização da diversidade genética. Entretanto, mesmo nessas condições, esta análise permite a identificação das variáveis menos importantes na discriminação dos genótipos, quais sejam, de menor variância e, ou, redundantes.

Com base neste critério, a variável de menor importância na discriminação dos genótipos foi o brilho da semente. Entretanto, quando se repetiu o procedimento de agrupamento sem essa variável, o agrupamento foi diferente do original. Este resultado indica que essa variável, apesar de ser a de menor importância, contribui para a diversidade dos genótipos. Dos 22 descritores, os de menor importância, segundo a técnica de componentes principais, foram nesta ordem: brilho da semente, uniformidade da semente, presença de antocianina nos cotilédones, cor primária da vagem seca, cor da flor, hábito de crescimento, presença de antocianina no hipocótilo, forma do ápice da vagem, forma do dente apical e forma da semente. Rodrigues et al. (2002) e Chiorato et al. (2005), em estudos de diversidade genética de feijoeiros, também identificaram esses caracteres como os de menor importância na diversidade genética, exceto o hábito de crescimento. Estes autores ressaltam que, nos estudos de caracterização de feijão devem ser utilizados de 10 a 20 descritores, uma quantidade superior a essa seria desnecessária e onerosa.

4. Conclusões

Os genótipos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da UFV apresentam grande variabilidade morfoagronômica.

A similaridade genética dos genótipos tem relação com a classificação, segundo o grupo comercial e a origem (*pool* gênico).

A variável de menor importância na discriminação dos genótipos foi o brilho da semente.

Os genótipos V 7936, Gold Gate, LM 95103904, 1829 S 349 Venezuela, 1831 S 353 Venezuela e Ouro Vermelho, de alta produtividade, e PF 9029975, CNFC 9454, Fe 732015 e BRS Supremo, de porte ereto, apresentam potencial para uso como genitores nos programas de melhoramento do feijoeiro.

Referências bibliográficas

BORDA, T. C. O. Banco ativo de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris*). Disponível em: <plataformarg.cenargen.embrapa.br/.../pa4-banco-ativo-de-germoplasma-de-feijao-phaseolus-vulgaris>. Acesso em: 18 jul. 2010.

BRASIL. Presidência da República. Decreto nº 2.366, de 5 de novembro de 1997. Regulamenta a Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997, que institui a proteção de cultivares, dispõe sobre o Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – SNPC, e dá outras providências. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, nº 216, 7 de nov. 1997. Seção 1, p. 25333-25354.

CARVALHO, M. F.; CRESTANI, M.; FARIAS, F. L.; COIMBRA, J. L. M.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F. Caracterização da diversidade genética entre acessos crioulos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) coletados em Santa Catarina por marcadores RAPD. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 6, p. 1522-1528, 2008.

CEOLIN, A. C. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; GONELA, A.; SCAPIM, C. A. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, Lund, v. 144, p. 1-9, 2007.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BENCHIMOL, L. L.; CHIAVEGATO, M. B.; DIAS, L. A. S.; COLOMBO, C. A. Genetic diversity in common bean accessions evaluated by means of morpho-agronomical and RAPD data. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 64, n. 3, p. 256-262, 2007.

- CHIORATO, A.F; CARBONELL, S.A.M.; COLOMBO, C.A; DIAS, L.A.S. Genetic diversity of common bean accessions in the germplasm bank of the Instituto Agrônômico – IAC. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 5, p. 1-9, 2005.
- COLLICCHIO, E.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 3, p. 297-304, 1997.
- CRUZ, C. D. **Programa GENES: Diversidade genética**. Viçosa: Editora UFV, 2008. 278 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2, Viçosa: Editora UFV, 2006. 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 1, Viçosa: Editora UFV, 2004. 480 p.
- ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, 2007.
- FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. **Recursos genéticos: conservação, caracterização e uso**. Disponível em: <www.cpac.embrapa.br/publico/usuarios/uploads/cursobiotec/capitulo5.pdf>. Acesso em: 18 jul. 2010.
- MACHADO, C. F.; NUNES, G. H. de; S.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. dos. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 251-258, 2002.
- RAMALHO, A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: Editora UFLA, 2005. 322 p.
- RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 9, p. 1275-1284, 2002.
- SILVA, H. T. DA. Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 32 p. (Embrapa Arroz e Feijão, Documentos 184).
- SINGH, S. Broadening the genetic base of common bean cultivars: A review. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 1659-1675, 2001.
- VALLS, J. F. M. Caracterização de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. (Ed.) **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 281-305.

CAPÍTULO 2

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO QUANTO À QUALIDADE TECNOLÓGICA DOS GRÃOS

Resumo: O objetivo deste trabalho foi caracterizar 100 genótipos de feijão quanto à qualidade tecnológica dos grãos (capacidade de hidratação, tempo de cocção e porcentagem de grãos duros), verificar o grau de associação entre esses caracteres e determinar o tempo ótimo de máxima hidratação dos grãos. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados, com três repetições para capacidade de hidratação e porcentagem de grãos duros e duas repetições para tempo de cocção. A capacidade de hidratação foi determinada a cada duas horas, durante 16 horas. Para efeito de análise desse caráter, utilizou-se o esquema de parcela subdividida no tempo, em que o tempo de embebição foi considerado subparcela. Houve efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipos para todas as variáveis. O tempo ótimo para resposta dos genótipos à máxima hidratação dos grãos variou de 5,0 (184474 G e LM 21135) a 15,9 horas (1864 Sacavem 860). A correlação fenotípica entre capacidade de hidratação máxima e tempo de cozimento foi de -0,838. A correlação fenotípica entre tempo de cocção e porcentagem de grãos duros foi de 0,948. Concluiu-se que tanto a capacidade de hidratação quanto a porcentagem de grãos duros podem ser utilizados como métodos indiretos para avaliar o tempo de cozimento dos grãos; o tempo de 16 horas para a hidratação prévia dos grãos, recomendado pela metodologia-padrão, é adequado para avaliar o tempo de cocção dos grãos de feijão.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; tempo de cocção; capacidade de hidratação.

CHARACTERIZATION OF GENOTYPES AS TO THE TECHNOLOGICAL QUALITY OF BEANS GRAINS

Abstract: The objective of this works was to characterize 100 genotypes as to the technological quality of bean grains (hydration capacity, cooking time and hard-shell grain percentage), verify the degree of association between these characters and determine the optimum time of maximum grain hydration. The experiment was arranged in a randomized block design, with three repetitions to evaluate hydration capacity and hard-shell grain percentage, and with two repetitions, for cooking time. Hydration capacity was determined each two hours, over 16 hours. For analysis effect this trait a split-plot design was used, with soaking time being considered the split-plot. There was a significant effect ($P < 0.01$) from the genotypes on all variables. The optimal time for response of genotypes to the maximum hydration of grains ranged from 5 (184474 G and LM 21135) to 15.9 hours (1864 Sacavem 860). Phenotypic correlation between maximum hydration capacity and cooking time was of -0.838. Phenotypic correlation between cooking time and hard-shell grain percentage was of 0,948. It is concluded that both the hydration capacity as the hard-shell grain percentage can be used as indirect method to assess the time of cooking of grains; time of 16 hours to hydration of the grains recommended by standard methodology, it is appropriate to assess the cooking time of the grains of beans.

Key words: *Phaseolus vulgaris*, cooking time, hydration capacity.

1. Introdução

A qualidade dos grãos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) está relacionada à aceitabilidade ao consumo. As principais características tecnológicas dos grãos são a capacidade de hidratação e o tempo de cozimento (Carbonell et al., 2003; Coelho et al., 2009; Corrêa et al., 2010). Estas características são influenciadas pela constituição genotípica e pelas condições ambientais durante o cultivo e o armazenamento dos genótipos (Dalla Corte et al., 2003; Rodrigues et al., 2005b; Coelho et al., 2009).

As diferenças entre genótipos quanto ao tempo de cocção são fortemente influenciadas por duas características: o desenvolvimento de casca dura *hard-shell* e alterações nos cotilédones, provocando o efeito *hard-to-cook* (Brackmann et al., 2002; Dalla Corte et al., 2003). O desenvolvimento da casca dura impede a reidratação dos grãos; é favorecido pelas condições de baixa umidade relativa no local de armazenamento e pelo alto teor de água nos grãos (Resende et al., 2008). Por outro lado, o efeito *hard-to-cook*, reduz o valor nutritivo do feijão, principalmente pelo maior tempo de cocção requerido para obtenção da textura desejada (Coelho et al., 2009; Corrêa et al., 2010). Estocagem prolongada a altas temperaturas (40 °C) e umidade relativa de 76% favorecem o aparecimento desse defeito (Coelho et al., 2009).

A identificação de germoplasma com rápida capacidade de hidratação e menor tempo de cozimento (Carbonell et al., 2003), é indispensável para o sucesso de uma nova cultivar. No entanto, a principal dificuldade para se avaliar esse caráter é dispor de método eficiente e rápido para a quantificação do tempo de cocção (Costa et al., 2001).

A metodologia comumente utilizada para determinar o tempo de cocção consiste no cozimento do feijão após ser hidratado por 16 horas, utilizando o cozedor experimental de Mattson (Mattson, 1946). Alguns estudos demonstraram variação entre genótipos quanto ao tempo necessário para a máxima hidratação dos grãos (Ramos Júnior et al., 2005; Rodrigues et al., 2005a; Corrêa et al., 2010). Entretanto, esses trabalhos foram realizados com poucos genótipos, especialmente com cultivares já recomendadas, o que enfatiza a necessidade de estudos com maior número de genótipos.

O método-padrão para determinação do tempo de cocção com o uso do cozedor Mattson (Mattson, 1946), apesar de simples e eficiente, é demorado e trabalhoso quando o número de amostras é grande (Coelho et al., 2008). Este fato limita o seu uso, especialmente, nas etapas iniciais do pré-melhoramento. Uma opção é a identificação de

outros caracteres mais fáceis de avaliar e que estejam associados ao tempo de cozimento (Rodrigues et al., 2005a).

O uso da capacidade de hidratação dos grãos, ou seja, o tempo para o grão atingir a máxima hidratação, pode ser um método indireto para avaliar o tempo de cozimento dos grãos. A relação direta entre essas características foi verificada por Scholz e Fonseca Júnior (1999), Rodrigues et al. (2005a), Pujolà et al. (2007) e Corrêa et al. (2010). Entretanto, este procedimento tem sido questionado em virtude da baixa ou nenhuma correlação encontrada em outros trabalhos (Carbonell et al., 2003; Dalla Corte et al., 2003; Coelho et al., 2008). Estes resultados podem ser devidos à falta de padronização metodológica e, ou, ainda devido ao pequeno número de genótipo (Dalla Corte et al., 2003; Coelho et al., 2009).

O objetivo foi caracterizar 100 genótipos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade Federal de Viçosa quanto aos caracteres relacionados à qualidade tecnológica dos grãos (capacidade de hidratação, tempo de cocção e porcentagem de grãos duros); verificar o grau de associação entre esses caracteres; e determinar o tempo ótimo de máxima hidratação dos grãos.

2. Material e métodos

As sementes de 100 genótipos de feijão do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal de Viçosa (BAGF-UFV) (Tabela 1) foram multiplicadas visando à sua regeneração e à sua uniformidade. Para isto, foi conduzido um experimento em campo, em Coimbra-MG, no delineamento em látice quadrado triplo, na safra da seca de 2007. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 2 m, espaçadas de 0,5 m. Na maturação fisiológica (R9), os grãos foram colhidos e armazenados em potes plásticos, em câmara fria à temperatura de 4 °C e 45% de umidade, até o momento das avaliações.

