

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI DE PORTE SEMI-ERETO E ERETO DO BAG DA EMBRAPA MEIO-NORTE

B. B. DA SILVA¹, J. R. ASSUNÇÃO FILHO¹, A. M. MEDEIROS¹, K. J. DAMASCENO-SILVA², M. M. ROCHA², F. R. FREIRE FILHO²

Resumo - O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética em 20 acessos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Meio-Norte. Foram analisados quatro caracteres quantitativos e 29 caracteres qualitativos, respectivamente, através de análise multivariada. A distância genética foi estimada com base na distância de Mahalanobis (D^2) e o agrupamento foi realizado pelo método de Tocher. O delineamento experimental utilizado foi de blocos completos ao acaso com quatro repetições. Foram obtidos quatro grupos com base nos caracteres quantitativos e cinco com base nos caracteres qualitativos. A maior divergência genética foi observada nos acessos TVx-5058-09C e MNC05-784B-38-215, os quais apresentam potencial para serem utilizados como genitores no programa de melhoramento genético do feijão-caupi.

Palavra-chave: *Vigna unguiculata*, distância de Mahalanobis, divergência genética.

GENETIC DIVERGENCE AMONG COWPEA ACCESSIONS OF THE ACTIVE GERMPLOSM BANK IN EMBRAPA MID-NORTH

Abstract – The aiming this work was estimate the genetic divergence among 20 accession of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) from Germplasm Active Bank of Embrapa Mid-North. Were analyzed 4 and 29 quantitative and qualitative traits, respectively, by multivariate analysis. Genetic distance was estimated by Mahalanobis distance (D^2) and the grouping by Tocher Method. The experimental design was random complete blocks with four replicates. Were obtained four and five groups, respectively, with basis in quantitative and qualitative traits. The higher genetic divergence occurred between TVx-5058-09C e MNC05-784B-38-215 accessions. These accessions are potential genitors in cowpea genetic breeding program.

Keywords: *Vigna unguiculata*, Mahalanobis distance, genetic divergence.

¹ Bolsistas de Iniciação científica, E-mail: brunoagro07@hotmail.com; riabamarfh@hotmail.com; arturmedeiros_eln@hotmail.com

² Embrapa Meio Norte, Caixa Postal 01, CEP 64006-220, Teresina, PI. kaesel@cpamn.embrapa.br; rocha@cpamn.embrapa.br; freire@cpamn.embrapa.br

Introdução

A avaliação da diversidade genética das populações permite o conhecimento das melhores combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, viabilizando a obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes. Desse modo, o estudo da diversidade das populações fornece as bases para a identificação de indivíduos divergentes, auxiliando o melhorista na seleção de combinações mais promissoras e favoráveis aos cruzamentos (FALCONER, 1989). Em geral, a dissimilaridade genética é obtida por meio da utilização de análise multivariada. Por tratar-se de uma análise unificadora que permite integrar as múltiplas informações das características extraídas das unidades experimentais, a estatística multivariada proporciona maior oportunidade de escolha de parentais divergentes em programas de melhoramento (DAS; GUPTA, 1984). O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre 20 acessos de feijão-caupi de porte semi-ereto e ereto do banco ativo de germoplasma da Embrapa Meio-Norte a partir de descritores quantitativos e qualitativos.

Material e Métodos

Foram avaliados 20 genótipos de feijão-caupi do banco ativo de germoplasma da Embrapa Meio-Norte, localizada em Teresina – PI. São eles: (1) MNC99-537F-1, (2) MNC99-537F-4, (3) MNC99-541F-5, (4) MNC99-541F-8, (5) MNC99-542F-5, (6) BRS-Novaera, (7) MNC00-553D-8-1-2-3, (8) MNC99-557F-2, (9) MNC01-627F-14-2, (10) MNC01-627F-14-5, (11) MNC03-720C-31, (12) MNC03-730C-31, (13) MNC03-731C-21, (14) MNC03-732C-5, (15) TVx-5058-09C, (16) MNC05-784B-38-2, (17) MNC05-832B-234-5, (18) Vaina-blanca, (19) Califórnia Blackeye, (20) BRS-Guariba.

O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, com quatro repetições. A parcela experimental foi constituída de quatro fileiras de 5m, sendo a área útil composta pelas duas fileiras centrais. O espaçamento entre fileiras foi de 0,5m e entre covas 0,25m. O desbaste foi realizado 15 dias após o plantio, deixando-se duas plantas por cova.

Foram avaliados os seguintes caracteres quantitativos: número de dias para o início da floração (NDIF); comprimento de vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de cem grãos (P100G).

Os caracteres qualitativos avaliados foram relacionados à planta (forma da folha, hábito de crescimento, porte, pigmentação do pedúnculo da inflorescência, desfolhamento na maturidade e ciclo da cultura), à flor (cor da flor e sua uniformidade, cor do cálice, da asa, da quilha e do estandarte, e tipo de inflorescência), à vagem (uniformidade da cor da vagem na maturação, na maturidade fisiológica e na maturidade de colheita, cor da vagem imatura e madura, distribuição das vagens na copa da planta e forma da vagem,) e à semente (cor da semente, classe e subclasse comercial, cor do cotilédone, tipo de tegumento, brilho da semente, cor do anel do hilo, cor do halo, quanto à presença do halo).

