

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI DE PORTE PROSTRADO

J. R. de ASSUNÇÃO FILHO¹; B. B. da SILVA¹; A. M. MEDEIROS¹; E. V. RODRIGUES¹; K. J. DAMASCENO-SILVA²; M. M. ROCHA² e F. R. FREIRE FILHO²

Resumo – O objetivo deste trabalho foi estudar a divergência genética entre 20 linhagens de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) de porte prostrado, oriundas do BAG da Embrapa Meio-Norte por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e posterior agrupamento dos materiais com base no método de Tocher. A avaliação foi realizada com base em 30 características qualitativas e cinco quantitativas (número de dias para o início da floração, NDIF; número de vagens por pedúnculo, NVP; comprimento de vagem, COMPV; número de grãos por vagem, NGV; e peso de 100 grãos, P100G). Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. Foram formados três grupos com base nos caracteres quantitativos e três com base nos caracteres qualitativos. Observou-se que os acessos mais distantes geneticamente foram 8 e 19, e que o caráter que mais contribuiu para a divergência foi COMPV (31,46%), indicando que este caráter é uma boa fonte de variabilidade genética na população estudada.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, dissimilaridade genética, agrupamento

GENETIC DIVERGENCE AMONG PROSTRATE COWPEA LINES

Abstract – The objective of this research was to estimate the genetic divergence among 20 lines of the cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) prostrate size, from the Active Germplasm Bank of Embrapa Mid-North based on Mahalanobis distance (D^2) and then grouping the accessions by Tocher method. The evaluation was based on 30 qualitative and five quantitative characteristics (number of days for flower beginning, number of pods per peduncle, length of pod, seeds per pod and 100-seeds weight), using a randomized block design with four replications. They were formed three groups based on the qualitative and three based on quantitative characteristics. It was observed that the accesses 8 and 19 were most distant genetically, and that the length of pod explains 31.46% of the genetic divergence existing among the materials. This result indicates that this character is a good source of genetic variability in the population studied.

Keywords: *Vigna unguiculata*, genetic dissimilarity, grouping

¹Universidade Federal do Piauí, CEP 64049-550, Teresina, PI. ribamarfh@hotmail.com

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

Introdução

O melhoramento de plantas está fundamentado em alguns princípios, dentre estes o conhecimento da variabilidade genética disponível é imprescindível. As informações obtidas através de estudos de divergência genética servem, além de identificar possíveis duplicatas (FONSECA; SILVA, 1999), para fornecer subsídios à escolha de progenitores, que quando cruzados, aumentem a probabilidade de se obter genótipos superiores nas gerações segregantes.

A quantificação da divergência genética pode ser realizada por análise multivariada, análise pro componentes principais, marcadores moleculares, dentre outros métodos. A escolha de qual utilizar cabe ao pesquisador, para isto ele deve levar em conta os recursos disponíveis.

Desta maneira, as análises multivariadas constituem uma alternativa econômica, visto que ocorrem menos gastos com a administração de insumos durante o experimento do que com equipamentos de laboratório e reagentes necessários para emprego de outras técnicas, como por exemplo, marcadores moleculares. Isto tem contribuído para a utilização deste método em pesquisas com várias culturas como *Euterge oleracea* Mart. (OLIVEIRA et al., 2007.), *Abelmoschus* spp (MARTINELLO et al., 2002), *Capsicum* spp (SUDRÉ et al, 2005).

O presente trabalho objetivou estimar a divergência genética entre acessos de feijão-caupi, por meio de cinco descritores quantitativos e 30 qualitativos.

Material e Métodos

Foram utilizados 20 acessos de porte prostrado do Banco Ativo de Germoplasma de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] da Embrapa Meio-Norte, em Teresina, Piauí. São eles: 1 – MNC99-510F-16-1; 2 – MNC99-510F-16-3; 3 – MNC99-537F-14-2; 4 – MNC01-611F-11; 5 – MNC01-614F-15; 6 – MNC01-631F-11; 7 – MNC01-631F-15; 8 – MNC01-631F-20-5; 9 – MNC01-649E-2; 10 – Canapuzinho; 11 – Canapuzinho-2; 12 – Inhuma; 13 – Pingo-de-ouro-1-2; 14 – Pingo-de-ouro-2; 15 – Paulistinha; 16 – Patativa; 17 – BRS-Paraguassu; 18 – BRS-Milênio; 19 – BR17-Gurguéia; 20 – BRS-Marataoã.

O delineamento utilizado foi em blocos ao acaso, com quatro repetições e espaçamento de 0,80 m entre fileiras e 0,25 m dentro das fileiras. Cada parcela constituiu-se de quatro fileiras, sendo a área útil de duas fileiras de 1,6 x 5 m. As características quantitativas mensuradas foram: número de dias para o início da floração (NDIF), a contar da data da semeadura; número de vagens por pedúnculo (NVP), média de 10 pedúnculos coletados aleatoriamente na parcela; comprimento das vagens (COMPV), dados obtido através da média de 10 vagens tomadas ao acaso da parcela; número de grãos por vagem (NGV), obtido a partir da média de vagens tomadas ao acaso da parcela; e peso de 100 grãos (P100G).

Foram avaliadas características qualitativas relacionadas 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 e forma da semente)

A análise dos dados foi realizada através do programa computacional GENES (CRUZ, 1997). Todos os caracteres foram submetidos à análise multivariada. Para a quantificação da divergência genética foi adotado como medida de dissimilaridade a distância generalizada Mahalanobis (D^2). Para o agrupamento dos acessos foi utilizado o método de Tocher.