Os experimentos de avaliação da qualidade tecnológica dos grãos (capacidade de hidratação, tempo de cozimento e porcentagem de grãos duros) dos genótipos foram conduzidos em 2008, no laboratório do Programa de Melhoramento de Feijão da UFV. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com três repetições para capacidade de hidratação e porcentagem de grãos duros e duas repetições para tempo de cocção.

Tabela 1 – Grupo comercial e origem de 100 genótipos do BAGF-UFV, avaliados quanto à qualidade tecnológica dos grãos. Viçosa-MG, 2008

Genótipo	Grupo Comercial	Origem	Genótipo	Grupo Comercial	Origem
EMP-117	Carioca	Embrapa	BAT 304	Preto	CIAT, Colômbia
AN 910518	Carioca	Embrapa	V 7936	Preto	Desconhecida
FEB 171	Carioca	CIAT, Colômbia	GF 2570	Preto	CIAT, Colômbia
PF 902975	Carioca	ESAL/Embrapa	LM 21135	Preto	Embrapa
LR 720982 CP	Carioca	Embrapa	Fe 732015	Preto	Embrapa
38 F	Carioca	Desconhecida	Fe 731998	Preto	Embrapa
Raça D	Carioca	Desconhecida	AN 911120	Preto	Embrapa
CNFC 9444	Carioca	Embrapa	AN 911104	Preto	Embrapa
CNFC 8006	Carioca	Embrapa	SC 9029935	Preto	Embrapa
CNFC 9466	Carioca	Embrapa	51051	Preto	Desconhecida
CNFC 9455	Carioca	Embrapa	Ouro Negro	Preto	UFV/EPAMIG
CNFC 9454	Carioca	Embrapa	Meia Noite	Preto	EPAMIG
CNFC 9458	Carioca	Embrapa	BRS Valente	Preto	Embrapa
FEB 199	Carioca	CIAT, Colômbia	CB 733782	Preto	Embrapa
Carioca 1030	Carioca	IAC	ICA Pijão	Preto	CIAT, Colômbia
LM 96108664	Carioca	Embrapa	IAPAR 44	Preto	IAPAR
LM 95102682	Carioca	Embrapa	Porrillo 70	Preto	CIAT, Colômbia
LM 96107218	Carioca	Embrapa	ARC-1	Preto	CIAT, Colômbia
BR-IPA-11 (Brígida)	Carioca	Embrapa/IPA	LM 95103904	Preto	Embrapa
Pérola	Carioca	Embrapa	CB 733760	Preto	Embrapa
BRSMG Talismã	Carioca	UFV, UFLA, Epamig, Embrapa	LM 95103786	Preto	Embrapa
BRSMG Majestoso	Carioca	UFV, UFLA, Epamig, Embrapa	POT 51	Preto	CIAT, Colômbia
Manteigão Fôsko 11	Manteigão	UFV	LM 95103856	Preto	Embrapa
DRK 18	Manteigão	Desconhecida	2970196	Preto	UFV
1835 S 459 Venezuela	Mulatinho	Estação Experimental Patos	2970149	Preto	UFV
1862 Sacavem 538	Mulatinho	Estação Experimental Patos	2970168	Preto	UFV
1864 Sacavem 860	Mulatinho	Estação Experimental Patos	2970264	Preto	UFV
1868 Sacavem 1061	Mulatinho	Estação Experimental Patos	Serrano	Preto	Emcapa

Continua...

Tabela 1, Continuação

Genótipo	Grupo Comercial	Origem	Genótipo	Grupo Comercial	Origem
3272	Mulatinho	CIAT, Colômbia	Rico 1735	Preto	UFV/EPAMIG
LM 96107901	Mulatinho	Embrapa	BR-2-Grande Rio	Preto	Embrapa/PESAGRO
Vinagre	Mulatinho	Desconhecida	BRS Supremo	Preto	Embrapa
1843 55 G	Outros*	Estação Experimental Patos	BRS Valente	Preto	Embrapa
1860 Sacavem 63	Outros*	Estação Experimental Patos	CNFRJ 10301	Outros*	Embrapa
1852 Taquari Sarges	Outros*	Estação Experimental Patos	HI 822510	Rosinha	Embrapa
S-856-B	Outros*	Costa Rica	LM 30013	Rosinha	Embrapa
Golden Gate	Outros*	Beltsville, Maryland	Rosinha G2	Rosinha	IAC
P. White 6301	Preto	University of California	Rosinha precoce	Rosinha	Produtor
1829 S 349 Venezuela	Preto	Estação Experimental Patos	P-36	Roxo	Embrapa
1831 S 353 Venezuela	Preto	Estação Experimental Patos	FEB (desc.)	Roxo	Desconhecida
1836 S 464 Venezuela	Preto	Estação Experimental Patos	AN 910522	Carioca	Embrapa
1840 4 PS	Preto	Estação Experimental Patos	1845 77 G	Vermelho	Estação Experimental Patos
1844 74 G	Preto	Estação Experimental Patos	1849 Floresta 13041	Vermelho	Estação Experimental Patos
1867 Sacavem 1031	Preto	Estação Experimental Patos	1861 Sacavem 486	Vermelho	Estação Experimental Patos
1869 Sacavem 1084	Preto	Estação Experimental Patos	Field grown 49-242	Vermelho	Corwell Univ.
Costa Rica	Preto	Pernambuco	CNFC 5552	Mulatinho	Esal
Cornell 49-242	Preto	Austrália	Vi-16-3-3	Vermelho	UFV
P.16 Trujillo 4	Preto	CIAT, Colômbia	Vermelho	Outros	Desconhecida
P 501 (Puebla 199)	Preto	CIAT, Colômbia	Ouro Vermelho	Vermelho	UFV, UFLA, Epamig, Embrapa
P 326 (PI 310.740)	Preto	CIAT, Colômbia	Vermelhinho	Vermelho	Viçosa-MG
BAT 65	Preto	CIAT, Colômbia	Vermelho 2157	Vermelho	CIAT, Colômbia

* Classificados como jalinho, rajado, pintado, enxofre ou pardo.

A capacidade de hidratação foi avaliada utilizando uma amostra de 8 g de grãos hidratados com 100 mL de água destilada e mantida à temperatura ambiente durante 16 horas. A cada duas horas as amostras foram retiradas dos recipientes e colocadas sobre papel toalha para eliminação da água sobre a superfície dos grãos e avaliação da capacidade de hidratação dos grãos. A quantidade de água absorvida foi determinada pelo método descrito por Garcia-Vela e Stanley (1989). Este método leva em consideração a diferença de massa antes e após a embebição. A estimativa da capacidade de hidratação dos grãos foi realizada por meio da seguinte expressão: $\text{volume absorvido} = [(\text{volume inicial} - \text{volume final})/\text{volume inicial} \times 100]$. Para efeito de análise estatística utilizou-se o esquema de parcela subdividida no tempo, em que o tempo de embebição foi considerado subparcela.

A porcentagem de grãos duros foi determinada após imersão de 100 grãos em 200 mL de água destilada, por 16 horas, em temperatura ambiente. Foram contados os grãos que não absorveram água, identificados pelo enrugamento da casca.

O tempo de cocção foi determinado utilizando-se uma amostra de 50 grãos de cada genótipo. As repetições constaram de 25 grãos, previamente imersa em 50 mL de água destilada durante 16 horas. Após a hidratação, os grãos foram cozidos, utilizando o cozedor de Mattson (Mattson, 1946). Este equipamento consta de 25 estiletos em posição vertical, cada um pesando 90 g. A ponta do estilete tem diâmetro de 0,15 cm e fica apoiada, perpendicularmente, sobre um grão. O aparelho é colocado no interior de um béquer de 2 L, com 1 L de água em estado de ebulição. Durante o cozimento, o aparelho, ou seja, os receptáculos e a parte dos estiletos foram mantidos dentro da água fervente. Os grãos foram considerados cozidos quando 13 grãos (metade + 1) foram trespassados pelos estiletos.

Realizou-se análise de variância. As médias de tempo de cozimento e porcentagem de grãos duros foram agrupadas por classes, com base na distribuição de frequência descrita por Ramalho et al. (2005). Quanto à capacidade de hidratação, foi realizada análise de regressão linear de Platô para cada genótipo. O modelo de regressão linear de resposta Platô (MLRP) consiste em determinar uma reta crescente ou decrescente, em conjunto com uma reta constante, de forma que o valor da abscissa no ponto de encontro (X_0) corresponde ao tempo ótimo de máxima hidratação dos grãos. Para esta análise o modelo estatístico é dado por:

$$\hat{Y}_i = \begin{cases} \beta_0 + \beta_1 X_i + e_i, & \text{se } X_i \leq X_0 \\ P + e_i, & \text{se } X_i > X_0 \end{cases}$$

em que

β_0, β_1 são os parâmetros do modelo a serem estimados na equação da reta;

e_i , os erros aleatórios;

P é o platô, ou seja, a constante que representa o comportamento de Y_i após o ponto X_0 ;

Y_i é a variável dependente; e

X_i é a variável independente.

O método usual para estimativa dos parâmetros β_0 e β_1 , é dos Mínimos Quadrados (MMQ). Este método consiste em adotar como estimativas dos parâmetros a combinação que tenha apresentado a menor soma de quadrados dos desvios (ou dos erros). O MLRP permite a comparação de combinações alternativas de retas e platô, o que permite escolher como melhor opção de ajustamento a combinação que tenha apresentado a menor soma de quadrados dos desvios.

A análise de regressão linear de resposta Platô foi feita no programa Sistemas de Análises Estatísticas (SAEG) (SAEG, 2007). Também foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre as variáveis, com auxílio do programa Genes (Cruz, 2006).

3. Resultados e discussão

Houve efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipos sobre todas as variáveis (Tabela 2). A interação genótipos x tempo de embebição foi significativa ($P < 0,01$) para capacidade de hidratação. Este fato sugere resposta diferenciada dos genótipos quanto à capacidade de hidratação. As estimativas dos coeficientes de determinação genotípica foram altas para capacidade de hidratação (99,2%), tempo de cozimento (99,7%) e porcentagem de grãos duros (99,8%), o que indica facilidade para seleção dessas características.

A capacidade de hidratação dos grãos aumentou com o tempo de embebição, até o ponto em que se atingiu a máxima hidratação (Figura 1). Cerca de 90% dos genótipos apresentavam capacidade de hidratação acima de 80%, com 6 a 7 horas de embebição dos grãos. Observaram-se elevados valores do coeficiente de determinação (r^2) (Figura 1), evidenciando que as equações foram satisfatórias na descrição do fator em estudo.

Tabela 2 – Resumo das análises de variância da capacidade de hidratação (CH), em diferentes tempos de embebição, tempo de cozimento em minutos (TC) e porcentagem de grãos duros (GD) de 100 genótipos do BAGF-UFV. Viçosa-MG, 2008

FV	CH		FV	TC		GD	
	GL	QM		GL	QM	GL	QM
Blocos	2	1664,176	Blocos	1	0,031	2	0,480
Genótipos (G)	99	9664,817**	Genótipos	99	347,790**	99	623,868**
Erro 1	198	75,469	Erro	99	0,931	198	1,177
Tempo (T)	7	108674,776**					
G x T	693	282,875**					
Erro 2	1.400	9,084					
Média		77,7	Média		29,8		3,5
CV 1 (%)		11,2	CV (%)		3,2		31,4
CV 2 (%)		3,9			-		-
h ² (%) ⁺		99,2			99,7		99,8

** Efeito significativo a 1% de probabilidade de erro pelo teste F.

⁺ Coeficiente de determinação genotípico.

