

UTILIZAÇÃO DE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES MOLECULARES PARA AVALIAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE HÍBRIDOS DE MILHO¹

Wagner Mateus Costa Melo²
Renzo Garcia Von Pinho³
João Bosco dos Santos⁴
Daniel Furtado Ferreira⁵

RESUMO

Os objetivos deste trabalho foram estimar a divergência genética entre híbridos comerciais de milho, por meio de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares, e verificar a relação entre esses procedimentos. Foram conduzidos dois experimentos, um em Lavras, MG e o outro em Ijaci, MG, utilizando o delineamento de blocos casualizados com três repetições. Para a avaliação da divergência morfoagronômica, foram avaliadas 25 características de 10 cultivares de milho (C 909, C 901, C 333, C 805, Z 8392, Z 8452, P 3041, P 3069, AG 9012 e AG 5011), utilizados para obter as distâncias de Mahalanobis (D^2) entre todos os pares possíveis envolvendo esses cultivares. Com base na estimativa de D^2 foi realizada uma análise de agrupamento pelo método hierárquico do vizinho mais próximo. Na avaliação da divergência genética por meio de marcadores moleculares (RAPD), foi utilizado o coeficiente de similaridade de Sorence – Dice, transformado em distância genética e agrupado a partir de um dendrograma (método UPGMA). Pela avaliação da divergência genética por meio dos caracteres morfoagronômicos foram obtidos quatro grupos: grupo 1, formado pelo cultivar C 909; grupo 2, pelo cultivar Z 8392; grupo

¹ Aceito para publicação em 22.01.2001.

² Dep. de Agricultura, UFLA. Cx. Postal 37, 37200-000 Lavras, MG. E-mail: wamameco@zipmail.com.br

³ Dep. de Agricultura, UFLA. Cx. Postal 37, 37200-000 Lavras, MG. E-mail: renzo@ufla.br

⁴ Dep. de Biologia, UFLA. Cx. Postal 37, 37200-000 Lavras, MG. E-mail: joão@ufla.br

⁵ Dep. de Ciências Exatas, UFLA. Cx. Postal 37, 37200-000 Lavras, MG. E-mail: danielff@ufla.br

cruzadas, resultem em híbridos com características mais desejáveis. Uma questão a este respeito é sobre qual tipo de germoplasma utilizar.

A maioria dos melhoristas de milho tem preferido utilizar germoplasmas de base genética estreita, incluindo linhagens-elite e híbridos comerciais, simples ou triplos, que já tenham sido extensivamente avaliados e possuam características importantes para o melhoramento (20).

Para a avaliação dos germoplasmas tem sido empregada a avaliação da divergência genética, que pode ser estimada pela divergência morfoagronômica, avaliada por meio de diversos caracteres de interesse da planta, os quais posteriormente são submetidos à análise multivariada (2).

A divergência genética tem sido avaliada há algum tempo por diversos melhoristas, visando classificar os genótipos em grupos, facilitando deste modo a escolha de parentais para hibridações, tendo como base medidas como a estatística D^2 de Mahalanobis (15).

Com o desenvolvimento da biologia molecular, a estimativa da divergência genética pode ser feita também a partir da análise de marcadores moleculares. Os marcadores do DNA de maior utilização são o RFLP, o RAPD, os microssatélites e o AFLP, tendo o RAPD algumas vantagens sobre os demais, pois possui menor custo e é tecnicamente mais acessível (6).

Diversos trabalhos têm sido conduzidos para verificar a associação entre as diferentes medidas utilizadas para estimar a divergência genética. Na cultura do milho, alguns autores encontraram forte associação entre a divergência genética obtida por marcadores moleculares e a obtida por meio de caracteres morfoagronômicos (17, 18).

A análise da divergência genética visa identificar os genitores mais divergentes, objetivando, após o cruzamento, maximizar a heterose. Embora haja na literatura referências sobre o relacionamento entre a divergência genética e a heterose, existem muitas controvérsias sobre esse assunto, evidenciando que nem sempre a divergência genética entre os genitores resultará em híbridos mais heteróticos.

Com os resultados obtidos pela avaliação da divergência genética por meio dos caracteres morfoagronômicos e por marcadores moleculares, pode-se verificar a relação entre eles, o que possibilitará a adoção de um e, ou, outro método, visando, desse modo, à formação da população-base.

Os objetivos deste trabalho foram estimar a divergência genética entre híbridos comerciais de milho, por meio de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares, e verificar o relacionamento entre esses dois métodos.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados 10 cultivares de milho (C 901, C 333, C 909, C 805, AG 9012, AG 5011, P 3069, P 3041, Z 8452, Z 8392), provenientes

3, pelos cultivares AG 5011, Z 8452 e C 333, e grupo 4, pelos demais cultivares. Os cultivares C 909 e Z 8392 apresentaram maior divergência em relação aos demais. Na avaliação da divergência genética por meio dos marcadores moleculares, foi constatado que os cultivares C 909 e Z 8392 também foram considerados divergentes entre si e em relação aos demais. A correlação entre as estimativas obtidas entre esses dois métodos, embora significativa, foi de pequena magnitude, indicando que estas são medidas distintas e complementares. Dessa forma, a utilização de uma estimativa não substitui a necessidade de se avaliar a outra.

