

## **Análise multivariada aplicada na discriminação de genótipos em caracteres do tempo de cozimento em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**

*Multivariate analysis applied to the discrimination of genotypes in cooking time traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)*

**Luan Tiago dos Santos Carbonari\*** (ORCID 0000-0002-7797-5194), **Rita Carolina de Melo** (ORCID 0000-0002-5710-7621),  
**Paulo Henrique Cerutti** (ORCID 0000-0001-6664-8449), **Altamir Frederico Guidolin** (ORCID 0000-0003-3028-0958),  
**Jefferson Luís Meirelles Coimbra** (ORCID 0000-0001-9492-6055)

Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, SC, Brasil. \*Autor para correspondência: carbonari.luan@gmail.com

Submissão: 03/05/2023 | Aceite: 06/06/2023

### **RESUMO**

As avaliações rotineiras do caráter tempo de cozimento em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) podem ser efetuadas de distintas maneiras resultando em diferentes variáveis. Por vez, a análise estatística univariada não considera as interdependências entre as variáveis, podendo omitir importantes informações a respeito dos genótipos. Com isso, o objetivo do trabalho foi dispor uma proposta alternativa para análise do tempo de cozimento em feijão, permitindo a discriminação entre genótipos. O experimento utilizado para esta abordagem foi conduzido em condições de campo na safra agrícola do ano 2017/18 em Lages, Santa Catarina, Brasil. Os tratamentos foram compostos por doze genótipos, sendo quatro genitores, estruturados em dois cruzamentos BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR 88 Uirapuru, com suas gerações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>8</sub> e F<sub>9</sub>. O delineamento utilizado foi blocos casualizados, com dois blocos e duas observações em cada unidade experimental. Posteriormente a colheita, a variável resposta tempo de cocção dos grãos de feijão foi mensurada com o cozedor Mattson, sendo considerado o tempo de cocção das 13 hastes iniciais. Na análise multivariada, as variáveis tempo de cocção da segunda (TCH2), décima segunda (TCH12) e décima terceira haste (TCH13) foram utilizadas com base em sua significância pelo método de seleção de variáveis passo a passo (stepwise). A análise de variância multivariada demonstrou diferença entre os genótipos (P<0,05). A partir da matriz de dissimilaridade com as distâncias de Mahalanobis e o dendrograma de agrupamento, foi possível verificar as distâncias dos genótipos derivados dos cruzamentos BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR 88 Uirapuru. Com isso, a análise multivariada possibilitou a discriminação dos genótipos, adicionalmente o cruzamento BAF50 x BAF07 demonstrou maiores estimativas de dissimilaridade nas progênies.

**PALAVRAS-CHAVE:** tempo de cocção; stepwise; dissimilaridade; melhoramento de plantas.

### **ABSTRACT**

Routine evaluations of cooking time trait in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) can be performed in different ways resulting in different variables. At the same time, the univariate statistical analysis does not consider the interdependencies between the variables, and may omit important information regarding the genotypes. With this, the objective of this work was to present an alternative proposal for analysis of the cooking time in common bean, allowing the discrimination between genotypes. The experiment used for this approach was conducted under field conditions in the 2017/18 agricultural season in Lages, Santa Catarina, Brazil. The treatments consisted of twelve genotypes, (four parents, structured in two crossings BAF50 x BAF07 and BAF09 x IPR 88 Uirapuru, with their generations F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, F<sub>8</sub> and F<sub>9</sub>). The design used was randomized blocks, with two blocks and two observations in each experimental unit. After the harvest, the response variable cooking time of the grains was measured with a Mattson cooker, considering the cooking time of the 13 initial stems. In the multivariate analysis, the variables cooking time of the second (TCH2), twelfth (TCH12) and thirteenth stem (TCH13) were used based on their significance by the stepwise variable selection method. Multivariate analysis of variance showed differences between genotypes (P<0.05). From the dissimilarity matrix with the Mahalanobis distances and the clustering dendrogram, it was possible to verify the distances of the genotypes derived from crosses BAF50 x BAF07 and BAF09 x IPR 88 Uirapuru. With that, the multivariate analysis enabled the genotypes, additionally the crossing BAF50 x BAF07 showed higher estimates of dissimilarity in the progenies.

**KEYWORDS:** cooking time; stepwise; dissimilarity; plant breeding.

## INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é amplamente cultivado no Brasil, devido principalmente ser considerado um alimento rico em proteínas, carboidratos, fibras alimentares e minerais (LOS et al. 2018). Decorrente disso, o cultivo desta cultura é realizado em até três safras, com sistemas de produção diversificados, no qual a produtividade de grãos média no país foi de 1514 kg ha<sup>-1</sup> na safra de 2021/22, para os tipos de grão cores e preto (CONAB 2022). Um rendimento de grãos superior comparado as produtividades históricas, em que nos últimos 40 anos o país reduziu sua área plantada em 30%, contudo demonstrou incrementos na produção próximos a 40%, decorrente do aumento na produtividade média (CONAB 2022).