O tempo ótimo para a resposta a máxima capacidade de hidratação (quando atinge o platô) variou de 5 horas a 15h54 (Tabela 3). Os genótipos 184474 G (95,8%) e LM 21135 (96,1%) atingiram a máxima hidratação em 5 horas e permaneceram estáveis até o tempo final de 16 horas de hidratação. O genótipo CNFC 5552 levou um tempo maior para atingir o pico de absorção de água (15,7 h). No entanto, a capacidade de hidratação (82,9%) foi semelhante aos demais, sendo relativamente constante desde o início do processo de imersão dos grãos. Os piores tempos de máxima hidratação foram dos genótipos 1862 Sacavem 538 (15,8 horas) e 1864 Sacavem 860 (15,9 horas), indicando a necessidade de hidratação dos genótipos por 16 horas antes do cozimento, conforme preconizado na metodologia-padrão.

A capacidade de hidratação máxima variou de 9,4 a 109,6% (Tabela 3). O genótipo 1849 Floresta 13041 foi o que absorveu a maior quantidade de água em seu pico de hidratação (109,6%), com tempo ótimo para hidratação de 6,6 horas. O contrário ocorreu para os genótipos 1868 Sacavem 1061, 1862 Sacavem 538, Vi-16-3-3 e 1864 Sacavem 860, apresentando as menores porcentagens de hidratação, mesmo no tempo ótimo de máxima hidratação. Ainda vale salientar que esses genótipos foram também os que apresentaram maiores porcentagens de grãos duros e maior tempo de cocção.

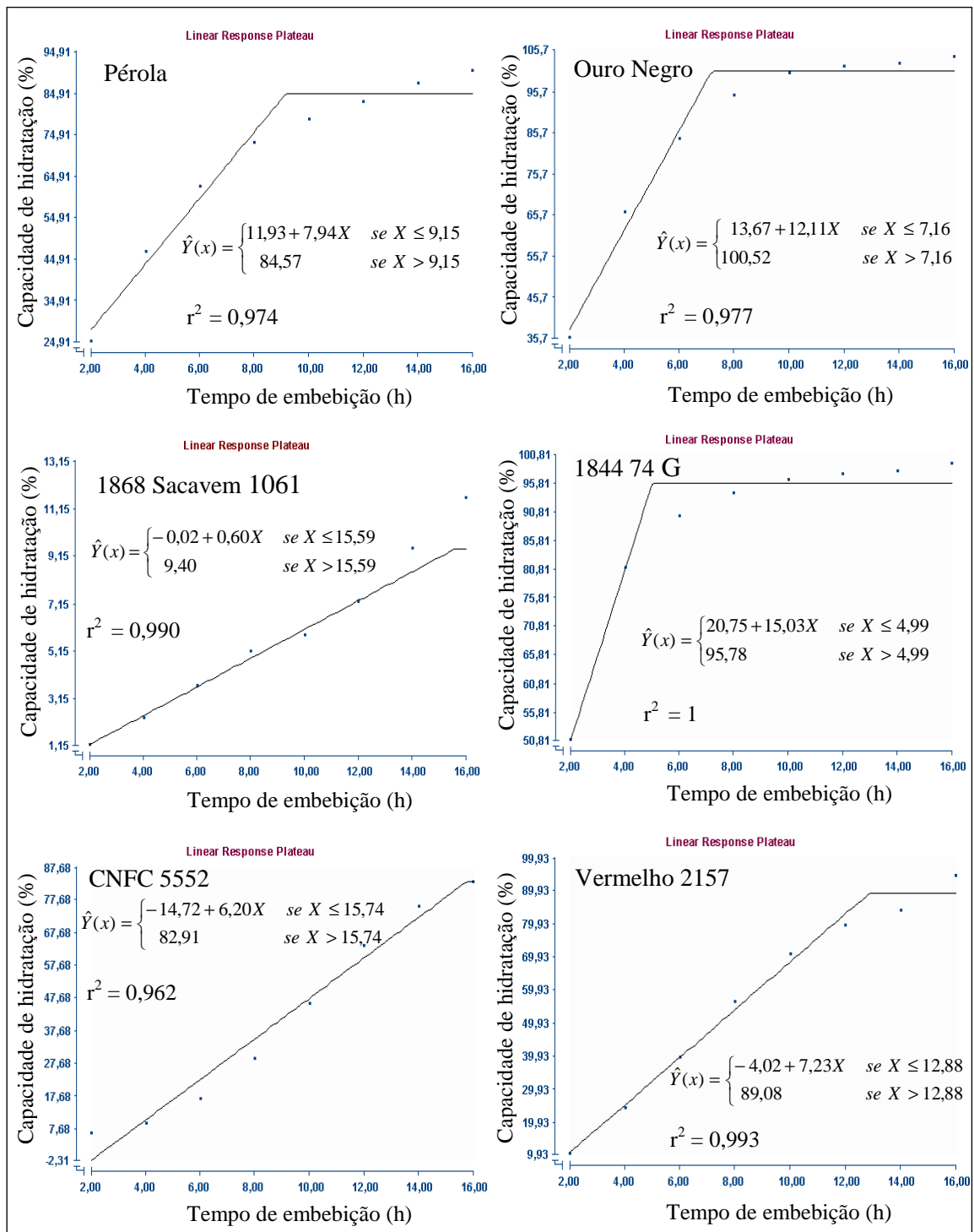


Figura 1 – Capacidade de hidratação, em função do tempo de embebição dos grãos de seis genótipos do BAGF-UFV. Viçosa-MG, 2008.

Tabela 3 – Tempo ótimo de resposta à máxima hidratação dos grãos (TR), capacidade de hidratação máxima (CH), tempo de cozimento (TC) e porcentagem de grãos duros (GD) de 100 genótipos do BAGF-UFV. Viçosa-MG, 2008

Genótipo	TR (horas)	CH (%)	GD (%)	TC (mim.)	Genótipo	TR (horas)	CH (%)	GD (%)	TC (mim.)
1844 74 G	5,0	95,8	0,0	28,8	IAPAR 44	8,5	92,2	0,0	28,0
LM 21135	5,0	96,1	0,0	31,8	P. White 6301	8,6	103,8	0,0	44,7
51051	5,1	96,7	0,0	29,3	BRS Supremo	8,6	101,2	0,0	26,8
AN 911104	5,1	95,2	0,0	30,6	CB 733760	8,7	97,5	0,0	24,3
Rosinha precoce	5,1	95,3	0,0	27,1	LM 95103904	8,7	96,7	0,0	24,7
LM 30013	5,2	97,6	0,0	24,8	BRS Valente	8,7	94,5	0,3	23,3
2970196	6,6	93,8	0,0	23,8	AN 910522	8,7	98,4	1,0	22,0
1861 Sacavem 486	6,6	105,8	0,0	30,0	SC 9029935	8,7	102,6	0,3	26,5
2970264	6,6	97,7	0,0	22,5	38 F	8,8	100,9	0,0	37,4
1845 77 G	6,6	107,7	0,0	30,2	BRSMG Talismã	8,8	96,6	0,0	22,7
1831 S 353 Venezuela	6,6	97,5	0,0	28,0	LR 720982 CP	8,8	98,5	0,7	30,1
1849 Floresta 13041	6,6	109,6	0,0	27,9	GF 2570	8,8	94,6	0,0	24,5
1829 S 349 Venezuela	6,7	93,8	0,0	32,8	BR-IPA-11 (Brígida)	8,9	87,2	0,3	26,8
1840 4 PS	6,7	96,1	0,0	28,2	ARC 1	8,9	98,5	0,0	32,0
BR-2-Grande Rio	6,7	99,6	0,0	23,1	LM 96107218	9,0	98,2	0,0	22,6
2970149	6,7	100,1	0,0	27,3	Meia Noite	9,0	102,6	0,0	21,9
POT 51	6,7	93,1	0,0	27,6	S-856-B	9,1	102,3	0,0	27,3
Manteigão Fôsko 11	6,8	99,7	0,0	20,3	Fe 731998	9,1	99,2	0,0	24,3
HI 822510	6,8	95,7	0,0	25,3	AN 910518	9,1	97,5	0,0	29,1
3272	6,8	97,2	0,0	26,0	Vermelho	9,1	94,0	0,0	28,4
Field grown 49-242	6,8	99,2	0,3	31,4	Pérola	9,2	84,6	0,0	24,1
CNFC 8006	6,8	103,1	0,0	24,0	Raça D	9,2	94,2	0,3	32,8
CNFRJ 10301	6,8	92,4	0,0	31,0	1867 Sacavem 1031	9,2	95,6	0,0	25,5
CNFC 9444	6,8	99,0	0,0	20,2	P 326 (PI 310.740)	9,2	96,7	0,0	21,8
BAT 304	6,8	101,4	0,0	28,8	P.16 Trujillo 4	9,3	100,7	0,0	24,3

Continua...

Tabela 3, Continuação

Genótipo	TR (horas)	CH (%)	GD (%)	TC (mim.)	Genótipo	TR (horas)	CH (%)	GD (%)	TC (mim.)
P-36	6,9	93,7	0,0	30,2	Rosinha G2	9,3	89,9	0,7	22,1
AN 911120	6,9	96,9	0,0	35,4	Fe 732015	9,3	99,0	0,0	25,9
FEB (desc.)	6,9	98,5	0,7	21,7	Golden Gate	9,4	101,0	0,0	26,8
ICA Pijão	6,9	98,8	0,0	30,0	Cornell 49-242	10,5	95,6	0,0	28,7
Porriño 70	6,9	99,4	0,0	32,2	LM 95102682	11,0	92,0	0,3	25,9
FEB 171	6,9	98,0	0,0	32,9	1852 Taquari Sarges	11,1	97,9	0,0	30,0
CNFC 9454	6,9	103,0	0,0	26,7	LM 96108664	11,3	89,4	0,0	31,8
DRK 18	6,9	98,6	0,0	22,8	2970168	11,4	91,3	1,0	26,9
CNFC 9458	6,9	100,4	0,0	22,9	PF 902975	12,4	66,7	6,7	31,0
BAT 65	7,0	94,3	0,0	25,2	BRSMG Majestoso	12,5	100,7	0,0	27,4
Ouro Vermelho	7,0	99,7	0,0	25,9	Vinagre	12,8	82,8	3,3	27,8
RICO 1735	7,0	95,6	0,0	24,6	EMP-117	12,9	95,7	8,0	39,0
BRS Valente	7,1	92,3	0,0	28,3	Vermelho 2157	12,9	89,1	13,7	36,7
Costa Rica	7,1	99,4	0,0	28,4	CB 733782	12,9	94,1	1,0	23,7
CNFC 9455	7,1	100,8	0,0	20,0	1860 Sacavem 63	12,9	89,2	3,0	33,0
LM 95103786	7,1	99,0	0,0	25,0	Vi-16-3-3	13,3	20,5	68,3	82,2
Carioca 1030	7,2	93,1	0,0	27,4	LM 95103856	13,6	90,7	0,0	25,0
Ouro Negro	7,2	100,5	0,0	25,3	1843 55 G	14,8	94,1	1,3	30,6
1835 S 459 Venezuela	7,2	99,5	0,3	27,4	LM 96107901	14,9	77,3	0,7	26,0
Vermelhinho	7,2	99,5	0,0	25,9	P 501 (Puebla 199)	15,6	76,2	7,3	35,6
CNFC 9466	7,2	100,3	0,0	20,0	1868 Sacavem 1061	15,6	9,4	96,0	119,
V 7936	7,3	97,6	0,0	28,1	CNFC 5552	15,7	82,9	10,3	32,9
Serrano	7,3	95,5	0,0	25,5	1862 Sacavem 538	15,8	15,8	76,3	90,5
FEB 199	8,3	99,1	0,0	25,7	1864 Sacavem 860	15,9	22,7	39,7	52,2
1869 Sacavem 1084	8,5	100,2	0,0	24,4					

Corrêa et al. (2010) estudaram a capacidade de hidratação em sete cultivares de feijão. Estes autores verificaram hidratação máxima com 11,33 e 14,33 horas de embebição dos grãos. No entanto, Ramos Júnior et al. (2002) encontraram valores mais elevados para as variedades de feijão-preto, que apresentaram um tempo médio de 19,2 horas para completa hidratação, e valores menores para o grupo carioca (8,2 a 12,2 horas), de acordo com o genótipo avaliado.