Os dados obtidos foram submetidos à análise multivariada. A divergência genética foi estimada com base na distância de Mahalanobis (D^2). Os agrupamentos foram realizados pelo método de Tocher. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES (CRUZ, 1997).

Resultados e Discussão

A análise de variância univariada detectou diferenças significativas entre os acessos, para todos os caracteres avaliados, evidenciando-se, portanto, a presença de variabilidade genética. Os acessos TVx-5058-09C e MNC05-784B-38-2 foram os mais divergentes ($D^2=106,42$), os quais podem ser genitores potenciais para o programa de melhoramento genético do feijão-caupi.

Segundo o método Singh (1981), o caráter que apresentou maior contribuição para a divergência foi o comprimento de vagem, o qual contribuiu com 54,41% da variação total. Já a característica número de dias para o início da floração, pelo mesmo método, foi a que menos contribuiu para tal divergência, contribuindo apenas com 0,94% da variação total (Tabela 1).

Tabela 1. Contribuição relativa dos caracteres para divergência genética entre os acessos de feijão-caupi. Teresina-PI, 2008.

Variável	Valor em %
NDIF	0,94
NVP	4,14
COMPV	54,41
NGV	19,96
P100G	20,55

O método de Tocher baseado na distância de Mahalanobis (D^2) possibilitou a formação de quatro grupos a partir dos caracteres quantitativos (Tabela 2). O grupo I foi constituído pelos genótipos: 11,18, 14, 6, 17, 7, 13, 12, 9, 4, 10, 19, 3; o grupo II pelos genótipos: 5, 20, 1, 2, 8. Já os grupos III e IV foram compostos pelos genótipos 16 e 15, respectivamente.

Tabela 2. Grupos formados de acordo com o método de Tocher com os 20 acessos de porte semi-ereto e ereto. Teresina-PI, (2008).

Grupos	Acessos
I	11,18, 14, 6, 17, 7, 13, 12, 9, 4, 10, 19, 3
II	5, 20, 1, 2, 8
III	16
IV	15

A maior distância intergrupo foi observada entre os grupos III e IV (Tabela 3). A identificação dos grupos mais distantes é oportuna, pois segundo Falconer (1987) a combinação via cruzamento entre genótipos de grupos distintos é a estratégia mais apropriada no sentido de buscar ampla variação na população avançada (FALCONER, 1987).

A menor distância intragrupo foi observada no grupo II (Tabela 3). Após tal identificação Dharmalingam e Kadambavanasundaram (1989) sugere que sejam selecionados, dentro dos grupos,

os parentais com maiores médias em relação aos caracteres que se deseja melhorar, objetivando, desse modo, a máxima concentração de alelos favoráveis, conforme os objetivos da seleção.

Tabela 3. Média da distância intra e intergrupos correspondentes aos quatro grupos formados pelos 20 acessos estudados. Teresina-PI, 2008.

Grupos	I	II	III	IV
I	10,00	23,40	27,83	39,36
II		7,65	19,51	72,18
III			-	106,42
IV				-

Entretanto, para os caracteres qualitativos, foi evidenciada a formação de cinco grupos (Tabela 4). Faz-se necessário ressaltar que o acesso 15 (TVx-5058-09C) permaneceu isolado em um grupo, tanto para caracteres quantitativos como qualitativos.

Tabela 4. Grupos formados de acordo com o método de Tocher com os 20 acessos de porte semi-ereto e ereto. Teresina-PI, 2008.

Grupos	Acessos
I	6, 7, 12, 13, 10, 9, 14, 11, 17, 16
II	2, 20, 1, 8
III	4, 5, 3
IV	18, 19
V	15

Conclusão

Em face do exposto podemos inferir que os genótipos 15 (TVx-5058-09C) e 16 (MNC05-784B-38-2) foram os mais divergentes.

A característica que apresentou maior contribuição para a divergência genética foi o comprimento de vagem.

Agradecimentos

A todos que fazem parte do programa de melhoramento genético do feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte.

Revisores: Comitê Local de Publicação da Embrapa Meio-Norte – CLP (clp@cpamn.embrapa.br). Avenida Duque de Caxias, 5650; Bairro Buenos Aires; 64006-220; Teresina-PI.

Referências

- CRUZ, C. D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV.1997.442 p.
- DAS, P. K.; GUPTA, T. D. Multivariate analysis in black grain (*Vigna mungo* (L.) Herpper). **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 44, n. 7, p. 243-247, 1984.
- DHARMALINGAM, V.; KADAMBAVANASUNDARAM, M. Genetic divergence in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] **Madras Agricultural Journal**, Coimbatore, v. 76, n. 7, p. 394-399, 1989.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. New York: Longman, 1989, 489 p.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279 p.
- RENGANAYAKI, K.; SREE RENGASAMY, S. R. Genetic divergence in *Vigna* species. **Indian Journal of Pulses Research**, New Delhi, v. 4, n. 2, p.159-164, 1991.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.
- THIYAGARAJAN, K.; RATHINASWAMY, R.; RAJASEKARAM, S. Genetic divergence in cowpea. **Madras Agricultural Journal**, Pudukottai, v. 75, n. 3/4, p. 125-128, 1988.