Este fato em grande parte se deve aos genótipos melhorados e disponibilizados aos agricultores, tornando a atividade do melhoramento fundamental nesta cultura (CHIORATO et al. 2010). Assim, os principais objetivos do melhoramento do feijão com o decorrer dos anos foram a obtenção de cultivares produtivas, aliada a outras características agronômicas que permitissem a colheita de forma mecanizada dos grãos, além dos avanços na qualidade dos grãos disponibilizados ao consumidor (RIBEIRO et al. 2023). Com base nisso, o surgimento de cultivares com qualidades superiores, principalmente para o caráter tempo de cozimento podem incentivar ainda mais o consumo deste grão. Neste sentido, inúmeros são os trabalhos na literatura avaliando a existência e magnitude da variação genética para o caráter tempo de cozimento em genótipos de feijão (ARNS et al. 2018, CICHY et al. 2019, KATUURAMU et al. 2020, PEREIRA et al. 2017, WIESINGER et al. 2016).

As avaliações rotineiras para este caráter são realizadas com o método do cozedor Mattson adaptado por PROCTOR & WATTS (1987), sendo o padrão das normas do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (BRASIL 2006). Contudo, são observados diferentes padrões de emprego desta metodologia (RIBEIRO et al. 2007), em que são considerados principalmente: *i*) o tempo de queda da 13<sup>o</sup> haste das 25 utilizadas no método, caracterizando 52% dos grãos cozidos; *ii*) tempo médio de 13 hastes iniciais; *iii*) porcentagem de 80% de queda dos 25 grãos cozidos e *iv*) multiplicação do número de grãos cozidos em um determinado período, pelo tempo de cozimento total, dividido pelo número inicial de grãos. Estes critérios apresentam um aspecto em comum, a consideração de uma ou diferentes hastes sendo analisadas como uma única variável, desconsiderando o caráter multivariado destes dados.

A partir disso, uma abordagem multivariada considera a dependência entre as variáveis obtidas, fato não contemplado na univariada, visto que a análise multivariada tem como objetivo a síntese de um conjunto de variáveis, considerando a variância total do conjunto de dados (CRUZ et al. 2020, MORRISON 1976, RENCHER 2002). Com base nisso, a utilização de apenas uma variável pode resultar em uma simplificação perigosa, não evidenciando de modo adequado as verdadeiras causas das variações intrínsecas aos dados de estudo, podendo omitir importantes informações a respeito dos genótipos (COIMBRA et al. 2007). Assim, para o tempo de cozimento em feijão, a consideração deste aspecto pode ser relevante. Isso, devido principalmente as variações intrínsecas presentes nas amostras de genótipos com constituição genética segregante, decorrente de diferenças genotípicas além da variação de ambiente.

Portanto, este trabalho teve por finalidade dispor uma proposta para análise estatística do tempo de cozimento em feijão, visando a discriminação de genótipos.

## MATERIAL E MÉTODOS

Os genótipos a serem utilizados no estudo, foram originados a partir dos cruzamentos dirigidos entre os genitores BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR 88 Uirapuru. As características dos genitores utilizados nos cruzamentos podem ser observadas na Tabela 1. A hibridação artificial foi realizada, com prévia emasculação do botão floral no ano de 2008. Além disso, restituições dos cruzamentos foram realizadas nos anos de 2015 e 2016 em casa de vegetação.

Tabela 1. Características dos genitores utilizados para a hibridação no estudo.

Table 1. Characteristics of the parents used for hybridization in the study.

Genótipo	Grupo comercial	Origem
BAF50	Carioca	Lebon Régis/SC
BAF07	Preto	Lages/SC
BAF09	Preto	CENA-Piracicaba/SP
IPR 88 Uirapuru	Preto	Cultivar-IAPAR/PR

Os híbridos destes genitores deram origem a diferentes populações segregantes nas gerações  $F_2$ ,  $F_3$ ,  $F_4$ ,  $F_5$ ,  $F_6$ ,  $F_7$  e  $F_8$ , avançadas pelo método de condução em "bulk", sem aplicação de seleção artificial nas diferentes gerações. Destas populações, na safra agrícola de 2017/18 em experimento de campo foram conduzidos os seguintes genótipos: 1) BAF07; 2) BAF09; 3) BAF50; 4) IPR 88 Uirapuru; 5) BAF50 x BAF07 na geração  $F_1$ ; 6) BAF50 x BAF07 na geração  $F_2$ ; 7) BAF50 x BAF07 na geração  $F_7$ ; 8) BAF50 x BAF07 na geração  $F_8$ ; 9) BAF09 x IPR 88 Uirapuru na geração  $F_1$ ; 10) BAF09 x IPR 88 Uirapuru na geração  $F_2$ ; 11) BAF09 x IPR 88 Uirapuru na geração  $F_7$ ; e 12) BAF09 x IPR 88 Uirapuru na geração  $F_8$ .

O experimento a campo foi realizado na área experimental do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM), localizado no Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV), da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) em Lages, Santa Catarina, Brasil. As coordenadas geográficas da área experimental são  $27^\circ 47'S$  de latitude,  $50^\circ 18'W$  de longitude, com 950m de altitude, classificado segundo Koppen como clima cfb temperado (mesotérmico úmido e verão ameno) (KOPPEN & GEIGER 1930). O solo do local é classificado como um Cambissolo Húmico Alumínio Léptico, textura argilosa, predominando o substrato siltito + argilito, com relevo ondulado e rampas de aproximadamente 300 m de comprimento, com as propriedades: 34% de argila; pH em água de 5,93; acidez potencial pelo método SMP de 5,21;  $10,06 \text{ mg dm}^{-3}$  de P;  $80 \text{ mg dm}^{-3}$  de K; 2,61% de MO;  $5,42 \text{ cmolc dm}^{-3}$  de Ca e  $2,10 \text{ cmolc dm}^{-3}$  de Mg.