Quanto à porcentagem de grãos duros, 73 genótipos apresentaram porcentual nulo ou reduzido de grãos que não se hidrataram (0,0%) (Tabela 3), o que é um aspecto favorável em termos de qualidade tecnológica dos grãos. Baixa porcentagem de grãos duros (média geral = 3,74%) em feijão, também foi obtida por Ramos Júnior et al. (2005) e Rodrigues et al. (2005a).

O tempo de cozimento dos grãos variou de 20,0 a 119,0 minutos (Tabela 3). Dos 100 genótipos, 72 apresentaram tempos de cozimento menores que 30 minutos. Entre os genótipos com menor tempo, destacaram-se os do grupo carioca (CNFC 9455, CNFC 9466 e CNFC 9444) e o Manteigão Fosco 11. Os genótipos com maior tempo de cozimento foram os do grupo vermelho (Vi-16-3-3) e do grupo mulatinho (1864 Sacavem 860, 1862 Sacavem 538, 1868 Sacavem 1061), com 82,2 a 119,0 minutos. Estes genótipos foram também os que apresentaram elevado tempos de resposta à máxima hidratação, a baixa capacidade de hidratação e à maior quantidade de grãos duros.

O elevado tempo de cocção dos grãos de feijão pode ser devido à menor permeabilidade do tegumento, resultando em hidratação mais lenta durante o cozimento (Resende et al., 2008). Pujola et al. (2007) atribuíram esta menor permeabilidade a participação do cálcio e do magnésio na estabilização da molécula de pectina, resultando no endurecimento do tegumento. Outro fator que pode elevar o tempo de cocção é a impermeabilidade dos cotilédones à água (*hard-to-cook*), que se devem às modificações químicas que ocorrem antes e durante o cozimento (Castellanos et al., 1995).

A impermeabilidade dos cotilédones pode ser atribuída, parcialmente, à competição pela água entre a coagulação da proteína e o inchamento do amido. Com a coagulação das proteínas nos grãos, há formação de uma barreira física que restringe a absorção de água e impede a gelatinização do amido durante o cozimento, o que leva ao aumento do tempo de cozimento desses grãos (Coelho et al., 2009).

Variabilidade genética para tempo de cozimento em feijão tem sido constatada, com valores entre 13,51 a 67,5 minutos (Carbonell et al., 2003; Dalla Corte et al., 2003; Corrêa et al., 2010). Baixo tempo de cozimento (menor que 30 minutos) é importante do ponto de vista nutricional por diminuir perdas de sólidos, evitar a perda de vitaminas e proteínas (Pujola et al., 2007; Ramírez-Cárdenas et al., 2008; Coelho et al., 2009) e reduzir gasto de energia (Corrêa et al., 2010) e de capital (Rodrigues et al., 2005b).

Em geral, a magnitude dos valores dos coeficientes de correlação genotípicos, fenotípicos e ambiental foi alta e de mesmo sinal (Tabela 4), indicando a influência dos fatores genéticos e ambientais na associação entre as características. A correlação fenotípica entre os caracteres tempo de cocção e a porcentagem de grãos duros foi positiva e alta, sugerindo que os feijões que absorvem menos água precisam de um maior tempo de cocção (Rodrigues et al., 2005a; Ramírez-Cárdenas et al., 2008).

Tabela 4 – Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental das características tempo de cozimento (TC), capacidade de hidratação (CH) e porcentagem de grãos duros (GD) de 100 genótipos do BAGF-UFV. Viçosa-MG, 2008

Característica	CH (%)			GD (%)		
	Fenotípica	Genotípica	Ambiental	Fenotípica	Genotípica	Ambiental
TC (min.)	-0,838	-0,847	-0,046	0,948	0,949	-0,013
GD (%)	-0,908	-0,915	-0,431	-	-	-

A capacidade de hidratação máxima e o tempo de cozimento apresentaram correlação genotípica negativa e de alta magnitude, o que indica que genótipos com maior capacidade de hidratação apresentam menor tempo de cozimento (Tabela 4). Esse resultado discorda dos obtidos por Dalla Corte et al. (2003) e Coelho et al. (2008), que encontraram correlação baixa e não significativa entre esses caracteres. Carbonell et al. (2003), embora encontrassem correlação positiva, ela foi de baixa a média magnitude. Provavelmente, os resultados discordantes se devem ao reduzido número de genótipos avaliados por estes autores. Vale destacar que neste estudo, ao contrário dos demais, avaliou-se grande número de genótipos. Entretanto, os resultados obtidos neste estudo corroboram com os encontrados por Rodrigues et al. (2005a) e Corrêa et al. (2010), os quais sugerem que a capacidade de hidratação pode ser um indicativo para seleção de genótipos, visando menor tempo de cocção.

4. Conclusões

Os grãos da maioria dos genótipos apresentaram características favoráveis quanto à sua qualidade tecnológica.

Tanto a capacidade de hidratação quanto a porcentagem de grãos duros podem ser utilizadas como indicativo do tempo de cozimento dos grãos.

O tempo de 16 horas para a hidratação prévia dos grãos, recomendado pela metodologia-padrão, é adequado para avaliar o tempo de cocção dos grãos de feijão.

Referências bibliográficas

BRACKMANN, A.; NEUWALD, D. A.; RIBEIRO, N. D.; MEDEIROS, E. A. A. Condição de armazenamento de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo carioca FT Bonito. **Revista Brasileira de Armazenamento**, Viçosa, v. 27, n. 1, p. 16-20, 2002.

CARBONELL, S. A. M.; CARVALHO, C. R. L.; PEREIRA, V. R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 3, p. 369-379, 2003.

CASTELLANOS, J. Z.; GUZMAN-MALDONADO, H.; ACOSTAGALLEGOS, J. A.; KELLY, J. D. Effects of hard-shell character on cooking time of common beans grown in the semiarid highlands of Mexico. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 69, p. 437-443, 1995.

COELHO, C. M. M.; SOUZA, C. A.; DANELLI, A. L. D.; PEREIRA, T.; SANTOS, J. C. P.; PIAZZOLI, D. Capacidade de cocção de grãos de feijão em função do genótipo e da temperatura da água de hidratação. **Ciências e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 4, p. 1080-1086, 2008.

COELHO, S. R. M.; PRUDENCIO, S. E.; NÓBREGA, L. H. P.; LEITE, C. F. R. Alterações no tempo de cozimento e textura dos grãos de feijão comum durante o armazenamento. **Ciências e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 2, p. 539-544, 2009.

CORRÊA, M. M.; CARVALHO, L. M. J.; NUTTIB, M. R.; CARVALHO, J. L. V.; HOHN NETO, A. R.; RIBEIRO, E. M. G. Water absorption, hard shell and cooking time of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **African Journal of Food Science and Technology**, Nigeria, v. 1, n. 1, p. 13-20, 2010.

COSTA, G. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Variabilidade para absorção de água nos grãos de feijão do germoplasma da UFLA. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 4, p. 1017-1021, 2001.

CRUZ, C. D. **Programa Genes** - Estatística experimental e matrizes. 1. ed. v. 1, Viçosa: Editora UFV, 2006. 285 p.

DALLA CORTE, A.; MODA-CIRINO, V.; SCHOLZ, M. B. da S.; DESTRO, D. Environment effect on grain quality in early common bean cultivars and lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 3, n. 3, p. 193-202, 2003.

GARCIA-VELA, L. A.; STANLEY, D. W. Water-holding capacity in hard-to-cook bean (*P. vulgaris* L.): effect of pH and ionic strength. **Journal of Food Science**, Chicago, v. 54, n. 4, p. 1080-1081, 1989.

MATTSON, S. The cookability of yellow peas: a colloidchemical and biochemical study. **Acta Agriculturae Scandinavica**, Stockholm, v. 2, n. 1, p. 185-231, 1946.

PUJOLA, M.; FARRERAS, A.; CASANAS, F. Protein and starch content of raw, soaked and cooked beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Chemistry**, Reino Unido, v. 102, n. 4, p. 1034-1041, 2007.

RAMALHO, A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de planta**. 2. ed. Lavras: Editora UFLA, 2005. 322 p.

RAMIREZ-CÁRDENAS, L. R.; LEONEL, A. J.; COSTA, N. M. B. Efeito do processamento doméstico sobre o teor de nutrientes e de fatores antinutricionais de cultivares de feijão comum. **Ciência e Tecnologia dos Alimentos**, Campinas, v. 28, n. 1, p. 200-213, 2008.

RAMOS JÚNIOR, E. U.; LEMOS, L. B.; PALOMNO, E. C. Características produtivas e tecnológicas de genótipos de feijão. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 7., 2002. Viçosa-MG. **Anais...** Viçosa-MG, 2002. p. 267-269.

RAMOS JÚNIOR, E. U.; LEMOS, L. B.; SILVA, T. R. B. Componentes da produção, produtividade de grãos e características tecnológicas de cultivares de feijão. **Bragantia**, Campinas, v. 64, p. 75-82, 2005.

RESENDE, O.; CORRÊA, P. C.; FARONI, L. R. D.; CECON, P. R. Avaliação da qualidade tecnológica do feijão durante o armazenamento. **Ciências e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 2, p. 517-524, 2008.

RODRIGUES, J. A.; RIBEIRO, N. D.; CARGNELUTTI-FILHO, A.; TRENTIN, M.; LONDERO, P. M. G. Qualidade para o cozimento de grãos de feijão obtidos em diferentes épocas de semeadura. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 3, p. 369-376, 2005b.

RODRIGUES, J. A.; RIBEIRO, N. D.; LONDERO, P. M. G.; CARGNELUTTI-FILHO, A.; GARCIA, D. C. Correlação entre absorção de água e tempo de cozimento de cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 1, p. 209-214, 2005a.

SISTEMA PARA ANÁLISES ESTATÍSTICAS (SAEG). Versão 9.1: Fundação Arthur Bernardes-Viçosa, 2007.

SCHOLZ, M. B. S.; FONSECA JÚNIOR, N. S. Efeito de ambientes, dos genótipos e da interação genótipos x ambientes na qualidade tecnológica de feijão do grupo de cores no Estado do Paraná. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DO FEIJÃO, 6., 1999, Goiânia, GO. **Anais...** Goiânia: Embrapa, 1999. p. 339-342.