USE OF MORPHOAGRONOMICAL CHARACTERS AND MOLECULAR MARKERS TO EVALUATE GENETIC DIVERGENCE AMONG MAIZE HYBRIDS

The objectives of this work were to estimate the genetic divergence among commercial maize hybrids by means of morphoagronomical characters and molecular markers and to verify the relationship among these procedures. Two experiments were conducted, one in Lavras – MG and the other in Ijaci, MG, using a randomized block design with three replications. Twenty five characteristics of ten cultivars (C 909, C 901, C 333, C 805, Z 8392, Z 8452, P 3041, P 3069, AG 9012, and AG 5011) were used to evaluate the morphoagronomical divergence. These characteristics were used to obtain the Mahalanobis distances (D^2) among all the possible pairs involving those cultivars. Based on D^2 estimate, cluster analysis was performed by the nearest neighbor method. The Sorence-Dice similarity coefficient was used to evaluate the genetic divergence by means of the RAPD molecular markers. The data obtained were transformed in genetic distances which were used to group the cultivars in a dendrogram by the UPGMA method. By evaluating the genetic divergence by means of the morphoagronomical characters, four groups were obtained, namely, group one, containing cultivar C 909; group two, containing cultivar Z 8392; group 3, containing cultivars AG 5011, Z 8452 and C 333; and group four, containing the other cultivars. The cultivars C 909 and Z 8392 presented greater divergence in relation to the others. In the evaluation of the genetic divergence by molecular markers, it was found that cultivars C 909 and Z 8392 were also regarded as divergent among them and in relation to the others. The correlation among the estimates obtained by those two methods was significant but of little magnitude, indicating that those are distinct and complementary divergence measures. Thus, using one estimate does not replace the need to evaluate the other.

Key words : *Zea mays*, RAPD, genetic distances, germplasm.

INTRODUÇÃO

Ao se iniciar um programa de melhoramento de milho, devem-se tomar várias decisões, dentre elas a escolha e formação da população base sobre a qual a seleção atuará, o que será de vital importância para a obtenção de linhagens com fenótipos mais desejáveis que, quando

de quatro empresas produtoras de sementes (Quadro 1). Esses cultivares foram selecionados por apresentarem bom desempenho e serem recomendados para o sul de Minas Gerais.

QUADRO 1 - Cultivares de milho utilizados nos experimentos

Cultivar	Ciclo	Empresa	Tipo de Material	Tipo de grão
C 901	Superprecoce	Cargill	Híbrido simples	Semidentado amarelo
C 333	Normal	Cargill	Híbrido simples	Semiduro alaranjado
C 909	Superprecoce	Cargill	Híbrido simples	Semiduro amarelo
C 805	Superprecoce	Cargill	Híbrido triplo	Semiduro alaranjado
AG 9012	Superprecoce	Agrocere	Híbrido simples	Duro avermelhado
AG 5011	Precoce	Agrocere	Híbrido triplo	Semidentado amarelo
P3069	Superprecoce	Pioneer	Híbrido simples	Duro alaranjado
P 3041	Precoce	Pioneer	Híbrido triplo	Duro alaranjado
Z 8392	Supreprecoce	Zeneca	Híbrido simples	Semiduro alaranjado
Z 8452	Precoce	Zeneca	Híbrido simples	Semiduro alaranjado

Para a avaliação dos cultivares foram conduzidos dois experimentos, um em Lavras, MG, e o outro em Ijaci, MG. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições. A parcela consistiu de duas fileiras de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,9 m, com 25 plantas/fileira após o desbaste, realizado aos 25 dias após a emergência das plantas.

A adubação de semeadura em cada experimento foi de 400 kg/ha da fórmula 8 (N): 28 (P₂O₅):16 (K₂O). Foram realizadas duas adubações de cobertura; na primeira, aos 30 dias após a emergência das plantas, foram aplicados 60 kg/ha de nitrogênio e 50 kg/ha de potássio. Na segunda adubação, aos 45 dias após a emergência, foram aplicados 60 kg/ha de nitrogênio. Os demais tratamentos culturais foram os normalmente utilizados na cultura do milho.

Foram avaliadas 25 características morfoagronômicas, coletadas em cinco plantas competitivas de cada parcela (Quadro 2).

