

## **Divergência Genética em Genótipos de Feijão-Caupi de Porte Semi-Ereto e Ereto**

Massaine Bandeira e Sousa<sup>1</sup>, Carolline de Jesús Pires<sup>1</sup>, Jéssica Daniele Lustosa da Silva<sup>2</sup>, Leonardo Castelo Branco Carvalho<sup>3</sup>, Kaesel Jackson Damasceno e Silva<sup>4</sup>, Maurisrael de Moura Rocha<sup>4</sup>

### **Resumo**

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma leguminosa bastante cultivada nas Regiões Norte e Nordeste do Brasil, sendo uma fonte geradora de emprego e renda, além de constituir um dos mais importantes componentes da dieta alimentar para as populações mais carentes da região. Assim, objetivou-se realizar a caracterização morfoagronômica para analisar a divergência genética de genótipos de feijão-caupi, de porte semi-ereto e ereto. O ensaio foi conduzido na Embrapa Meio-Norte, Teresina, Piauí, utilizando-se o delineamento blocos casualizados, com duas repetições, realizado em outubro de 2010. Avaliou-se: comprimento da vagem, peso da vagem, número de grãos por vagem, peso de grãos por vagem, peso de 100 grãos, produção total, comprimento e largura do folíolo terminal. Os genótipos apresentaram elevada variabilidade genética para a maioria dos caracteres avaliados. Houve a formação de quatro grupos de similaridade genética e os resultados evidenciaram a presença de variabilidade entre os genótipos.

### **Introdução**

O feijão-caupi ou feijão-de-corda (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma leguminosa bastante cultivada nos trópicos semi-áridos da África, Brasil e Estados Unidos. No Brasil, seu cultivo se concentra nas Regiões Norte e Nordeste, sendo uma forte geradora de emprego e renda, além de constituir um dos mais importantes componentes da dieta alimentar para as populações mais carentes da região (Frota et al. 2000).

O cultivo de feijão-caupi, nos últimos anos vem adquirindo maior expressão econômica (Freire Filho et al. 2005) e devido a essa demanda é importante a seleção de genótipos superiores com características que possam ser usadas em programas de melhoramento. Por essa razão, o melhoramento vem buscando plantas com uma arquitetura mais ereta, de porte mais compacto, com ramos mais curtos e resistentes ao acamamento (Bezerra 1997) atendendo aos produtores empresariais, possibilitando uma colheita mecanizada.

A divergência genética visa à seleção de genitores para formação de híbridos ou mesmo para a formação de novas populações segregantes oriundas do inter cruzamento de genótipos divergentes com características agrônomicas complementares. Os estudos sobre a diversidade genética nas coleções de germoplasma podem ser realizados a partir de caracteres morfológicos de natureza qualitativa ou quantitativa (Moreira et al. 1994), fornecendo informação a respeito da variabilidade existente em sub-amostras, permitindo o maior uso dos genótipos disponíveis e desenvolvimento de cultivares melhoradas.

Este trabalho teve como objetivo caracterizar morfoagronômicamente 20 genótipos de feijão-caupi de porte semi-ereto e ereto e estimar a diversidade genética presente entre os genótipos.

### **Material e Métodos**

O ensaio foi conduzido na área experimental da Embrapa Meio-Norte, no município de Teresina, PI. Foram utilizados 20 genótipos de porte semi-ereto e ereto de feijão-caupi, sendo 16 linhagens: MNCO2-675F-4-9, MNCO2-675F-4-2, MNCO2-675F-9-2, MNCO2-675F-9-3, MNCO2-676F-3, MNCO2-682F-2-6-2F-2-6, MNCO2-683F-1, MNCO2-684F-5-6, MNCO3-725F-3, MNCO3-736F-7, MNCO3-737F-5-1, MNCO3-737F-5-4, MNCO3-737F-5-9, MNCO3-737F-5-10, MNCO3-737F-5-11, MNCO3-737F-11 e quatro cultivares: BRS-Tumucumaque, BRS-Cauamé, BRS-Itaim e BRS-Guariba.