CAPÍTULO 3

VARIABILIDADE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DO SISTEMA RADICAL EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO MESOAMERICANO

Resumo: O objetivo deste trabalho foi avaliar características de raiz de 97 genótipos de feijão de origem mesoamericana e verificar a possibilidade de avaliar a arquitetura do sistema radical, por meio de notas atribuídas visualmente, com base em escala diagramática. Foram conduzidos dois experimentos no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. No primeiro, conduzido em laboratório, foram avaliados os números de verticilos e de raízes basais e foram atribuídas notas de pelos nas raízes basais e primária. No segundo, em casa de vegetação, avaliaram-se a arquitetura das raízes, por meio de notas visuais e medições dos ângulos das raízes basais, e comprimento e massa total de raiz. O número de verticilos variou de 1,5 (1843 55 G) a 2,7 (Fe 732015) e o número de raízes basais, de 5,0 (genótipo 1843 55 G) a 10,6 (CNFC 9455). Os genótipos P 36, 51051 e Costa Rica apresentaram as raízes basais superficiais, e os genótipos V 7936, Gold Gate e 1860 Sacavem 63, raízes basais profundas. O comprimento total da raiz variou de 149,1 (LM 96107218) a 464,9 cm (Rico 1735). Os genótipos LM 96107901, HI 822510, Rosinha G2, Vinagre e S-856-B apresentaram maior quantidade de pelos nas raízes basais e primária; no entanto, nenhum genótipo obteve nota igual ao G 2333. A correlação entre o ângulo das raízes basais, em relação à superfície do solo e à avaliação visual, foi positiva e significativa. Portanto, na avaliação de grande número de genótipos de feijão, a avaliação visual por meio da escala diagramática, pode substituir as medições dos ângulos das raízes basais.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; arquitetura de raiz; verticilo; raízes basais.

GENETIC VARIABILITY OF RADICAL SYSTEM TRAITS IN GENOTYPES OF MESOAMERICAN BEANS

Abstract: The objective of this works was to evaluate root traits of 97 genotypes with mesoamerican origin and verify the possibility to evaluate the architecture of the root system using visually notes based on diagrammatic scale. Two experiments were carried in random block designs with four replicates. In the first experiment, carried in the laboratory, assessed the numbers of whorls and basal roots, and the assigned notes of root hairs on both basal and primary root. In the second, carried out in greenhouse, it was evaluated the root architecture, by visual notes and by measurement of basal root angle, also, length and mass of total root. The number of whorls ranged from 1.5 (1843 55 G) to 2.7 (Fe 732015) and the number of basal roots, from 5.0 (genotype 1843 55 G) to 10.6 (CNFC 9455). Genotypes P 36, 51051 to Costa Rica showed shallow basal roots, and genotypes V 7936, Gold Gate and 1860 Sacavem 63, deep basal roots. Total root length varied from 149.1 (LM 96107218) to 464.9 cm (Rico 1735). Genotypes LM 96107901, HI 822510, Rosinha G2, Vinagre and S-856-B showed the greatest quantity of hair on basal roots and on the primary root, however, no genotype get notes equal to G 2333. A phenotypic correlation among traits visual score of angle of basal roots and angles of basal roots was positive and significant. Therefore for evaluation of great number of genotypes, the visual evaluation by diagrammatic, can replace the measurements of the angles of basal roots.

Key Words: *Phaseolus vulgaris*; root architecture; whorl; basal roots.

1. Introdução

O sistema radical do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) é típico de uma planta dicotiledônea anual. É composto da raiz primária, das raízes basais e das adventícias (Basu et al., 2007). A raiz primária tem gravitropismo positivo e cresce normalmente em linha reta descendente (Lynch & Brown, 2001; Ho et al., 2005). As raízes basais surgem a partir da porção basal do hipocótilo. Os verticilos são anéis localizados na interface raiz-caule, de onde surgem as raízes basais (Vieira et al., 2008). Cada verticilo pode apresentar até quatro raízes basais (Basu et al., 2007). Em conjunto com as raízes laterais que surgem delas, raízes basais geralmente constituem a maior parte do comprimento total de raízes (Basu et al., 2007). As adventícias surgem da parte subterrânea do hipocótilo, acima das raízes basais, e crescem horizontalmente no solo (Miller et al., 2003).

A variabilidade da arquitetura ou a configuração espacial de raiz é fator importante na capacidade da planta para adquirir recursos do solo (Lynch, 1995). Essa variabilidade resulta, em grande parte, da variação do número de raízes basais e dos ângulos de crescimento delas (Basu et al., 2007). O plagiogravitropismo (posição das raízes basais em relação à superfície do solo) influencia as camadas de solo exploradas, fator importante para a aquisição de água e nutrientes (Ho et al., 2005).

No feijoeiro, a tolerância à seca está associada com a profundidade das raízes (Ho et al., 2004), enquanto a maior aquisição de fósforo está associada com a maior exploração do solo superficial pelas raízes (Lynch & Brown, 2001). As raízes que apresentam maiores comprimentos específicos (comprimento total de raiz/massa raiz) são capazes de explorar maior volume de solo por unidade de investimento metabólico em seus tecidos, sendo, assim, mais eficientes na aquisição de água e nutrientes por unidade de carbono consumido (Fitter, 1991).

Os pelos radicais apresentam importante papel na aquisição de água e nutrientes de baixa mobilidade no solo, como o P, e na produção de substâncias que mediam associações entre planta-microorganismo (Bertin et al., 2003; Yan et al., 2004). Seu papel na aquisição de nutrientes é devido ao aumento do volume de solo explorado pelas raízes, com a expansão da zona de absorção de fósforo e com a dispersão de exsudados, como ácidos orgânicos, na rizosfera (Lynch, 2007). Os pelos radiculares podem contribuir com até 77% do total da área de superfície radicular, formando o

principal ponto de contato entre a planta e a rizosfera (Nielsen et al. 2001; Yan et al., 2004).

As características do sistema radical têm recebido pouca atenção dos melhoristas de plantas por causa das dificuldades em observar o crescimento das raízes em condições naturais (McPhee, 2005). Além disso, há perdas de raízes e deformação da sua arquitetura no momento da coleta (Beebe et al., 2006), o que geralmente impede a posterior análise destas plantas e dificulta a sua introdução nos programas de melhoramento (Lynch, 1995). No entanto, avaliações, em laboratório, de platinhas jovens é uma abordagem útil para a compreensão de algumas características do sistema radical.

Os genótipos de feijão disponíveis nos bancos de germoplasma brasileiro têm sido caracterizados para característica morfológica da parte aérea, culinária, protéica e nutricional. No entanto, suas características radicais são pouco conhecidas, e constitui parte da solução para obter genótipos mais resistentes à seca e mais eficientes na aquisição de nutrientes do solo, especialmente do P, que é um dos nutrientes que mais limitam o crescimento do feijoeiro (Vieira et al., 2008).

Diferenças genotípicas em feijão-comum ocorrem com relação à massa de raiz e sua arquitetura (Rubio & Lynch, 2007), ao gravitropismo de raízes basais (Liao et al., 2001), ao número de verticilos e de raízes basais (Vieira et al., 2008) e à quantidade e ao tamanho de pelos radicais (Vieira et al., 2007). Em geral, os feijões de origem andina apresentam maior número de verticilos, maior número de raízes basais e menor número de pelos nas raízes primária (Rosado et al., 2008; Vieira et al., 2008). Porém, no Brasil, estudo de caracterização do sistema radical ainda é incipiente e foi realizado com pequeno número de genótipos (Vieira et al., 2007; Vieira et al., 2008). Para utilização efetiva em um programa de melhoramento, a caracterização de raízes deve ser feita de maneira mais ampla.

O objetivo deste trabalho foi avaliar as características de raiz de 97 genótipos de origem mesoamericana do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade Federal de Viçosa; e verificar a possibilidade de avaliar a arquitetura do sistema radical do feijoeiro, por meio de notas atribuídas visualmente.

2. Material e métodos

Os experimentos de caracterização do sistema radical do feijão foram conduzidos em laboratório e em casa de vegetação, com 97 genótipos de origem mesoamericanos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijões da Universidade Federal de Viçosa (BAGF-UFV) (Tabela 1).

2.1. Avaliação dos números de verticilos e de raízes basais e notas de pelos

Este experimento foi conduzido em setembro de 2008, no Laboratório do Programa Feijão da Universidade Federal de Viçosa. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com quatro repetições. Cinco sementes foram esterilizadas com 0,5% NaOCl por 1 minuto e, posteriormente, distribuídas sobre duas folhas de papel germiteste, umedecidas com água destilada, em quantidade equivalente a 2,5 vezes a massa do papel seco. Os rolos foram colocadas em Becker, com solução de sulfato de cálcio (0,5%) e transferidos para um germinador com temperatura de $25 \pm 3^{\circ}\text{C}$. Após 24 horas, foi retirado o hilo das sementes, com a finalidade de uniformizar o crescimento das raízes. Em seguida, as sementes em processo de germinação foram recolocadas no papel germiteste, permanecendo no germinador mais quatro dias. As plântulas, então, foram avaliadas quanto ao número de verticilos, número de raízes basais, quantidade e tamanho de pelos. Estes últimos, foram avaliados visualmente utilizando-se uma escala de nota de 1 (ausência de pelos) a 7 (abundância de pelos), usado como testemunha o genótipo G 2333 (Vieira et al., 2007).

2.2. Avaliação dos ângulos das raízes basais, comprimento e massa de raiz

Este experimento foi conduzido em agosto de 2009, em casa de vegetação, no delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. Uma amostra de sementes dos 97 genótipos, submetidas às mesmas técnicas de assepsia descritas no primeiro experimento, foram colocadas em papel germiteste e depois no germinador à temperatura de $25 \pm 3^{\circ}\text{C}$, por 48 horas. Em seguida, foram selecionadas quatro plântulas por genótipo, com radícula de 1 a 2 mm de comprimento, que foram colocadas entre duas folhas de papel germiteste de tamanho A4 e cobertas com um saco de polietileno transparente perfurado. As folhas foram colocadas verticalmente em uma caixa

Tabela 1 – Número de registro, grupo comercial, origem tipo de planta e massa de mil grãos de 97 genótipos do BAGF-UFV, avaliados quanto a características do sistema radical. Viçosa-MG, 2008

Nº do Registro ¹	Nome do Genótipo	Grupo Comercial	Origem	Nº do Registro ¹	Nome do Genótipo	Grupo Comercial	Origem
1	EMP-117	Carioca	Embrapa	51	BAT 304	Preto	CIAT, Colômbia
2	AN 910518	Carioca	Embrapa	52	V 7936	Preto	Desconhecida
3	FEB 171	Carioca	CIAT, Colômbia	53	GF 2570	Preto	CIAT, Colômbia
4	PF 902975	Carioca	ESAL/Embrapa	54	LM 21135	Preto	Embrapa
5	LR 720982 CP	Carioca	Embrapa	55	Fe 732015	Preto	Embrapa
6	38 F	Carioca	Desconhecida	56	Fe 731998	Preto	Embrapa
7	Raça D	Carioca	Desconhecida	57	AN 911120	Preto	Embrapa
8	CNFC 9444	Carioca	Embrapa	58	AN 911104	Preto	Embrapa
9	CNFC 8006	Carioca	Embrapa	59	SC 9029935	Preto	Embrapa
10	CNFC 9466	Carioca	Embrapa	60	51051	Preto	Desconhecida
11	CNFC 9455	Carioca	Embrapa	61	Ouro Negro	Preto	UFV/EPAMIG
12	CNFC 9454	Carioca	Embrapa	62	Meia Noite	Preto	EPAMIG
13	CNFC 9458	Carioca	Embrapa	63	BRS Valente	Preto	Embrapa
14	FEB 199	Carioca	CIAT, Colômbia	64	CB 733782	Preto	Embrapa
15	Carioca 1030	Carioca	IAC	65	ICA Pijão	Preto	CIAT, Colômbia
16	LM 96108664	Carioca	Embrapa	66	IAPAR 44	Preto	IAPAR
17	LM 95102682	Carioca	Embrapa	67	Porriño 70	Preto	CIAT, Colômbia
18	LM 96107218	Carioca	Embrapa	68	ARC-1	Preto	CIAT, Colômbia
19	BR-IPA-11 (Brígida)	Carioca	Embrapa/IPA	69	LM 95103904	Preto	Embrapa
20	Pérola	Carioca	Embrapa	70	CB 733760	Preto	Embrapa
21	BRSMG Talismã	Carioca	UFV, UFLA, Epamig	71	LM 95103786	Preto	Embrapa
22	BRSMG Majestoso	Carioca	UFV, UFLA, Epamig	72	POT 51	Preto	CIAT, Colômbia
25	1835 S 459 Venezuela	Mulatinho	Estação Experimental Patos	73	LM 95103856	Preto	Embrapa
26	1862 Sacavem 538	Mulatinho	Estação Experimental Patos	74	2970196	Preto	UFV
27	1864 Sacavem 860	Mulatinho	Estação Experimental Patos	75	2970149	Preto	UFV
28	1868 Sacavem 1061	Mulatinho	Estação Experimental Patos	76	2970168	Preto	UFV
29	3272	Mulatinho	CIAT, Colômbia	77	2970264	Preto	UFV

Continua...