Para a determinação das estimativas da divergência morfoagronômica entre os genitores, após a obtenção dos dados das 25 características avaliadas, foi realizada inicialmente, uma análise de variância univariada por local, de cada característica. Posteriormente, foi realizada uma análise univariada conjunta envolvendo os dois locais, utilizando as médias dos cultivares obtidos nas análises univariadas. A partir da análise conjunta utilizando as médias obtidas de cada característica, foi realizada uma análise multivariada (MANAVA), envolvendo todas as 25 características.

Foi utilizado o programa SAS, módulo GLM, para efetuar a MANAVA, na qual foram obtidas estimativas das matrizes de soma de quadrados e produtos do erro (3). Para testar a hipótese de igualdade dos efeitos dos cultivares foi adotado o critério de Wilks. A significância do teste foi atribuída à divergência entre os cultivares (3).

QUADRO 2 - Características morfoagronômicas avaliadas		
Características	Medida	Descrição
1. Colmo		
Comprimento do internódio	cm	Média do comprimento do internódio abaixo da espiga
Número de internódios	número	Média do número de internódios do solo até o pendão
Diâmetro	cm	Média do diâmetro do internódio abaixo da espiga
2. Características da folha		
Comprimento	cm	Média do comprimento da folha de inserção da espiga, tomado da bainha até a ponta da folha
Largura	cm	Média da largura da folha de inserção da espiga, tomada no meio da folha
Número de folhas acima da espiga	número	Média do número de folhas acima da espiga até o pendão
Número de folhas abaixo da espiga	número	Média do número de folhas abaixo da espiga até o solo
Ângulo entre a lâmina da folha e o colmo	nota	Média de notas (1 - 20°, 2 - 30°, 3 - 40°, 4 - 50° e 5 - 60°) do ângulo formado entre a lâmina da folha de inserção da espiga e o colmo
3. Características do pendão		
Comprimento da haste principal	cm	Média do comprimento do pendão, tomado da sua base até a sua extremidade
Comprimento da haste secundária	cm	Média do comprimento da primeira ramificação lateral
Ramificações secundárias	número	Média do número de ramificações secundárias
Ângulo entre a haste secundária e a haste principal	nota	Média de notas (1 - 20°, 2 - 30°, 3 - 40°, 4 - 50° e 5 - 60°) do ângulo formado entre a haste secundária e a principal
4. Características da espiga		
Comprimento da espiga	cm	Média do comprimento da espiga, da sua base até a sua extremidade
Número de fileiras/espiga	número	Média do número de fileiras das espigas
Número de grãos/fileira	número	Média do número de grãos/fileira das espigas
Diâmetro do sabugo	cm	Média do diâmetro do sabugo, medido no meio do sabugo
Diâmetro da espiga	cm	Média do diâmetro das espigas, medido no meio da espiga
Cor do sabugo	nota	Média de notas (1-roxo, 2-vermelho escuro, 3-vermelho claro, 4-creme e 5-branco)
Empalhamento	nota	Média de notas (1-ótimo, 2-muito bom, 3-bom, 4-ruim e 5-péssimo)
Posição da espiga	nota	Média de notas (1-rente ao colmo, 2-30° em relação ao colmo, 3-45° em relação ao colmo, 4-60° em relação ao colmo a 5-totalmente decumbente em relação ao colmo) do ângulo formado entre a espiga e o colmo
5. Características do grão		
Peso hectolítrico	g	Peso médio de 100 litros de grãos
6. Característica da planta		
Altura da planta	cm	Média da altura das plantas do solo até a folha bandeira
Altura de inserção da espiga	cm	Média da altura das espigas do solo até a inserção da primeira espiga
Produção de espigas despalhadas	kg/ha	Peso de espigas corrigido para 13% de umidade e para estande
Prolificidade	%	Relação entre o número de espigas por parcela e o estande final, multiplicado por 100

A partir dos resultados da análise multivariada foram estimadas as distâncias de Mahalanobis (D^2_{ij}), como uma medida de dissimilaridade entre os genitores i e j para todas as 45 combinações (5).

Com base nas estimativas de D^2_{ij} foi realizada a análise de agrupamento, adotando-se o método hierárquico do vizinho mais próximo, apresentado por Johnson e Wichern (9).

Para o estudo da divergência genética avaliada por meio de marcadores moleculares, foram utilizados os mesmos 10 cultivares descritos no Quadro 1. As análises foram feitas com extratos foliares de plantas jovens de milho com aproximadamente 10 a 15 cm de altura. A coleta do material foi feita no começo da manhã e, logo após coletadas, as amostras foram etiquetadas e colocadas em nitrogênio líquido para congelamento rápido, evitando assim a degradação do material. Após o congelamento, o material foi liofilizado para posterior análise molecular no Laboratório de Genética Molecular do Departamento de Biologia da UFLA. A extração do DNA foi realizada de acordo com o procedimento descrito por Ferreira e Grattapaglia (6).