As práticas culturais durante o ciclo foram realizadas conforme as recomendações técnicas da cultura do feijão, enquanto a adubação de semente e cobertura tiveram como base a interpretação da análise de solo, seguindo o disposto pela Comissão de Química e Fertilidade do Solo, visando um rendimento de grãos de  $4000 \text{ kg ha}^{-1}$  (CQFS-RS/SC 2016). A adubação nitrogenada em cobertura foi parcelada, nos estádios vegetativos de primeira (V3) e terceira (V4) folha trifoliolada aberta.

O delineamento utilizado foi blocos casualizados com dois blocos, resultando em 24 unidades experimentais, em virtude de alguns genótipos segregantes estarem em gerações iniciais de autofecundação, onde o tamanho e quantidade de parcelas geralmente ficam restringidas, devido a pouca disponibilidade de sementes nestas gerações (SOUZA et al. 2000). Cada unidade experimental foi composta por quatro linhas de um metro, com densidade de 10 sementes por metro linear. Devido a metodologia utilizada apresentar uma variação intrínseca, duas amostras foram contabilizadas em cada unidade experimental, resultando em 48 observações para o tempo de cozimento. A avaliação do tempo de cozimento foi realizada após a colheita do ensaio nos genitores e nas sementes  $F_2$ ,  $F_3$ ,  $F_7$  e  $F_8$  dos cruzamentos BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR 88 Uirapuru. Os grãos foram secos em estufa até atingirem 12% de umidade. O tempo de cocção foi determinado através da utilização do cozedor de Mattson (MATTSON 1946), modificado por PROCTOR & WATTS (1987).

O cozedor é composto de 25 hastes verticais, cada uma com ponta de 2 mm de diâmetro e peso padrão de 90 gramas, as quais permanecem apoiadas nos grãos de feijão durante o cozimento sob água destilada fervente. O tempo de cozimento em minutos foi obtido quando 13 unidades de hastes perfuraram os grãos. Além disso, na realização da análise multivariada foi considerando o tempo de cocção em minutos para cada haste, totalizando assim 13 variáveis: Tempo de Cocção da Haste 1 (TCH1), Tempo de Cocção da Haste 2 (TCH2), Tempo de Cocção da Haste 3 (TCH3), Tempo de Cocção da Haste 4 (TCH4), Tempo de Cocção da Haste 5 (TCH5), Tempo de Cocção da Haste 6 (TCH6), Tempo de Cocção da Haste 7 (TCH7), Tempo de Cocção da Haste 8 (TCH8), Tempo de Cocção da Haste 9 (TCH9), Tempo de Cocção da Haste 10 (TCH10), Tempo de Cocção da Haste 11 (TCH11), Tempo de Cocção da Haste 12 (TCH12) e o Tempo de Cocção da Haste 13 (TCH13).

O modelo estatístico multivariado utilizado apresenta a mesma expressão da equação univariada, sendo os termos escalares substituídos por vetores, em que cada um dos termos é um vetor com dimensão "v" inerente as variáveis, cujos os elementos são identificados com o acréscimo de um "l" sobescrito, onde:

$Y_{ijk}^l = m + g_i^l + b_j^l + e_{ij}^l + d_{k(ij)}^l$  em que:  $Y_{ijk}^l$ : é o vetor das observações das variáveis ( $l = 1, \dots, v$ ) numa unidade experimental que recebeu um tratamento  $i$  ( $i=1,2,\dots,12$ ), numa repetição  $j$  ( $j=1$  e  $2$ ), na amostra  $k$  ( $k = 1$  e  $2$ );  $m$ : é a constante inerente a todas as observações (média geral);  $g_i$ : é o efeito proporcionado pelo genótipo (Tratamento)  $i$ ;  $b_j$ : é o efeito proporcionado pelo bloco  $j$ ;  $e_{ij}$ : é o efeito aleatório (erro) na unidade experimental observada;  $d_{k(ij)}$ : é o efeito da amostra  $k$  ( $k=1$  e  $2$ ) dentro da parcela  $ij$ . Considerando a análise multivariada, um número grande de variáveis pode levar a uma síntese adequada do conjunto de variáveis a partir da variância total do conjunto de dados, no entanto há um aumento de complexidade na interpretação. Por outro lado, um número pequeno de variáveis e covariáveis pode levar a uma interpretação mais simplificada, porém sem representar os dados. De modo geral, na estatística deseja-se que o modelo explique adequadamente os dados, promovendo uma parcimônia, representando da melhor maneira o fenômeno, com menor complexidade.

Neste sentido, anteriormente as análises multivariadas utilizou-se o método de seleção de variáveis. A partir das variáveis originais demonstradas na Tabela 2, foi aplicado o método de seleção de variáveis passo a passo (Stepwise), objetivando caracterizar as variáveis com contribuição significativa com a variável tempo de cozimento para a cultura do feijão (TCH13), segundo os padrões do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (BRASIL 2006).