Tabela 1, Continuação

Nº do Registro ¹	Nome do Genótipo	Grupo Comercial	Origem	Nº do Registro ¹	Nome do Genótipo	Grupo Comercial	Origem
30	LM 96107901	Mulatinho	Embrapa	78	Serrano	Preto	Emcapa
31	Vinagre	Mulatinho	Desconhecida	79	Rico 1735	Preto	UFV/EPAMIG
32	1843 55 G	Outros*	Estação Experimental Patos	80	BR-2-Grande Rio	Preto	Embrapa/PESAGRO
33	1860 Sacavem 63	Outros*	Estação Experimental Patos	81	BRS Supremo	Preto	Embrapa
34	1852 Taquari Sarges	Outros*	Estação Experimental Patos	82	BRS Valente	Preto	Embrapa
35	S-856-B	Outros*	Costa Rica	83	CNFRJ 10301	Outros*	Embrapa
36	Golden Gate	Outros*	Beltsville, Maryland	84	HI 822510	Rosinha	Embrapa
37	P. White 6301	Preto	University of California	85	LM 30013	Rosinha	Embrapa
38	1829 S 349 Venezuela	Preto	Estação Experimental Patos	86	Rosinha G2	Rosinha	IAC
39	1831 S 353 Venezuela	Preto	Estação Experimental Patos	87	Rosinha precoce	Rosinha	Produtor
40	1836 S 464 Venezuela	Preto	Estação Experimental Patos	88	P-36	Roxo	Embrapa
41	1840 4 PS	Preto	Estação Experimental Patos	89	FEB (Desc.)	Roxo	Desconhecida
42	1844 74 G	Preto	Estação Experimental Patos	90	AN 910522	Carioca	Embrapa
43	1867 Sacavem 1031	Preto	Estação Experimental Patos	91	1845 77 G	Vermelho	Estação Experimental Patos
44	1869 Sacavem 1084	Preto	Estação Experimental Patos	92	1849 Floresta 13041	Vermelho	Estação Experimental Patos
45	Costa Rica	Preto	Pernambuco	93	1861 Sacavem 486	Vermelho	Estação Experimental Patos
46	Cornell 49-242	Preto	Austrália	94	Field grown 49-242	Vermelho	Corwell Univ.
47	P.16 Trujillo 4	Preto	CIAT, Colômbia	95	CNFC 5552	Mulatinho	Esal
48	P 501 (Puebla 199)	Preto	CIAT, Colômbia	96	Vi-16-3-3	Vermelho	UFV
49	P 326 (PI 310.740)	Preto	CIAT, Colômbia	98	Ouro Vermelho	Vermelho	UFV, UFLA, Epamig
50	BAT 65	Preto	CIAT, Colômbia	99	Vermelhinho	Vermelho	Viçosa-MG
51	BAT 304	Preto	CIAT, Colômbia	100	Vermelho 2157	Vermelho	CIAT, Colômbia

¹ Número de registro de acordo com a catalogação do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da UFV.

* Classificados como jalinho, rajado, pintado, enxofre ou pardo.

retangular de vidro, com dimensões 30 x 30 x 50 cm (largura x altura x comprimento), envolvida por uma camada de papel alumínio, para evitar a entrada de luz no interior da caixa. A parte superior de cada folha foi presa em uma canaleta e esta apoiada nas laterais da caixa. A parte inferior (cerca de 5 cm) ficou mergulhada em solução de sulfato de cálcio (0,5%), que, por capilaridade, umedeceu o papel germiteste. As caixas foram mantidas em casa de vegetação a uma temperatura de 25 ± 1 °C até o momento das avaliações. As avaliações foram realizadas no sexto dia após a transferência das plântulas para as exsicatas. Os ângulos das raízes basais foram medidos em raízes situadas nos 2 cm abaixo do verticilo superior, utilizando-se uma régua semicircular entre 0° e 180°. O comprimento total das raízes foi determinado pela análise das imagens feitas pelo *software* WinRHIZO Pro 2009a, acoplado a um *scanner* Epson Perfection V700/V750. O comprimento específico foi obtido da relação comprimento total da raiz por massa da raiz seca. Também foi realizada uma avaliação visual da arquitetura das raízes basais, utilizando-se uma escala diagramática com notas de 1 (raízes basais superficiais) a 9 (raízes basais profundas), com base nos modelos gravitrotópicos da arquitetura de raízes do feijoeiro (Figura 1).

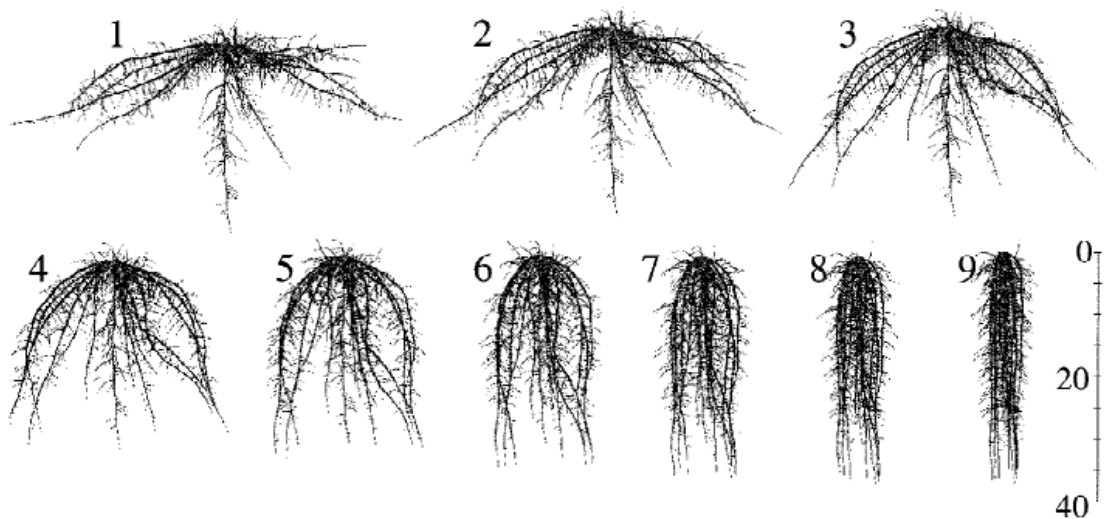


Figura 1 – Escala diagramática representando as possíveis arquiteturas das raízes basais do feijoeiro (Ge et al., 2000).

Os dados foram submetidos à análise de variância e de comparação de médias, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. Foi estimado o coeficiente de correlação fenotípica entre as variáveis ângulo das raízes basais e nota da arquitetura

das raízes basais. Todas as análises foram realizadas utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2006).

3. Resultados e discussão

Houve efeito significativo ($P < 0,01$) de genótipos sobre todas as características (Tabelas 2). O ângulo das raízes basais dos genótipos variou de 26,4 e 50,9° (Tabela 3). Os genótipos P 36, 51051 e Costa Rica e a cultivar Pérola foram os que apresentaram raízes basais mais superficiais.

Os genótipos V 7936, Gold Gate e 1860 Sacavem 63 apresentam os maiores ângulos de raízes basais (Tabela 3). No entanto, com base na comparação da média dos genótipos pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$), houve a separação em apenas dois grupos. O mesmo comportamento foi observado ao analisar as notas de arquitetura das raízes. Dos 20 genótipos com menores ângulos das raízes basais, 14 deles estão entre os genótipos com as menores notas de arquitetura. Resultado semelhante foi observado para os genótipos que apresentaram as menores notas de arquitetura das raízes basais. Treze genótipos com os maiores ângulos das raízes basais estão os 20 com as maiores notas de arquitetura da raiz, ou seja, apresentaram raízes basais profundas. Essa característica é mais favorável à aquisição de água do que de P pela planta (Ho et al., 2005).

A vantagem de uma raiz superficial pode depender de vários fatores, que interagem além da distribuição e da disponibilidade de nutrientes. Genótipos de feijão com raízes basais superficiais apresentam melhor desempenho em solos em que o P concentra-se na camada superficial (Bonser et al., 1996). Por outro lado, uma desvantagem do sistema radical superficial é a diminuição da capacidade em adquirir recursos de localização mais profundos no perfil do solo, como a água (Ge et al., 2000; Vieira et al., 2008). De fato, estudo mostrou que genótipos eficientes na aquisição do P superficial (raiz superficial) são sensíveis à seca (Ho et al., 2004). Neste estudo, observou-se uma ampla variabilidade para o ângulo das raízes basais (Tabela 3). Essa variação de ângulos poderia ser útil em ambientes em que ambos os recursos, superficial (fósforo) e os de profundidade (água), são limitantes (Ho et al. 2005).

Tabela 2 – Resumo das análises de variância das características ângulo das raízes basais (ARB), comprimento específico (CE), comprimento total das raízes (CTR), massa total da raiz seca (MRS), número de verticilos (NUV), número de raízes basais (NRB), notas da arquitetura de raiz (NAR) e de pelos nas raízes basais (NPB) e primária (NPP) de 97 genótipos do BAGF-UFV. Viçosa-MG, 2008

Fonte de Variação	GL	Quadrado médio ¹								
		ARB	CE	CTR	MRS	NUV	NRB	NAR	NPB	NPP
Blocos	3	67,155	3,739	14955,859	113,727	0,033	0,451	1,450	3,705	0,131
Genótipos	96	106,518***	16,287***	19289,613***	216,863*	0,096***	1,644***	1,916***	1,739***	2,130***
Erro	288	55,967	2,947	3205,844	165,008	0,016	0,194	0,559	0,433	0,323
CV (%)		20,0	15,0	18,2	45,9	6,1	5,6	20,5	21,0	18,1

¹ *** e * Efeito significativo a 0,1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 3 – Médias dos ângulos das raízes basais (ARB), notas da arquitetura de raiz (NAR), comprimento específico (CE), comprimento total das raízes (CTR), massa total da raiz seca (MRS), número de verticilos (NUV), número de raízes basais (NRB), e de pelos nas raízes basais (NPB) e primária (NPP) de 97 genótipos do BAGF-UFV. Viçosa-MG, 2008