A reação de RAPD foi preparada para um volume de 10 μ l, de acordo com o procedimento utilizado por Nienhuise e Singh (12), com modificações. Cada mistura de reação continha: 20 ng de DNA genômico; 100 μ M de cada um dos desoxirribonucleotídeos (dATP, dCTP, dGTP, dTTP); 0,4 μ M de um oligonucleotídeo iniciador; 0,6 unidades da enzima Taq DNA polimerase e tampão de reação (50 μ M de tris pH 8,3, 20 μ M de KCl, 2 μ M de $MgCl_2$, 5 μ M/ml de BSA, 0,25% de Ficol 400, 10 μ M de tartrazine); e água pura totalizando 10 μ l.

Foram utilizados 40 iniciadores decanucleotídeos adquiridos na "Operon Technologies" (Califórnia, EUA), previamente selecionados em experimentos preliminares de laboratório, com base na resolução das suas bandas e também por apresentarem polimorfismo (Quadro 3).

Na avaliação dos géis, cada banda foi tratada como um único loco, e a sua presença foi designada por 1 e a ausência, por 0. De posse desses dados, foi construída uma matriz binária.

A estimativa da similaridade genética (sg_{ij}) entre cada par de cultivares "i" e "j" foi efetuada pelo coeficiente de similaridade de Sorensen-Dice (7). As medidas de similaridades foram transformadas em medidas de distâncias genéticas pela seguinte expressão: $dg_{ij} = 1 - sg_{ij}$.

A representação simplificada das distâncias foi feita por meio de um dendrograma, obtido pelo método hierárquico aglomerativo da média aritmética entre pares não ponderados (UPGMA), pelo programa NTSYS-PC (13).

QUADRO 3 – Iniciadores, e respectiva seqüência de bases e número de bandas polimórficas e monomórficas, utilizados no estudo

Iniciador	Seqüência	Nº bandas polimórficas	Nº bandas monomórficas
OPA – 01	CAGGCCCTTC	4	2
OPA – 02	TGCCGAGCTG	4	3
OPA – 03	AGTCAGCCAC	2	3
OPA – 04	AATCGGGCTG	1	2
OPA – 05	AGGGGTCTTG	1	1
OPA – 06	GGTCCCTGAC	1	2
OPA – 07	GAAACGGGTG	5	1
OPA – 09	GGGTAACGCC	3	2
OPA – 10	GTGATCGCAG	3	1
OPA – 11	CAATCGCCGT	2	2
OPA – 12	TCGGCGATAG	3	1
OPA – 13	CAGCACCCAC	2	3
OPA – 14	TCTGTGCTGG	5	1
OPA – 17	GACCGCTTGT	5	1
OPA – 19	CAAACGTCCG	7	3
OPA – 20	GTTGCGATCC	5	1
OPB – 1	GTTTCGCTCC	4	2
OPB – 5	TGCGCCCTTC	2	0
OPB – 7	GGTGACGCAG	6	2
OPB – 10	CTGCTGGGAC	5	2
OPB – 11	GTAGACCCGT	1	3
OPB – 12	CCTTGACGCA	1	3
OPB – 13	TTCCCCGCT	1	3
OPB – 14	TCCGCTCTGC	1	2
OPB – 15	GGAGGGTGTT	3	2
OPB – 17	AGGGAACGAG	6	0
OPB – 18	CCACAGCAGT	5	2
OPC – 5	GATGACCGCC	2	1
OPC – 6	GAACGGACTC	3	1
OPC – 7	GTCCCGACGA	1	4
OPC – 8	TGGACCGGTG	3	2
OPC – 9	CTCACCGTCC	4	2
OPC – 11	AAAGCTGCGC	1	1
OPC – 13	AAGCCTCGTC	3	2
OPC – 16	CACACTCCAG	3	2
OPD – 13	GGGGTGACGA	4	2
OPD – 15	CATCCGTGCT	2	2
OPD – 18	GAGAGCCAAC	4	5
OPD – 20	ACCCGGTCAC	5	4
OPE – 6	AAGACCCCTC	3	1

Com a finalidade de verificar a relação entre as estimativas da divergência genética, obtidas dos marcadores de RAPD com as conseguidas a partir dos caracteres morfoagronômicos (distância de Mahalanobis), foi estimada a correlação de Pearson entre elas (19).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

No Quadro 4, está apresentado o resumo da análise de variância multivariada envolvendo os dois locais. Por meio da aproximação do critério de Wilks pelo teste F, foi verificado que os cultivares diferiram entre si ($P \leq 0,01$) e que os efeitos de locais e da interação também foram significativos ($P \leq 0,01$).

Resultados semelhantes foram obtidos por Ferreira (5), que constatou divergência entre os materiais, nas mesmas características avaliadas neste trabalho.