Resultados e Discussão

As médias observadas para os cinco caracteres estudados estão listadas na Tabela 1.

Tabela 1. Médias⁽¹⁾ dos caracteres quantitativos estudados, número de dias para o início da floração (NDIF), número de vagens pro pedúnculo (NVP), comprimento das vagens (COMPV), número de grãos por vagem (NGV) e peso de 100 grãos (P100G). Teresina-PI, 2008.

ACESSO	NDIF	NVP	COMPV	NGV	P100G
1	42,25 a	1,57 c	20,90 b	15,10 a	18,37 b
2	44,00 b	1,55 c	21,78 b	16,15 a	18,65 b
3	42,75 a	1,87 b	20,34 c	13,77 b	18,42 b
4	43,75 b	1,50 c	19,85 c	13,97 b	20,67 a
5	43,50 b	1,75 b	21,59 b	14,85 a	19,42 b
6	43,25 b	1,17 c	22,07 b	16,12 a	21,82 a
7	43,5 b	1,37 c	22,10 b	15,42 a	21,00 a
8	46,25 c	1,35 c	23,23 a	15,37 a	22,17 a
9	43,75 b	1,75 b	19,67 c	14,87 a	17,80 b
10	42,75 a	1,70 b	20,42 c	14,87 a	20,20 a
11	43,00 b	1,75 b	19,66 c	15,20 a	19,82 b
12	42,50 a	1,50 c	20,52 c	15,10 a	20,62 a
13	42,00 a	1,67 b	19,12 c	14,95 a	21,82 a
14	42,75 a	1,82 b	19,91 c	15,45 a	18,95 b
15	43,00 b	1,70 b	21,32 b	16,42 a	20,35 a
16	42,25 a	1,97 a	19,83 c	14,52 a	18,80 b
17	42,00 a	1,82 b	20,32 c	15,45 a	16,32 c
18	46,00 c	2,25 a	17,43 d	11,87 c	20,90 a
19	43,00 b	2,02 a	18,91 c	16,32 a	12,47 d
20	43,25 b	1,55 c	19,29 c	15,00 a	19,07 b

¹ Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente a 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

A análise da divergência genética mostrou que os acessos (8) MNC01-631F-20-5 e (19) BR17-Gurguéia foram os mais divergentes ($D^2=109,3$). As médias da tabela 1 mostram valores altos de COMPV, NGV e P100G para o acesso 8 e de NVP para o acesso 19, assim espera-se que, devido a esta divergência estimada, estes acessos propiciem a obtenção de híbridos de maior efeito heterótico

e genótipos superiores em gerações segregantes quando cruzados. Passos et al (2007), estudando a divergência genética em genótipos de feijão-caupi de porte prostrado, encontrou o valor máximo de divergência entre os genótipos TE97-367G-3 e TE93-244-23F-1 ($D^2=23,7$).

Os caracteres que mais contribuíram para divergência genética existente entre os acessos pelo método de Singh (1981) foram: COMPV (31,46%); NDIF (24,46%) e P100G (19,63%), seguidos por NVP (14,12%) e NGV (10,33%). Oliveira et al (2003), estudando a divergência genética em 16 cultivares de feijão-caupi, por meio de 10 descritores morfoagronômicos, observou que os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética foram COMPV (36,87%) e P100G (19,21%). No presente trabalho, observa-se que esses dois caracteres juntos também são capazes de explicar considerável parte da divergência existente (56,09%), indicando a existência variabilidade genética entre os acessos para esses caracteres.

O agrupamento de Tocher, baseado nas distâncias de Mahalanobis (D^2) geradas pelos dados quantitativos, permitiu a distribuição dos acessos em três grupos (Tabela 2). Observou-se que os acessos 8 e 18 ficaram isolados nos grupos II e III, respectivamente. Isto demonstra que esses acessos se mostraram divergentes dos demais acessos e, também, entre si, indicando que esses acessos podem ser importantes como genitores.

Tabela 2. Grupos formados de acordo com método de Tocher, com base em caracteres quantitativos e qualitativos de 20 acessos de feijão-caupi de porte prostrado. Teresina-PI, 2008.

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

O agrupamento de Tocher, baseado nos dados qualitativos, também gerou três grupos (Tabela 2). Observa-se uma concordância entre os agrupamentos, uma vez que, em ambos, o grupo I abrange a maioria dos acessos. O genótipo 18 ficou isolado no grupo III no agrupamento realizado com os caracteres quantitativos e ficou acompanhado do genótipo 3 no agrupamento realizado com os dados qualitativos, o que demonstra coerência entre os agrupamentos.

Conclusões

Os acessos 8 e 19 são os mais divergentes e são apropriados para aumentar a variabilidade genética nas populações segregantes.

O caráter COMPV teve maior contribuição para a divergência entre os acessos, se mostrando fonte de variabilidade genética na população estudada.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq pela bolsa concedida.

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.

FONSECA, J. R.; SILVA, H. T. Identificação de duplicidades de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 34, n. 3, p. 409-414, 1999.

MARTINELLO, G. E.; LEAL, N. R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. PEREIRA, M. G.; DAHER, R. F. Divergência genética entre acesso de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 20, n. 1, p. 52-28, 2002.

OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 5, p. 605-611, 2003.

OLIVEIRA, M. S. P.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Divergência genética entre acesso de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 4, p. 501-506, 2007.

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.

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