Genótipo	ARB (graus)	NAR	CTR (cm)	CE (mg/cm)	MRS (mg/raiz)	NUV	NRB	NPP	NPRP
88	26,4 a	2,3 a	299,5 b	10,5 b	28,5 a	2,0 a	7,7 c	3,3 a	3,7 c
60	27,9 a	2,8 a	401,9 d	13,6 d	29,3 a	2,0 a	8,0 c	3,5 b	3,1 b
45	28,2 a	3,0 a	264,5 b	8,9 a	29,7 a	2,1 a	8,1 c	3,7 b	3,2 b
20	28,4 a	2,3 a	154,7 a	7,2 a	21,6 a	2,0 a	7,7 c	2,5 a	2,5 a
75	28,6 a	2,8 a	387,3 d	10,9 b	35,7 a	2,0 a	7,9 c	2,6 a	2,5 a
76	28,8 a	2,5 a	307,3 c	9,6 b	32,7 a	2,0 a	7,6 c	2,0 a	2,0 a
90	29,1 a	2,5 a	448,2 d	12,0 c	36,9 a	2,1 a	8,0 c	4,0 b	4,3 d
29	29,2 a	2,8 a	344,8 c	12,6 c	27,2 a	2,0 a	7,0 b	2,7 a	2,7 b
21	29,8 a	2,7 a	321,2 c	8,5 a	37,8 a	2,0 a	7,9 c	2,9 a	3,3 b
65	29,9 a	2,5 a	333,4 c	12,9 c	25,8 a	2,1 a	8,1 c	3,3 a	3,4 c
72	30,0 a	3,0 a	309,9 c	12,6 c	25,0 a	2,0 a	7,8 c	3,5 b	2,7 a
78	30,2 a	3,0 a	314,3 c	11,9 c	26,5 a	2,0 a	7,9 c	2,6 a	2,5 a
81	30,7 a	2,3 a	341,1 c	12,8 c	26,7 a	2,0 a	7,8 c	4,0 b	4,0 c
61	31,9 a	2,8 a	338,0 c	10,4 b	32,6 a	2,0 a	8,0 c	2,0 a	3,0 b
92	32,0 a	3,0 a	415,4 d	12,4 c	33,4 a	2,0 a	6,9 b	2,9 a	3,3 c
70	32,9 a	3,5 a	389,1 d	13,8 d	28,2 a	2,3 b	8,3 d	3,0 a	2,9 b
86	32,9 a	3,5 a	286,1 b	11,0 b	25,9 a	2,0 a	7,6 c	4,6 c	5,0 e
87	33,0 a	3,5 a	341,5 c	12,7 c	27,0 a	2,1 a	8,1 c	3,3 a	4,3 d
82	33,1 a	3,3 a	287,6 b	11,6 c	25,1 a	2,3 b	8,9 d	3,2 a	3,6 c
43	33,4 a	3,8 b	274,3 b	11,2 c	24,4 a	2,1 a	8,5 d	3,0 a	3,3 b
85	33,7 a	3,0 a	334,7 c	12,8 c	26,6 a	2,2 a	8,5 d	2,8 a	3,8 c
3	33,8 a	3,5 a	322,9 c	10,1 b	32,0 a	2,0 a	7,4 b	3,1 a	3,1 b
68	34,0 a	3,3 a	302,5 b	13,1d	23,1 a	2,1 a	8,0 c	2,9 a	2,5 a
50	34,4 a	3,3 a	311,4 c	10,4 b	29,9 a	2,0 a	8,0 c	4,0 b	3,5 c

Continua...

Tabela 3, Continuação

Genótipo	ARB (graus)	NAR	CTR (cm)	CE (mg/cm)	MRS (mg/raiz)	NUV	NRB	NPP	NPRP
93	34,4 a	4,0 b	433,6 d	12,4 c	34,9 a	2,0 a	7,4 b	2,7 a	4,0 c
7	34,5 a	3,3 a	400,8 d	12,0 c	33,1 a	2,1 a	8,3 d	2,8 a	2,4 a
79	34,5 a	3,8 b	464,9 d	14,2 d	32,9 a	2,0 a	7,8 c	2,6 a	2,7 a
80	34,5 a	3,8 b	374,0 c	13,6 d	28,3 a	2,1 a	8,0 c	2,8 a	3,0 b
47	34,9 a	4,3 b	402,7 d	14,1 d	28,8 a	2,1 a	8,2 c	3,8 b	3,5 c
2	35,0 a	3,3 a	233,3 a	8,6 a	27,4 a	2,1 a	7,6 c	3,7 b	3,6 c
53	35,0 a	3,8 b	316,6 c	10,2 b	30,9 a	2,0 a	7,9 c	2,9 a	2,9 b
42	35,2 a	4,3 b	364,9 c	12,4 c	29,2 a	2,1 a	8,1 c	3,1 a	2,8 b
10	35,4 a	2,5 a	251,8 b	8,3 a	30,0 a	2,0 a	7,5 b	3,1 a	2,1 a
5	35,6 a	3,5 a	205,3 a	10,4 b	20,4 a	2,0 a	7,8 c	2,0 a	1,9 a
63	35,7 a	2,8 a	339,6 c	12,7 c	26,5 a	2,1 a	8,0 c	3,4 b	3,2 b
57	35,9 a	4,0 b	303,2 b	9,6 b	31,3 a	2,0 a	7,7 c	2,3 a	2,7 a
31	36,0 a	4,5 b	348,9 c	13,2 d	27,6 a	2,0 a	7,8 c	4,9 c	4,4 d
46	36,1 a	4,3 b	292,2 b	11,6 c	25,1 a	2,0 a	7,8 c	3,1 a	3,4 c
17	36,3 a	3,0 a	174,8 a	7,3 a	24,0 a	2,0 a	7,9 c	3,0 a	2,5 a
27	36,3 a	3,0 a	391,7 d	14,1 d	27,6 a	2,0 a	7,6 c	4,7 c	3,6 c
71	36,6 a	3,0 a	316,6 c	11,9 c	27,3 a	2,0 a	7,9 c	2,6 a	2,2 a
89	36,8 a	4,5 b	361,8 c	14,2 d	25,7 a	2,3 b	8,9 d	3,6 b	4,5 d
56	36,9 a	4,0 b	337,1 c	11,8 c	28,5 a	2,0 a	7,8 c	2,5 a	2,7 b
32	37,0 a	3,8 b	344,5 c	11,2 c	30,7 a	1,5 a	5,0 a	3,0 a	3,6 c
25	37,1 a	3,8 b	421,3 d	15,5 d	27,9 a	2,0 a	7,7 c	4,0 b	3,7 c
41	37,3 a	4,3 b	286,8 b	9,3 b	31,3 a	2,1 a	8,2 c	2,9 a	3,0 b
48	37,3 a	4,0 b	379,4 d	12,9 c	29,9 a	2,1 a	8,4 d	3,9 b	4,0 c
8	37,5 a	2,5 a	302,0 b	10,9 b	26,9 a	2,1 a	8,4 d	2,7 a	2,5 a
34	37,5 a	4,3 b	367,6 c	10,0 b	37,7 a	2,0 a	7,9 c	2,9 a	2,6 a
62	37,5 a	4,0 b	216,6 a	13,5 d	16,2 a	2,1 a	7,8 c	2,5 a	2,2 a

Continua...

Tabela 3, Continuação

Genótipo	ARB (graus)	NAR	CTR (cm)	CE (mg/cm)	MRS (mg/raiz)	NUV	NRB	NPP	NPRP
99	37,5 a	4,0 b	439,7 d	12,7 c	35,1 a	2,0 a	7,0 b	2,5 a	2,9 b
44	37,6 a	4,3 b	304,8 b	11,7 c	26,1 a	2,0 a	8,0 c	4,0 b	3,9 b
95	37,6 a	3,8 b	245,8 b	11,3 c	21,6 a	2,0 a	7,6 c	3,5 b	3,7 c
98	37,8 a	4,8 b	369,7 c	12,5 c	29,9 a	2,0 a	7,1 b	3,1 a	3,3 c
37	38,1 b	3,8 b	317,0 c	10,4 b	30,4 a	2,0 a	7,6 c	3,9 b	3,0 b
74	38,3 b	3,3 a	348,5 c	12,3 c	28,4 a	2,1 a	8,1 c	2,5 a	2,5 a
58	38,4 b	4,5 b	368,4 c	12,5 c	29,5 a	2,0 a	7,7 c	3,1 a	3,3 b
19	38,6 b	3,7 b	188,5 a	8,5 a	21,3 a	2,0 a	7,4 b	2,7 a	2,6 a
22	38,6 b	2,5 a	290,8 b	9,4 b	30,7 a	2,1 a	8,1 c	3,0 a	2,9 b
91	38,6 b	4,0 b	443,2 d	12,0 c	37,3 a	2,0 a	7,4 b	2,4 a	3,0 b
6	38,7 b	3,3 a	314,2 c	13,2 d	23,9 a	2,0 a	7,7 c	2,6 a	2,3 a
49	38,8 b	3,8 b	353,0 c	13,3 d	26,7 a	2,0 a	8,0 c	3,3 a	3,3 c
54	38,8 b	4,3 b	340,7 c	10,7 b	32,3 a	2,1 a	8,1 c	3,0 a	2,8 b
16	39,0 b	3,5 a	173,4 a	12,0 c	14,6 a	2,0 a	7,3 b	3,8 b	3,5 c
28	39,3 b	3,3 a	348,0 c	14,9 d	23,5 a	2,0 a	8,0 c	3,0 a	2,6 a
26	39,5 b	3,8 b	254,6 b	14,5 d	17,6 a	2,0 a	8,0 c	3,1 a	2,7 b
96	39,6 b	4,0 b	293,3 b	12,7 c	23,3 a	2,0 a	8,0 c	3,0 a	3,4 c
1	39,7 b	3,5 a	192,1 a	7,5 a	26,8 a	2,0 a	7,1 b	3,6 b	3,2 b
30	40,0 b	4,3 b	273,3 b	11,4 c	24,2 a	2,0 a	7,7 c	4,2 b	4,2 d
69	40,1 b	3,0 a	324,5 c	13,8 d	24,4 a	2,5 c	8,7 d	2,9 a	2,4 a
9	40,3 b	3,3 a	235,0 a	9,6 b	24,4 a	2,6 c	9,6 e	3,5 b	3,5 c
40	40,3 b	4,0 b	203,4 a	11,2 c	19,1 a	2,0 a	7,8 c	3,9 b	4,2 d
66	40,4 b	4,5 b	294,4 b	11,6 c	25,6 a	2,0 a	7,9 c	2,7 a	3,0 b
14	40,5 b	3,3 a	201,7 a	9,4 b	21,4 a	2,0 a	7,8 c	2,8 a	2,3 a
73	40,7 b	3,8 b	423,9 d	15,6 d	27,1 a	2,2 a	8,1 c	2,8 a	2,3 a
51	41,3 b	4,3 b	279,5 b	9,8 b	28,6 a	2,1 a	8,1 c	3,2 a	3,1 b

Continua...