O método de seleção de variáveis aplicado (stepwise), adiciona as variáveis uma a uma ao modelo necessitando a estatística F ser significativa para estas serem mantidas. Após a adição de determinada variável, o método analisa novamente as variáveis já incluídas e retira as que não demonstram significância, posteriormente outra variável pode ser adicionada. Este processo termina quando nenhuma variável que estiver fora demonstre significância com a probabilidade estabelecida, ou quando a variável a ser incluída for a que acaba de ser excluída (SMITH 2018). Assim, para o conjunto de dados foi verificado que as variáveis que contribuem de maneira explicativa com a variável tempo de cozimento (TCH13) foram o tempo de cocção da segunda haste (TCH2), conjuntamente ao tempo de cocção da décima segunda haste (TCH12), com nível de significância de 0,05 para saída e entrada de variáveis no modelo a partir do teste F.

Com isso, a realização da análise de variância multivariada e estimação da dissimilaridade entre os genótipos se deu com as variáveis que melhor representam a variação do tempo de cozimento dos genótipos de feijão. A partir da análise de variância multivariada, obtiveram-se as matrizes de soma de quadrados e produtos residuais e a matriz de soma de quadrados e produtos entre genótipos. Assim as distâncias de Mahalanobis foram obtidas com as variáveis selecionadas e utilizadas como medidas de dissimilaridades.

No estudo da divergência genética, foi utilizado o método aglomerativo da ligação média entre grupos (UPGMA), fundamentados na distância de Mahalanobis como medida de dissimilaridade (CRUZ et al. 2020). As análises de seleção de variáveis, análise de variância multivariada e obtenção das distâncias de Mahalanobis foram realizadas com os procedimentos REG, GLM e CANDISC, do sistema estatístico SAS (SAS *OnDemands for Academics*), enquanto o agrupamento foi realizado com o pacote “stats” do software R (R CORE TEAM 2023).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média do experimento para a variável tempo de cozimento (TCH13) utilizando o cozedor de Mattson foi de 24,93 minutos, o valor mínimo apresentou 18,43 minutos e o máximo foi de 49,95, enquanto o desvio padrão obtido foi de 5,14 (Tabela 2). De maneira geral, estes valores são considerados inferiores aos observados nas cultivares desenvolvidas pela Rede Sul-Brasileira de Feijão no decorrer dos anos de 2010 e 2022 (RIBEIRO et al. 2023).

Tabela 2. Medidas descritivas (valor mínimo, máximo, média e desvio padrão) das variáveis tempo de cocção dos grãos referentes as 13 primeiras hastes do método de Mattson.

Table 2. Descriptive measurements (minimum, maximum, mean and standard deviation) of the variables cooking time of the grains referring to the 13 first stalks of the Mattson method.

Variável*	Mínimo	Máximo	Média	Desvio padrão
TCH1	8,28	22,32	15,77	2,93
TCH2	10,47	24,50	17,46	2,47
TCH3	13,95	30,02	18,43	2,76
TCH4	15,10	30,22	19,25	2,89
TCH5	15,12	31,03	19,91	3,23
TCH6	15,52	31,15	20,53	3,24
TCH7	16,55	32,80	21,21	3,47
TCH8	16,58	35,52	21,68	3,66
TCH9	14,90	39,80	22,28	4,26
TCH10	17,95	40,15	23,00	4,25
TCH11	18,02	40,83	23,69	4,22
TCH12	18,40	43,08	24,25	4,45
TCH13	18,43	49,95	24,93	5,14

\*Tempo de Cocção das Hastes (TCHn, com n = 1, 2, 3, ..., 13).

Conforme as informações da Tabela 2, observa-se concordância quanto a média de cocção dos grãos para as demais hastes, além dos desvios apresentarem valores percentuais de aproximadamente 15 a 20% da média. A significância observada das duas variáveis (tempo de cocção da segunda - TCH2 e décima segunda haste - TCH12) na contribuição com a variação do tempo de cozimento (TCH13), podem ser inerentes as características intrínsecas do método da panela de Mattson. Isso porque as hastes no formato de êmbolos apresentam variação na perfuração dos grãos, decorrente das diferenças presentes na composição amostral dos grãos a ser realizado o teste de cozimento. Este fenômeno foi estudado, principalmente aumentando as amostras e número de feijões, utilizados no momento de realizar o tempo de cozimento, visando assim mitigar a variabilidade dentro da amostra (PROCTOR & WATTS 1987). Apesar disso, a utilização de apenas uma haste na consideração do tempo de cozimento pode mascarar efeitos importantes individuais dos genótipos de feijões, relevantes as características culinárias e relacionadas a diferenciação.

De modo geral, em estudos visualizando as variações do método foi verificado que o tempo de cocção das hastes extremas demonstram uma menor precisão experimental, sugerindo que estes valores podem ser desconsiderados. Além disso, a utilização de apenas uma ou de muitas hastes na definição do tempo de cocção, poderia descaracterizar o tempo de cozimento relacionado as características sensoriais e culinárias, devido à redução ou incremento do tempo de avaliação (RIBEIRO et al. 2007). Sendo assim, a mensuração destas variáveis e posterior consideração de apenas aquelas que apresentam maior relevância pode ser uma alternativa, a compor a análise para a capacidade de cozimento nos grãos de feijão, considerando os aspectos verificados intrinsecamente no método cozedor de Mattson.