O delineamento experimental adotado foi de blocos casualizados, com duas repetições. As parcelas foram constituídas por uma fileira de 3,0m cada. O espaçamento foi de 1,0m entre linhas e 0,3m entre plantas. O plantio foi realizado em outubro de 2010.

1. Graduanda em Ciências Biológicas na Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI, CEP: 64.049.790. E-mail: massainebandeira@hotmail.com; carolline\_pires@hotmail.com.
2. Graduanda em Eng. Agrônoma na Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI, CEP: 64.049.790. E-mail: Jessica.04lustosa@hotmail.com.
3. Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, ESALQ/USP, Piracicaba/SP - CEP 13418-900. E-mail: leonardo@live.hk.
4. Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, CEP: 64.006.220. E-mail: kaesel@cpamn.embrapa.br, mmrocha@cpamn.embrapa.br.

Foram avaliados os seguintes caracteres quantitativos: comprimento da vagem (COMV) em centímetros, peso da vagem (PV), peso de grãos por vagem (PGV), peso de 100 grãos (P100G), produção total (PROD), em gramas, número de grãos por vagens (NGV), comprimento do folíolo terminal (CFT) e largura do folíolo terminal (LFT), em centímetros.

Na análise da diversidade genética foram empregados métodos multivariados, onde foram aplicadas técnicas de agrupamento. Foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade a partir da qual se realizou o agrupamento dos diferentes genótipos por meio do método hierárquico UPGMA. As análises foram realizadas utilizando-se o programa computacional Genes (Cruz 2001).

## Resultado e Discussão

O teste F detectou diferenças significativas entre os acessos, para os caracteres COMV, PV, NGV, P100G, PROD e LFT evidenciando a presença de variabilidade genética entre os acessos estudados apresentados na Tabela 1. O coeficiente de variação para os seis caracteres oscilou entre 4,60% a 38,24% para comprimento de vagem e produção total, respectivamente, valores esses esperados por se tratar de variáveis de natureza quantitativa sendo bastante influenciados pelo ambiente e considerados valores de baixo a médio, indicando boa precisão experimental.

**Tabela 1.** Quadro de análise de variância dos dados referentes ao comprimento da vagem (COMV), peso da vagem (PV), número de grãos por vagem (NGV), peso de grãos por vagem (PGV), peso de 100 grãos (P100G), produção total (PROD), comprimento do folíolo terminal (CFT) e largura do folíolo terminal (LFT).

F.V.	GL	Quadrados Médios							
		COMV	PV	NGV	PGV	P100G	PROD	CFT	LFT
Blocos	1	9,90	119,37	8,46	169,66	6,93	66,77	1,13	0,03
Tratamentos	19	5,84**	33,00*	4,37*	16,40ns	6,05*	17885,78 *	1,82ns	1,80*
Resíduo	19	0,82	14,04	1,59	16,07	2,33	7337,48	1,22	0,80
Média		19,71	33,00	13,29	27,31	20,05	224,00	9,07	6,98
CV(%)		4,60	11,36	9,50	14,68	7,62	38,24	12,19	12,86

\*\* e \* significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F e ns não-significativo, pelo teste F.

Os valores máximos de divergência genética, calculados com base na distância de Mahalanobis, ( $D^2 = 144,19$ ) foi obtido para a linhagem MNCO2-676F-3 com a cultivar BRS-Tumucumaque, enquanto que o menor valor ( $D^2 = 1,98$ ) foi apresentado pelas linhagens MNCO3-737F-5-9 e MNCO3-737F-5-11 significando maior similaridade entre os caracteres considerados. Estudo semelhante foi realizado por Silva et al. (2009), que avaliando a diversidade genética entre 20 acessos de feijão-caupi de porte ereto e semi-ereto do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, obteve o máximo valor de divergência entre os acessos TVx-5058-09C e MNC05-784B-38-2 ( $D^2 = 106,42$ ).