Tabela 3, Continuação

Genótipo	ARB (graus)	NAR	CTR (cm)	CE (mg/cm)	MRS (mg/raiz)	NUV	NRB	NPP	NPRP
59	41,3 b	4,3 b	346,6 c	11,9 c	29,0 a	2,3 b	8,8 d	2,6 a	2,6 a
67	42,0 b	4,3 b	269,3 b	11,7 c	23,4 a	2,2 a	8,5 d	2,9 a	2,6 a
94	42,0 b	4,5 b	331,7 c	12,6 c	26,5 a	2,0 a	7,8 c	2,9 a	3,3 b
15	42,4 b	4,5 b	251,2 b	10,6 b	23,6 a	2,0 a	7,9 c	3,8 b	4,5 d
4	42,9 b	4,0 b	232,8 a	11,7 c	19,8 a	2,0 a	7,8 c	3,2 a	2,9 b
39	43,4 b	4,5 b	262,8 b	9,7 b	27,6 a	2,0 a	7,9 c	2,4 a	2,6 a
55	43,6 b	4,3 b	354,9 c	13,3 d	26,6 a	2,7 d	9,7 e	2,1 a	2,2 a
100	43,8 b	4,5 b	332,5 c	11,5 c	28,9 a	2,0 a	7,4 b	3,6 b	4,2 d
83	44,0 b	4,7 b	223,1 a	7,8 a	28,5 a	2,0 a	6,6 b	2,8 a	2,7 b
13	44,2 b	3,5 a	268,5 b	8,5 a	83,3 a	2,2 a	8,5 d	2,6 a	2,4 a
64	44,9 b	4,5 b	322,1 c	11,7 c	27,4 a	2,0 a	7,4 b	3,5 b	3,9 c
77	45,0 b	4,5 b	298,2 b	13,3 d	22,6 a	2,0 a	7,9 c	2,7 a	2,6 a
84	45,3 b	4,3 b	359,5 c	15,6 d	23,1 a	2,0 a	7,5 b	4,3 c	5,3 e
12	45,5 b	4,0 b	336,7 c	11,9 c	28,1 a	2,0 a	7,9 c	4,2 b	3,7 c
35	45,5 b	4,5 b	289,7 b	10,9 b	26,6 a	2,1 a	7,8 c	5,6 c	5,3 e
18	45,7 b	3,5 a	149,1 a	6,0 a	25,4 a	2,0 a	7,3 b	2,3 a	2,2 a
38	45,8 b	4,3 b	159,1 a	8,5 a	18,8 a	2,0 a	7,8 c	2,5 a	2,9 b
11	46,0 b	3,5 a	293,8 b	11,2 c	26,5 a	2,7 d	10,6 f	2,7 a	2,3 a
52	46,4 b	4,3 b	242,8 b	10,4 b	23,5 a	2,5 c	9,2 e	2,4 a	2,3 a
36	49,1 b	5,0 b	283,2 b	10,1 b	28,1 a	2,1 a	8,2 c	3,5 b	3,6 c
33	50,9 b	5,3 b	289,5 b	7,0 a	40,8 a	2,0 a	7,1 b	3,2 a	3,9 c
Valores mínimos	26,4	2,3	149,1	6,0	14,6	1,5	5,0	2,0	1,9
Valores máximos	50,9	5,3	464,9	15,6	83,3	2,7	10,6	5,6	5,3
Média	37,5	3,7	11,4	311,2	28,0	2,1	7,9	3,1	3,1

* Médias seguidas da mesma letra na coluna, pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

O comprimento total da raiz variou de 149,1 (LM 96107218) a 464,9 cm (Rico 1735) e o comprimento específico de 6,0 a 15,6 mg/cm, ambos formaram quatro grupos. Quinze genótipos (Tabela 3) apresentaram os maiores comprimento de raiz, formando o grupo d. O comprimento de raiz determina a capacidade de adquirir água e nutrientes (Bouma et al., 2000). Ge et al. (2000), estudando o gravitropismo das raízes por meio de modelo de simulação, demonstram que o sistema radical de mesmo comprimento total, diferindo na arquitetura, tem ampla variação no volumes de raiz e na interação entre raiz e P, o que resultou também em variação na aquisição deste elemento. Com isto, os autores salientaram que o comprimento da raiz é válido apenas como uma primeira aproximação para descrever a capacidade da raiz na aquisição de nutrientes.

Houve a formação de apenas um grupo para massa da raiz seca. Os genótipos CNFC 9458 (83,3 g/raiz), 1860 Sacavem 63 (40,8 g/raiz), Talismã (39,8 g/raiz) e 1852 Taquari Sarges (37,7 g/raiz) apresentaram maior massa da raiz seca; no entanto, não diferiram significativamente demais genótipos.

O número médio de verticilos variou de 1,5 (1843 55 G) a 2,7 (Fe 732015) (Tabela 3). Os genótipos Fe 732015 e CNFC 9455 foram os que apresentaram as maiores médias para números de verticilos, deferindo significativamente dos demais. Conseqüentemente, o número de raízes basais variou de 5,0 (genótipo 1843 55 G) a 10,6 (CNFC 9455). Neste caráter, houve a formação de seis grupos (Tabela 3), com destaque para o grupo d, que incluiu apenas o genótipo CNFC 9455. Os genótipos com maior número de verticilos foram também aqueles que apresentaram os maiores números de raízes basais. O diferencial deste trabalho, em relação à literatura, foi que alguns genótipos mesoamericanos apresentaram números de verticilos superiores a dois, sendo equivalente aos números de verticilos relatados para feijões de origem andina (Basu et al., 2007; Vieira et al., 2008). Comportamento similar foi observado para número de raízes basais.

As notas de pelos variaram de 1,9 a 5,6 nas raízes basais e de 1,9 a 5,3 na raiz primária (Tabela 3). Houve a formação de três grupos para nota de pelos nas raízes basais e cinco nas raízes primária. Os genótipos 1864 Sacavem 860, Vinagre, S-856-B, HI 822510 e Rosinha G2 foram os que apresentaram maior quantidade de pelo nas raízes basais, diferindo significativamente dos demais genótipos. Os genótipos 1864 Sacavem 860 e CNFC 9454 tiveram notas altas de pelos nas raízes basais e baixas na raiz primária. O contrário ocorreu com o genótipo Carioca 1030. No entanto, nenhum genótipo obteve nota igual ao G 2333 usado como testemunha. Variabilidade na

produção de pelos nas raízes basais e primária também foi constatada por Vieira et al. (2007). O comprimento e a densidade dos pelos são particularmente importantes na aquisição de P, que se move por difusão no solo (curta distância).

A correlação fenotípica entre as características nota da arquitetura e ângulo das raízes basais foi de 0,701**, indicando que a avaliação da arquitetura das raízes basais pode ser feita tanto pelo uso da escala diagramática (Figura 1) quanto pelas medições dos ângulos das raízes basais. A avaliação por meio da medida dos ângulos é demorada e trabalhosa, tornando-se impraticável quando se avalia um grande número de genótipos

4. Conclusões

Os genótipos mesoamericanos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da UFV apresentam grande variabilidade de características do sistema radical.

A avaliação da arquitetura das raízes basais do feijoeiro pode ser feita visualmente por meio de escala diagramática.

Referências bibliográficas

BASU, P.; ZHANG, Y.; LYNCH, J. P.; BROWN, K. M. Ethylene modulates genetic, positional, and nutritional regulation of root plagiogravitropism. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 34, p. 41-51, 2007.

BEEBE, S. E.; ROJAS-PIERCE, M.; YAN, X.; BLAIR, M. W.; PEDRAZA, F.; MUÑOZ, F.; TOHME, J.; LYNCH, J. P. Quantitative Trait Loci for Root Architecture Traits correlated with Phosphorus Acquisition in Common Bean. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 413-423, 2006.

BERTIN, C.; YANG, X.; WESTON, L. A. The role of root exudates and allelochemicals in the rhizosphere. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 256, p. 67-83, 2003.

BONSER, A. M.; LYNCH, J. P.; SIEGLINDE, S. Effect of phosphorus deficiency on growth angle of basal roots in *Phaseolus vulgaris*. **New Phytologist**, Lancaster, v. 132, p. 281-288, 1996.

BOUMA, T. J.; NIELSON, K. L.; KOUTSTAAL, B. A. S. Sample preparation and scanning protocol for computerized analysis of root length and diameter. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 218, p. 185-196, 2000.

CRUZ, C. D. **Programa Genes** - Estatística experimental e matrizes. 1. ed. v.1, Viçosa: Editora UFV, 2006. 285 p.

- FITTER, A. H. The ecological significance of root system architecture: an economic approach. In: ____ (Ed.). **Plant root growth: an ecological perspective**. London: Blackwell Scientific Publishers, 1991. p 229-243.
- GE, Z.; RUBIO, G.; LYNCH, J. P. The importance of root gravitropism for inter-root competition and phosphorus acquisition efficiency: Results from a geometric simulation model. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 218, p. 159-171, 2000.
- HO, M. D.; McCANNON, B. C.; LYNCH, J. P. Optimization modeling of plant root architecture for water and phosphorus acquisition. **Journal of Theoretical Biology**, London, v. 226, p. 331-340, 2004.
- HO, M. D.; ROSAS, J. C.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Root architectural tradeoffs for water and phosphorus acquisition. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 32, p. 737-748, 2005.
- LIAO, H.; RUBIOLOGY, G.; YAN, X.; CAO, A.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Effect of phosphorus availability on basal root shallowness in common bean. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 232, p. 69-79, 2001.
- LÓPEZ-BUCIO, J. L.; HERNÁNDEZ-ABREU, E.; SÁNCHEZ-CALDERÓN, L.; NIETO-JACOBO M. F.; SIMPSON, J.; HERRERA-ESTRELLA, L. Phosphate availability alters architecture and causes changes in hormone sensitivity in the *Arabidopsis* root system. **Plant Physiology**, Rockville, v. 129, p. 244-256, 2002.
- LYNCH, J. P. Roots of second green revolution. **Australina Journal of Botany**, Australia, v. 55, p. 493-512, 2007.
- LYNCH, J. P. Root architecture and plant productivity. **Plant Physiology**, Rockville, v. 95, p. 7-13, 1995.
- LYNCH, J. P.; BROWN, K. M. Topsoil foraging: an architectural adaptation to low phosphorus availability. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 237, p. 225-237, 2001.
- MCPHEE, K. Variation for seedling root architecture in the core collection of pea germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 1758-763, 2005.
- MILLER, C. R.; OCHOA, I.; NIELSEN, K. L.; BECK, D.; LYNCH, J. P. Genetic variation for adventitious rooting in response to low phosphorus availability: potential utility for phosphorus acquisition from stratified soils. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 30, p. 973-985, 2003.
- NIELSEN, K. L.; ESHEL, A.; LYNCH, J. P. The effect of phosphorus availability on the carbon economy of contrasting common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Journal for Experimental Biology**, Cambridge, v. 52, p. 329-339, 2001.
- ROSADO, R. D. S.; LIMA, R. C.; LIMA, M. S.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; TOMAZ, R. S. Diversidade genética do feijoeiro com base no sistema radical. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO GENÉTICO, 9., 2009. Guarapará-ES. **Anais...** Guarapará, 2009 [n. p.].

RUBIO, G.; LYNCH, J. P. Compensation among root classes in *Phaseolus vulgaris* L. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 290, p. 307-321, 2007.

VIEIRA, R. F.; CARNEIRO, J. E. S.; LYNCH, J. P. Root traits of common bean genotypes used in breeding programs for disease resistance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, p. 707-712, 2008.

VIEIRA, R. F.; JOCHUA, C. N.; LYNCH, J. P. Method for evaluation of root hairs of common bean genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 9, p. 1365-1368, 2007.

YAN, X.; LIAO, H.; BEEBE, S.; BLAIR, M.; LYNCH, J. P. QTL mapping of root hair and acid exudation traits and their relationship to phosphorus uptake in common bean. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 265, p. 17-29, 2004.

3. CONCLUSÕES GERAIS

Os genótipos de feijão do Banco Ativo de Germoplasma da UFV apresentam grande variabilidade quanto às características morfoagronômica.

A similaridade genética dos genótipos tem relação com a classificação, segundo o grupo comercial e origem (*pool* gênico).

A variável de menor importância na discriminação entre os genótipos foi o brilho da semente.

Os genótipos V 7936, Gold Gate, LM 95103904, 1829 S 349 Venezuela, 1831 S 353 Venezuela e Ouro Vermelho são os mais produtivos e PF 9029975, CNFC 9454, Fe 732015 e BRS Supremo apresentam porte ereto.

O tempo de 16 horas para a hidratação prévia dos grãos, recomendado pela metodologia-padrão, é adequado para avaliar o tempo de cocção dos grãos de feijão.

Tanto a capacidade de hidratação quanto a porcentagem de grãos duros podem ser utilizadas como um método indireto para avaliar o tempo de cozimento dos grãos.

A avaliação da arquitetura das raízes basais do feijoeiro pode ser feita visualmente por meio de escala diagramática.