De acordo com Cruz (3) e Ferreira (5), a significância do efeito de cultivares, quando são considerados diversos caracteres morfoagronômicos, indica em princípio, divergência genética entre eles. Assim, pode-se inferir que pelo menos uma cultivar, dos 10 utilizados nesse trabalho, apresenta divergência em relação aos demais.

QUADRO 4 - Análise multivariada, segundo critério de Wilks, dos 25 caracteres morfoagronômicos dos 10 cultivares, avaliados em dois locais do sul de Minas Gerais			
CV	G.L		F
	Numerador	Denominador	
Cultivares (C)	225	122	8,0807 **
Local (L)	25	12	133,0194 **
C x L	225	122	1,4712 **

** Significância a 1% de probabilidade.

Foram obtidas as estimativas das distâncias de Mahalanobis (D^2) entre as 10 cultivares (Quadro 5). Pode-se observar que 84% dessas distâncias foram superiores a 5,7, que foi o nível de corte adotado no dendrograma (Figura 1). A menor distância ($D^2 = 1,19$) foi encontrada entre o par de cultivares P 3069 e P 3041.

Esse resultado provavelmente se deve ao fato de esses dois cultivares pertencerem à mesma empresa, devendo, portanto, possuir linhagens comuns. A maior estimativa da distância de Mahalanobis ($D^2 = 66,03$) foi obtida entre os cultivares C 909 e Z 8392.

A partir das estimativas da distância de Mahalanobis foi realizada a análise de agrupamento pelo método do vizinho mais próximo. Este método tem sido utilizado com sucesso em vários trabalhos e com várias culturas, como milho (5), feijão (1) e soja (11). O método adota, para a separação dos materiais em grupos, um ponto de corte, definido arbitrariamente, o qual separa esses materiais conforme a divergência entre eles. Foi adotado o ponto de corte igual a 5,7, de acordo com a distância de Mahalanobis (Figura 1).

QUADRO 5 - Distâncias de Mahalanobis obtidas entre os 45 híbridos F₁ resultantes do cruzamento dialélico entre 10 cultivares de milho

	AG 9012	P 3069	P 3041	C 901	C 909	C 333	Z 8392	Z 8452	AG5011
C 805	8,12	3,74	3,85	5,55	15,44	9,54	21,01	9,34	11,40
AG9012		6,94	4,75	10,74	31,46	17,79	17,85	13,28	8,18
P3069			1,19	9,29	15,15	6,10	21,47	6,48	9,04
P3041				7,32	15,96	10,22	23,55	8,26	9,68
C901					12,28	23,70	39,63	22,28	21,32
C909						27,94	66,03	34,26	43,10
C303							14,80	4,21	8,90
Z8392								10,95	8,41
Z8452									5,09

Foram obtidos quatro grupos, sendo o grupo 1 formado pelo cultivar C 909; o grupo 2, pelo cultivar Z 8392; o grupo 3, pelos cultivares AG 5011, Z 8452 e C 333; e o grupo 4, pelos demais. Observa-se que o cultivar C 909, seguido do Z 8392 apresentou maior divergência em relação aos cultivares pertencentes aos demais grupos.