De acordo com o disposto, sugere-se que inicialmente seja realizado um diagnóstico das variáveis que apresentam maior contribuição para a variação do tempo de cozimento, representado pela décima terceira haste a perfurar os grãos (TCH13). Devido a mesma ser considerada como a variável que estabelece o tempo de cozimento pelo Registro Nacional de Cultivares (RNC), para a inscrição de novas cultivares neste sistema (BRASIL 2006). Com isso, conferindo aos resultados uma padronização quanto aos critérios utilizados, considerando a legislação a respeito deste caráter.

Os aspectos relacionados a diferenciação dos genótipos são fundamentais, em decorrência da possibilidade de escolha somente ser possível na sua presença, visto que um dos objetivos básicos do melhoramento de plantas é discriminar o valor fenotípico em causas herdáveis e não herdáveis, permitindo que as diferenças captadas na seleção de plantas sejam perpetuadas a progênie (FALCONER & MACKAY 1996). Assim, as diferenças observadas na discriminação dos genótipos necessitam ser de origem genética. Conforme observado nos resultados apresentados na Tabela 3, foi evidenciado a presença de significância para o efeito de genótipos ( $P < 0,05$ ), em ambos os testes multivariados (Wilks' Lambda, Pillai's Trace, Hotelling-Lawley Trace e Roy's Greatest Root), os quais demonstram-se equivalentes quanto a sua potência, não existindo na literatura um consenso em qual destes devem ser utilizados no teste de hipótese na análise de variância multivariada.

Tabela 3. Resumo da análise de variância multivariada para 12 genótipos avaliados em blocos ao acaso, considerando variáveis relacionadas ao tempo de cocção em feijão.

Table 3. Summary of multivariate analysis of variance for 12 genotypes evaluated in randomized blocks, considering variables related to cooking time in beans.

Efeito	Teste	Valor	Valor F	P > F
Bloco	Wilks' Lambda	0,723	1,15	0,381
	Pillai's Trace	0,276	1,15	0,381
	Hotelling-Lawley Trace	0,382	1,15	0,381
	Roy's Greatest Root	0,382	1,15	0,381
Genótipo	Wilks' Lambda	0,021	2,20	0,019
	Pillai's Trace	1,997	1,99	0,025
	Hotelling-Lawley Trace	10,323	2,55	0,032
	Roy's Greatest Root	7,612	7.61	0,001

Hipótese de nulidade -  $H_0: \mu_1 = \mu_2 \dots = \mu_k$ ; Hipótese alternativa -  $H_a = \mu_1 \neq \mu_2 \dots \neq \mu_k$ .

A significância para este fator revela o efeito diferencial dos genótipos avaliados para o caráter tempo de cozimento em feijão, considerando as variáveis tempo de cocção da segunda haste (TCH2), décima segunda haste (TCH12) e décima terceira haste (TCH13). Na Tabela 3 também se verifica uma resposta análoga dos genótipos nos blocos do experimento, onde não foi verificada significância para o efeito de bloco ( $P > 0,05$ ), em relação ao tempo que as distintas hastes perfuraram os grãos de feijão dos diferentes genótipos, com o método de determinação do tempo de cozimento. As diferenças genotípicas para este caráter na cultura do feijão são amplamente observadas por diferentes autores, considerando a análise univariada (CICHY et al. 2019, KATUURAMU et al. 2020, PEREIRA et al. 2017).

Neste sentido, essas diferenças genotípicas obtidas com a análise multivariada demonstram basicamente uma nova abordagem para este caráter. Com isso, considerando a interdependência das variáveis TCH2, TCH12 e TCH13, a interpretação de maneira conjunta destas é fundamental, decorrente do método cozedor de Mattson empregado para esta avaliação apresentar variações, referentes principalmente a capacidade de hidratação de água para cada grão de feijão, além de aspectos relacionados ao tamanho destes grãos na amostra (ARRUDA et al. 2012, MELO et al. 2020).

A presença destas variações pode ocorrer principalmente devido a aleatoriedade das amostras, sendo capaz de influenciar de maneira pontual a mensuração do tempo de cozimento, para as diferentes observações realizadas nos experimentos. Estes e outros fatores se agravam ainda mais ao considerar genótipos com constituição genética segregante, os quais demonstram conseqüentemente locus em heterozigose, segregando para as diferentes formas homocigotas (FALCONER & MACKAY 1996). Essas diferenças genotípicas, podem resultar em variações dentro das amostras, inerentes basicamente ao desempenho genotípico diferencial para o tempo de cocção e outros atributos referentes a capacidade de cozimento dos grãos, que de maneira direta ou indiretamente podem influenciar na resposta deste caráter (WIESINGER et al. 2016). Assim, a utilização de uma abordagem multivariada, resulta em uma interpretação facilitada destes dados, na presença da interdependência das variáveis avaliadas para o tempo de cozimento em genótipos de feijão.

Considerando estes aspectos relacionados a essa variabilidade, foi observado uma maior discriminação entre cultivares de feijão na avaliação do tempo de cozimento, com a utilização do tempo médio de queda das hastes do cozedor Mattson, além disso, o tempo médio das treze primeiras hastes do cozedor proporcionou também maior precisão experimental (RIBEIRO et al. 2007). A partir disso, se verifica que a consideração de uma haste específica na definição do tempo de cocção para o feijão utilizando o cozedor Mattson, pode levar o pesquisador a desfavorecer determinados genótipos em detrimento do favorecimento a outros. Com base neste aspecto, constituições genotípicas com potencial de redução do tempo de cozimento podem ser ignoradas para este caráter, sendo fundamental que as comparações sejam realizadas considerando as diferentes variáveis. Este fato apresenta relevância, visto que em estudo prévio foi verificado que os ganhos genéticos para o tempo de cocção são nulos nas cultivares desenvolvidas pela Rede Sul-Brasileira de Feijão entre 2010 e 2022 (RIBEIRO et al. 2023).