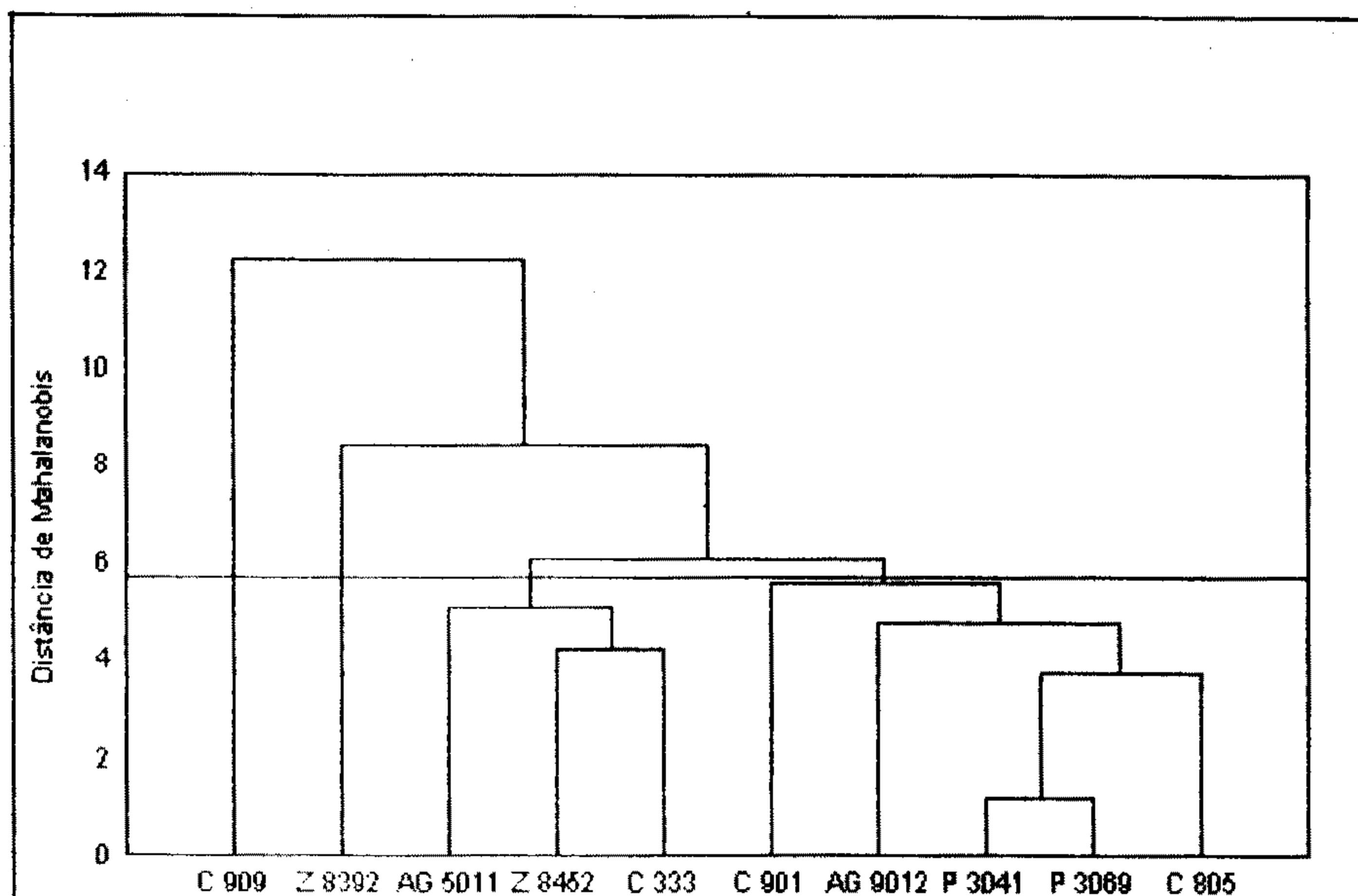


FIGURA 1 - Dendrograma de ligação simples feito a partir da análise de agrupamento dos 10 cultivares de milho, utilizando o método do vizinho mais próximo, baseado na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), obtida a partir da avaliação de 25 caracteres morfoagronômicos.

No estudo da divergência genética por meio dos marcadores moleculares foram utilizados 40 iniciadores, os quais geraram pelo menos uma banda polimórfica entre os cultivares analisados. Estes 40 iniciadores geraram 205 produtos de amplificação (bandas), com uma média de 5,13 bandas por iniciador. Destas, 126 foram polimórficas (3,15 bandas por iniciador) e 79 monomórficas (1,98 banda por iniciador). (Quadro 3).

O nível de polimorfismo obtido foi inferior a alguns resultados encontrados em outros trabalhos (4, 8, 14), mas semelhante aos obtidos por Skroch et al. (16) e Vasconcelos et al. (21). Vale ressaltar que o nível de polimorfismo a ser obtido dentro de uma espécie depende do grau de divergência dos genótipos estudados.