Neste sentido, a partir da verificação da presença de variação genética nos genótipos de feijão considerando as variáveis do tempo de cocção, uma informação importante que atende os objetivos do melhoramento é a quantificação e informação do grau de semelhança, além das diferenças apresentadas entre os diferentes genótipos, possível de ser observada por estimativas de dissimilaridade. Em uma etapa inicial dos programas de melhoramento esta informação é importante e de grande utilidade, visando orientar as hibridações, direcionando assim os esforços do melhorista para os cruzamentos em que há diversidade genética entre os genitores, sendo um indicativo da complementariedade gênica destes (CRUZ et al. 2020). Contudo, estas informações também são relevantes considerando populações segregantes (DELLAGOSTIN et al. 2011), pois demonstram a distância genética dos genótipos e sua potencialidade em termos dos possíveis ganhos a serem obtidos com a seleção de plantas. No estudo em questão, a importância é inerente a discriminação dos genótipos considerando as diferentes variáveis, que apresentaram relevância nas populações segregantes.

Na Tabela 4, são apresentadas as informações relativas à dissimilaridade entre os genótipos de feijão estimada pela distância de Mahalanobis, em relação ao tempo de cocção dos grãos pelas hastes do método cozedor de Mattson (TCH2, TCH12 e TCH13), conjuntamente as probabilidades associadas as estimativas  $F$  para cada uma das distâncias. Constata-se que as maiores dissimilaridades entre os genitores são observadas entre o genótipo 4 (IPR 88 Uirapuru), com os demais genitores oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão (BAF07, BAF09 e BAF50). Contudo estes valores não apresentaram significância considerando uma probabilidade de 0,05, aceitando-se a hipótese de nulidade ( $H_0: D^2 = 0$ ).

Tabela 4. Dissimilaridade entre os genótipos de feijão estimada pela distância de Mahalanobis ( $D^2$ ) abaixo da diagonal principal, conjuntamente aos valores de probabilidades associados as estimativas F para as distancias acima da diagonal principal ( $H_0: D^2 = 0; H_a: D^2 \neq 0$ ), em relação ao tempo de cocção das hastes (TCH2, TCH12 e TCH13) do método cozedor de Mattson.

Table 4. Dissimilarity between bean genotypes estimated by the Mahalanobis distance ( $D^2$ ) below the main diagonal, together with the probability values associated with the F estimates for the distances above the main diagonal ( $H_0: D^2 = 0; H_a: D^2 \neq 0$ ), in relation to the cooking time of the stems (TCH2, TCH12 and TCH13) of the Mattson cooking method.

Genótipos*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-	0,77	0,88	0,14	0,13	0,02	0,55	0,93	0,32	0,30	0,30	0,70
2	1,32	-	0,64	0,36	0,12	0,01	0,24	0,64	0,34	0,71	0,79	0,92
3	0,76	2,05	-	0,17	0,04	0,02	0,52	0,91	0,32	0,28	0,28	0,73
4	8,06	4,22	7,39	-	0,02	0,01	0,02	0,09	0,53	0,88	0,44	0,25
5	8,50	8,95	14,31	18,51	-	0,01	0,04	0,07	0,04	0,05	0,05	0,05
6	16,7	25,50	16,96	46,45	31,17	-	0,18	0,04	0,01	<0,00	0,01	0,01
7	2,63	5,86	2,80	18,10	14,34	7,04	-	0,81	0,04	0,05	0,08	0,34
8	0,49	2,04	0,61	10,24	11,54	13,41	1,13	-	0,16	0,19	0,26	0,75
9	4,73	4,51	4,72	2,80	14,14	35,52	13,70	7,41	-	0,50	0,16	0,20
10	4,93	1,65	5,29	0,77	12,54	39,15	13,32	6,78	2,99	-	0,76	0,49
11	4,97	1,22	5,27	3,50	13,23	34,69	10,49	5,46	7,47	1,41	-	0,76
12	1,72	0,53	1,57	5,73	12,62	22,56	4,42	1,44	6,67	3,07	1,40	-

\* 1: BAF07; 2: BAF09; 3: BAF50; 4: IPR 88 Uirapuru; 5: geração  $F_2$  do cruzamento BAF50 x BAF07; 6: geração  $F_3$  do cruzamento BAF50 x BAF07; 7: geração  $F_8$  do cruzamento BAF50 x BAF07; 8: geração  $F_9$  do cruzamento BAF50 x BAF07; 9: geração  $F_2$  do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru; 10: geração  $F_3$  do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru; 11: geração  $F_8$  do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru; 12: geração  $F_9$  do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru.

Quanto as populações segregantes oriundas do cruzamento entre os genótipos BAF50 x BAF07 (Tabela 4), foram verificadas maiores estimativas de dissimilaridades nas comparações entre as gerações  $F_2$  e  $F_3$  (5 x 6),  $F_2$  e  $F_8$  (5 x 7),  $F_2$  e  $F_9$  (5 x 8), além da geração  $F_3$  com  $F_9$  (6 x 8), as quais apresentaram significância a 0,05 ( $H_a: D^2 \neq 0$ ). No cruzamento entre os genitores BAF09 x IPR 88 Uirapuru, estas populações segregantes demonstram baixas estimativas de dissimilaridade dentro do cruzamento, se comparado aos valores entre BAF50 x BAF07, deste modo não diferindo de 0 pelo teste F ( $H_0: D^2 = 0$ ). As dissimilaridades entre os genótipos segregantes dos dois cruzamentos evidenciaram magnitude mais elevada, refletindo as diferenças genóticas entre os dois cruzamentos. Essas diferenças são observadas principalmente entre a geração  $F_2$  e  $F_3$  do cruzamento BAF50 x BAF07, com as demais populações segregantes do cruzamento BAF09 x IPR 88 Uirapuru.

Usualmente as medidas de dissimilaridade entre os genótipos são apresentadas empregando uma técnica de agrupamento. Utilizando as médias ponderadas das medidas de dissimilaridade na construção de um dendrograma estabelecido pelo genótipo de maior similaridade, sendo definido como o método aglomerativo UPGMA. Com este método de agrupamento foi possível verificar que as distâncias mínimas estão inclusas no dendrograma, enquanto o valor do último nível de fusão se encontra levemente abaixo da máxima dissimilaridade. O nível de informação mantida no dendrograma em relação a matriz de distancias é obtido pela correlação cofenética, sendo de 0,83 (Figura 1), indicando uma porcentagem de 83% da informação da matriz de distancias entre os genótipos no dendrograma.

A partir da Figura 1, são observados basicamente o agrupamento dos genótipos em três grupos, com o corte realizado a uma distância de 10. O primeiro grupo é constituído pelo genótipo 6 (geração  $F_3$ ) localizado praticamente no último nível de fusão (39,15), um segundo grupo é formado pelo genótipo 5 (geração  $F_2$ ), ambos originários do cruzamento BAF50 x BAF07, enquanto os demais genótipos compõe o terceiro grupo. Estes resultados revelam diferenças entre os grupos de genótipos, sendo fundamentadas basicamente entre os cruzamentos. Considerando que o objetivo final da pesquisa genética na agricultura é

indicar o caminho que leva ao avanço genético. Assim, o aspecto com base no comportamento das populações segregantes destes cruzamentos fornecem uma indicação da potencialidade como critério a ser utilizado para seleção de plantas, além dos genitores a serem considerados no processo de melhoramento do caráter tempo de cozimento em feijão.

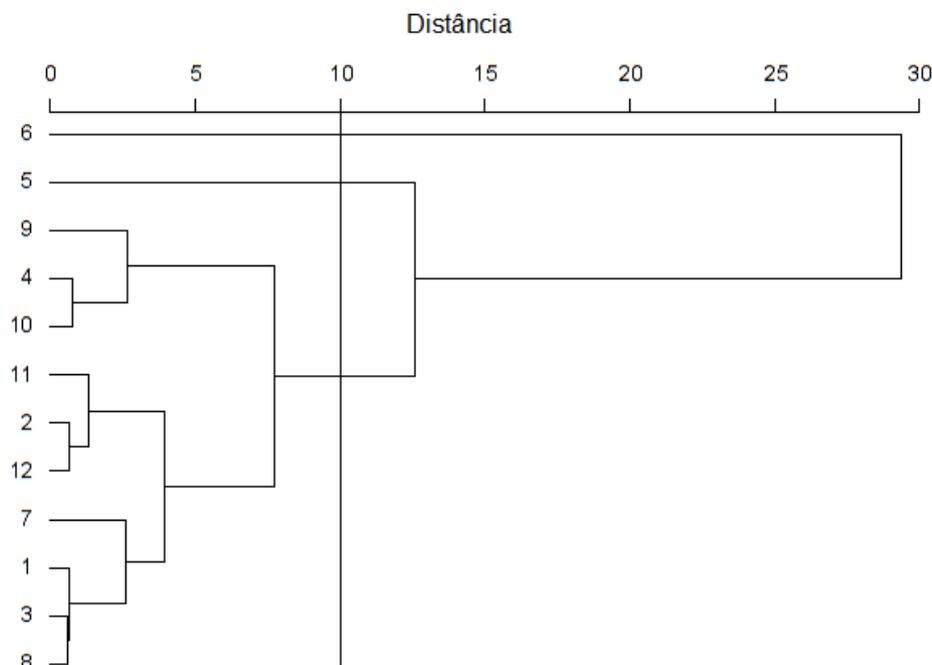


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método aglomerativo da ligação média entre grupos (UPGMA), com as distâncias de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre os genótipos de feijão para as variáveis do tempo de cozimento (TCH2, TCH12 e TCH13). Valor de correlação copenética = 0,83.