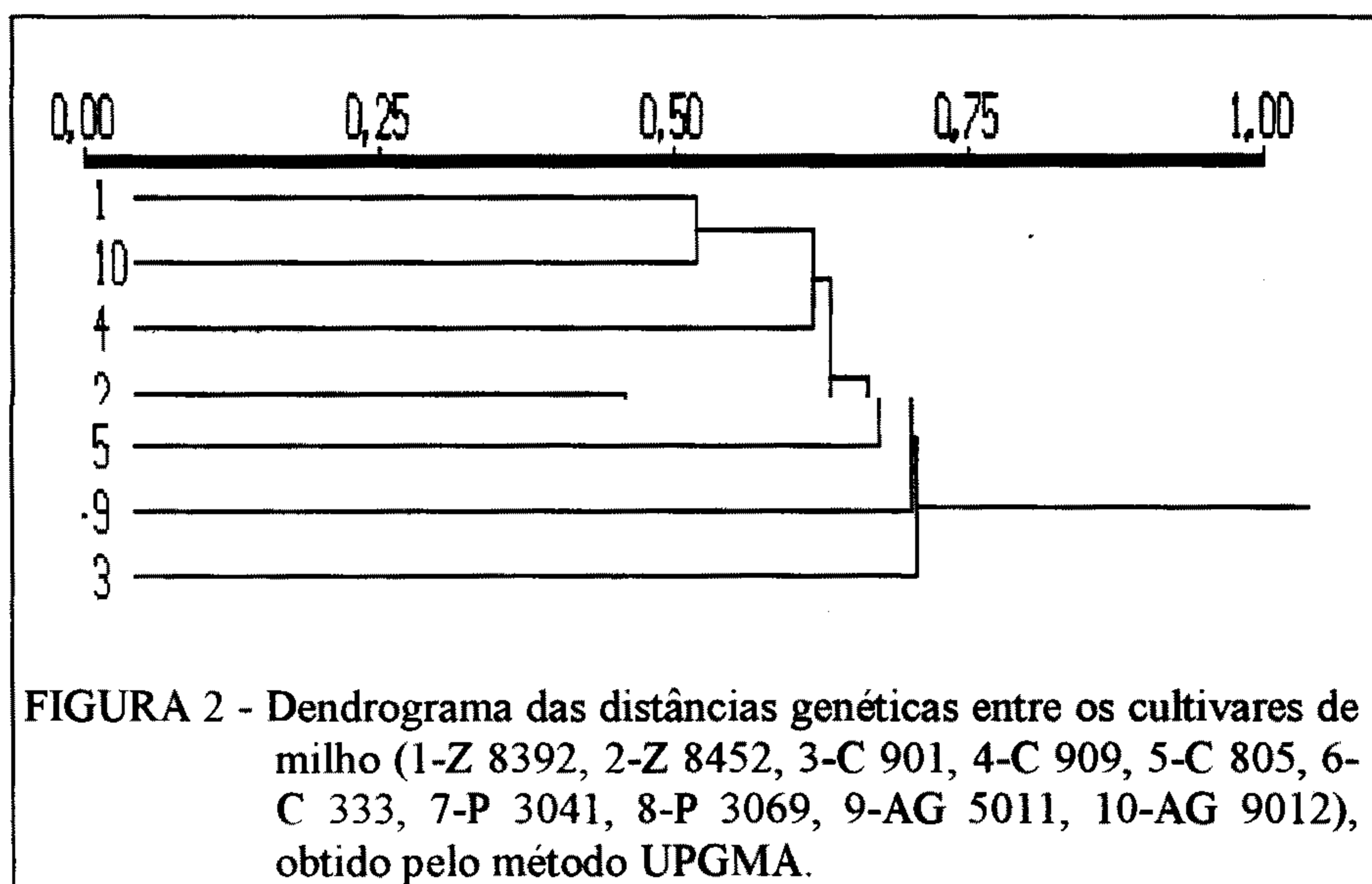
A distância genética média das 45 combinações obtidas foi de 0,38 com uma amplitude de 0,18 entre os cultivares P 3069 e AG 5011 e de 0,58 entre os cultivares Z 8452 e P3041 (Quadro 6).

Na Figura 2 está apresentado o agrupamento dos cultivares, conforme o método de agrupamento UPGMA, o qual agrupa os cultivares por meio de um dendrograma. Por esta figura, foi observado que os cultivares C 909 e Z 8392 foram consideradas também divergentes entre si e em relação aos demais, comprovando os resultados obtidos pelo dendrograma apresentado na Figura 1, quando foi utilizado o método do vizinho mais próximo, baseado em caracteres morfoagronômicos.

Quando se considera o par de cultivares Z 8452 e P 3041 verifica-se que eles foram considerados divergentes, independentemente de a avaliação da divergência ter sido realizada utilizando-se os caracteres morfoagronômicos ou o marcador molecular do tipo RAPD (Figuras 1 e 2). Desse modo, nesses cultivares houve boa concordância entre a divergência genética avaliada por meio de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares do tipo RAPD.

QUADRO 6 - Matriz de distâncias genéticas (acima da diagonal) e erro padrão estimado (abaixo da diagonal) entre 10 cultivares de milho analisados dois a dois

	Z 8392	Z 8452	C 901	C 909	C 805	C 333	P 3041	P 3069	AG 5011	AG 9012
Z 8392		0,30	0,38	0,39	0,35	0,47	0,47	0,44	0,46	0,52
Z 8452	0,051		0,35	0,34	0,41	0,44	0,58	0,42	0,38	0,44
C 901	0,053	0,052		0,25	0,25	0,37	0,43	0,30	0,31	0,38
C 909	0,053	0,051	0,047		0,26	0,32	0,50	0,40	0,36	0,46
C 805	0,052	0,052	0,047	0,047		0,32	0,41	0,37	0,35	0,44
C 333	0,056	0,055	0,055	0,053	0,053		0,47	0,41	0,39	0,44
P 3041	0,055	0,052	0,053	0,053	0,054	0,057		0,32	0,35	0,40
P 3069	0,052	0,051	0,048	0,050	0,049	0,052	0,051		0,18	0,27
AG 5011	0,051	0,050	0,048	0,049	0,049	0,052	0,051	0,041		0,26
AG 9012	0,053	0,053	0,051	0,052	0,052	0,055	0,055	0,048	0,048	



A correlação entre a estimativa da divergência genética avaliada por meio de caracteres morfoagronômicos e a estimada por marcadores moleculares, embora significativa, foi de pequena magnitude ($r = 0,264$), indicando que são medidas distintas e complementares. Dessa forma, a utilização de uma estimativa não substitui a necessidade de se avaliar a outra. Resultado contrário foi obtido por Machado (10), que obteve alta correlação entre essas duas estimativas, parecendo indicar que os marcadores são úteis para prever as populações mais segregantes quando o interesse é por vários caracteres agronômicos.

CONCLUSÕES

1) As duas metodologias empregadas evidenciam a existência de divergência genética entre os cultivares avaliados.

2) A correlação entre a estimativa da divergência genética avaliada por meio de caracteres morfoagronômicos e a estimada por marcadores moleculares, embora significativa, foi de pequena magnitude, indicando que são medidas distintas e complementares. Dessa forma, a utilização de uma estimativa não substitui a necessidade de se avaliar a outra.

REFERÊNCIAS

1. ABREU, A. F. B. Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais. Lavras, UFLA, 1997. 79p. (Tese de Doutorado).
2. ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. *Indian Journal Genetic and Plant Breeding*. 41:226-36, 1981.
3. CRUZ, C.D. Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Piracicaba, ESALQ/USP, 1990. 188p. (Tese de Doutorado).
4. DUARTE, J.M. Estudo da divergência genética em raças de feijão por meio de marcadores RAPD. Lavras, UFLA, 1998. 78p. (Dissertação de Mestrado).
5. FERREIRA, D. F. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. Lavras, ESAL, 1993. 72 p. (Dissertação de Mestrado).
6. FERREIRA, M.E. & GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética. Brasília, EMBRAPA/CENARGEN, 1995. 220p.
7. GOWER, J.C. Measures of similarity, dissimilarity, and distance. In: Kotz, S. & Johnson, N.L. (eds.). *Encyclopedia of statistical science*. Nova York, J. Wiley, 1985. V.5, p.397-405.
8. JOHNS, M. A.; SKROCH, P. W.; NIENHUIS, J.; KINRICHSEN, P.; BASCUR, G. & MUÑOZ-SCHICK, C. Gene pool classification of common bean landraces from Chile based on RAPD and morphological data. *Crop Science*, 37:605-13, 1997.
9. JOHNSON, E. & WICHERN, D.W. *Applied multivariate statistical analysis*. 2 ed. New York, Prentice-Hall, 1988. 607p.
10. MACHADO, C. F. Procedimentos para a escolha de genitores de feijão. Lavras, UFLA, 1999. 118 p. (Dissertação de Mestrado).
11. MIRANDA, G.V. Diversidade genética e desempenho de cultivares elites de soja como progenitores. Viçosa, UFV, 1998. 117p (Tese de Doutorado).
12. NIENHUIS, J. & SINGH, S. P. Genetic of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of Middle-American origins, L. General combining ability. *Plant Breeding*, 101:143-54, 1988.
13. ROHLF, F.J. *Numerical taxonomy and multivariate analysis system*. New York, Prentice-Hall, 1992. 470p. (Version 1.70).
14. SANTOS, J. B. dos; NIENHUIS, J.; SKROCK, P.; TIVANG, J. & SLOCUM, M. K. Comparation of RAPD and RFLP genetic markers in determining genetic similarity among *Brassica oleracea* L. genotypes. *Theoretical and Applied Genetics*, 87:909-15, 1994.
15. SINGH, D. The relative importance of characters affecting divergence. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 41:237-45, 1981.
16. SKROCH, P. W.; SANTOS, J. B. dos & NIENHUIS, J. Genetics relationship among *Phaseolus vulgaris* genotypes based on RAPD marker data. *Bean Improvement Cooperative Annual Report*, 35:23-4, 1992.
17. SMITH, O.E. & SMITH, J.S.C. Measurement of genetic diversity among maize hybrids: A comparison of isozymic, RFLP, pedigree, and heterosis data. *Maydica*, 37:53-60, 1991.
18. SMITH, O.S.; SMITH, J.S.C.; BOWEN, S.L.; TENBORG, R.A. & WALL, S.J. Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree: F₁ grain yield, grain yield heterosis and RFLPs. *Theoretical and Applied Genetics*. 80:833-40, 1990.
19. STELL, R.G. & TORRIE, J.H. *Principles and procedures of statistic. A biometrical approach*. New York, McGraw-Hill Book Company, 1980. 633p.
20. TROYER, A.F. Breeding early corn. In: Hallauer, A.R. (ed.). *Specialty corns*. Ames, CRC Press, 1994. p. 342-96.

21. VASCONCELOS, M. J. V.; BARROS, E. G. de; MOREIRA, M. A. & VIEIRA, C. Genetic diversity of the common bean *Phaseolus vulgaris* L. determined by DNA-based molecular marked. *Revista Brasileira de Genética*, 19:447-51, 1996.