*Figure 1. Dendrogram obtained by the agglomerative method of average linkage between groups (UPGMA), from the Mahalanobis distances ( $D^2$ ) between the bean genotypes for the cooking time variables (TCH2, TCH12 and TCH13). Cophenetic correlation value = 0.83.*

As informações referentes ao mérito dos cruzamentos, conjuntamente as populações segregantes conduzidas em bulk com diferentes níveis de heterozigose, apresentam subsídios importantes na definição do momento adequado de iniciar o teste das progênes, julgando assim o mérito destas. Pois este caráter, demonstra a particularidade de necessitar uma avaliação minuciosa, sendo essencial na obtenção do progresso com a seleção de plantas, visto que o avanço genético para qualquer caráter é definido em termos dos valores genéticos das gerações realmente testadas, em consequência das mudanças nas frequências alélicas obtida pela seleção. Com isso, demonstrando relevância decorrente da impossibilidade de realizar previsões sem o conhecimento das informações oriundas da avaliação das progênes, contrariamente a outros caracteres, onde o melhorista pode direcionar a seleção a partir de ideótipos com base em sua experiência, descartando genótipos inferiores de maneira precoce (ALLARD 1971).

Conforme observado nas estimativas da dissimilaridade dos genótipos verificadas na Tabela 4, o cruzamento BAF50 x BAF07 demonstrou maiores valores de dissimilaridades entre as diferentes gerações segregantes, comparativamente ao outro cruzamento. Deste modo, a consideração da interdependência das variáveis do tempo de cozimento pelo método cozedor de Mattson na análise estatística, colabora com a síntese de informações a partir da variação total, observada para as variáveis mensuradas nos genótipos, podendo favorecer a identificação de progênes superiores neste caráter.

## CONCLUSÃO

A proposta utilizando a análise multivariada, aplicada as variáveis do tempo de cozimento em feijão demonstrou resultados que possibilitaram a diferenciação dos genótipos a partir das constituições genéticas presente neste estudo, indicando uma alternativa para análise estatística deste caráter. Adicionalmente, foi verificado que o cruzamento BAF50 x BAF07 demonstrou maiores estimativas de dissimilaridade nas progênes de feijão inerentes as diferentes gerações.

## REFERÊNCIAS

- ALLARD RW. 1971. Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blucher. 381p.
- ARNS FD et al. 2018. Combined selection in carioca beans for grain size, slow darkening and fast-cooking after storage times. *Euphytica* 214: 66.
- ARRUDA B et al. 2012. Environment is crucial to the cooking time of beans. *Ciência e Tecnologia de Alimentos* 32: 573-578.
- BRASIL. 2006. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. INSTRUÇÃO NORMATIVA Nº 25, DE 23 DE MAIO DE 2006. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/>. Acesso em: 10 fev. 2023.
- CHIORATO AF et al. 2010. Genetic gain in the breeding program of common beans at IAC from 1989 to 2007. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 10: 329-336.
- CICHY KA et al. 2019. The role of genotype and production environment in determining the cooking time of dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *Legume Science* 1: 1-13.
- COIMBRA JLM et al. 2007. Técnicas multivariadas aplicadas ao estudo da fauna do solo: contrastes multivariados e análise canônica discriminante. *Revista Ceres* 54: 271-277.
- CONAB. 2022. Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos. Brasília: CONAB.
- CRUZ CD et al. 2020. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Viçosa: UFV. 614p.
- DELLAGOSTIN M et al. 2011. Dissimilaridade genética em população segregante de soja com variabilidade para caracteres morfológicos de semente. *Revista Brasileira de Sementes* 33: 689-698.
- FALCONER DS & MACKAY TFC. 1996. Introduction to quantitative genetics. Essex: Longmans Green.
- KATJURAMU DN et al 2020. On-farm multi-location evaluation of genotype by environment interactions for seed yield and cooking time in common bean. *Scientific reports* 10: 1-12.
- KOPPEN W & GEIGER R. 1930. Handbuch der klimatologie. Berlin: Gebrüder Borntraeger.
- LOS FGB et al. 2018. Beans (*Phaseolus vulgaris* L.): whole seeds with complex chemical composition. *Current Opinion in Food Science* 19: 63-71.
- MATTSON S. 1946. The cookability of yellow peas. A colloid-chemical and biochemical study. *Acta Agriculturae Suecana* 2: 185-231.
- MELO RCD et al. 2020. Pressuposições do modelo estatístico atendidas por modelos lineares: clássicos e generalizados mistos. *Revista Ciência Agronômica* 51: 1.
- MORRISON DE. 1976. Multivariate statistical methods. New York: McGraw-Hill. 338p.
- PEREIRA HS et al. 2017. Culinary and nutritional quality of common bean lines with Carioca grain type and interaction with environments. *Revista Ceres* 64:159-166.
- PROCTOR JR & WATTS BM. 1987. Development of a modified Mattson bean cooker procedure based on sensory panel cookability evaluation. *Canadian Institute of Food Science and Technology Journal* 20: 9-14.
- R CORE TEAM 2023. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. Disponível em: <https://www.R-project.org/>
- RENCHER AC. 2002. Methods of multivariate Analysis. 2.ed. New York: A Wiley-Interscience publication. 740p.
- RIBEIRO ND et al. 2023. Ganho genético para caracteres tecnológicos de novas cultivares desenvolvidas pela rede sul brasileira de feijão. *Ciência e Agrotecnologia* 47: e019322.
- RIBEIRO ND et al. 2007. Padronização de metodologia para avaliação do tempo de cozimento dos grãos de feijão. *Bragantia* 66: 335-346.
- SOUZA EA et al. 2000. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35: 1765-1771.
- SMITH G. 2018. Step away from stepwise. *Journal of Big Data* 5: 1-12.
- WIESINGER JA et al. 2016. Demonstrating a Nutritional Advantage to the Fast-Cooking Dry Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 64: 8592-8603.