As distâncias  $D^2$  obtidas entre todas as possíveis combinações de cada um dos genótipos estudados é apresentada na Tabela 2. Observa-se que a maioria apresentou suas respectivas  $D^2$  maiores, quando combinadas com as cultivares BRS-Tumucumaque e BRS-Itaim. Esse fato revela que esses genótipos são os mais divergentes no grupo e por isso devem receber uma atenção especial por parte dos programas de melhoramento em feijão-caupi, sendo estes acessos os mais indicados para a utilização em combinações híbridas, devido a alta divergência genética encontrada e a maior probabilidade de encontrar combinações gênicas favoráveis permitindo a seleção de parentais promissores.

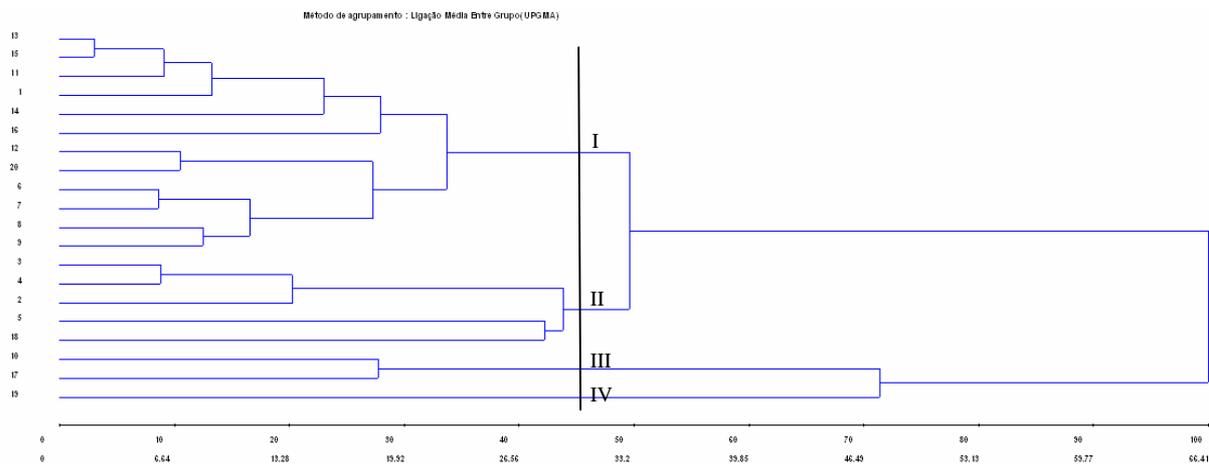
**Tabela 2.** Estimativas das distâncias generalizadas de Mahalanobis ( $D^2$ ) relativas a 20 genótipos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2011.

Genótipos	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	13,55	23,85	19,10	14,53	8,08	22,44	17,09	10,25	44,29	11,93	16,44	10,28	25,51	4,26	26,00	76,00	30,98	83,11	26,24
2	-	12,54	14,34	33,39	16,96	26,38	32,81	26,03	48,25	23,27	15,41	26,09	44,99	15,87	25,08	71,17	42,49	95,65	18,74
3	-	-	5,83	30,10	32,15	43,51	38,80	40,42	76,94	27,01	34,43	36,09	52,27	26,20	34,06	117,66	28,71	115,41	37,90
4	-	-	-	24,27	29,38	40,82	27,21	30,99	70,12	28,16	23,27	29,53	49,65	20,19	39,09	111,01	15,81	115,92	27,67
5	-	-	-	-	26,96	46,21	29,97	17,42	88,82	31,31	47,57	26,77	55,76	19,33	64,07	144,19	28,05	141,86	54,34
6	-	-	-	-	-	5,75	11,79	5,87	27,56	14,52	13,31	18,61	35,03	10,86	20,94	51,59	44,81	78,40	19,85
7	-	-	-	-	-	-	12,23	14,14	16,82	23,44	18,20	29,69	48,17	21,73	24,74	40,74	64,90	78,83	14,83
8	-	-	-	-	-	-	-	8,31	29,04	14,19	16,62	12,79	29,24	10,23	26,72	63,55	30,02	69,89	15,84
9	-	-	-	-	-	-	-	-	42,96	19,17	20,44	13,85	35,40	9,05	36,08	71,96	34,35	93,14	25,53
10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	33,86	21,48	43,99	55,69	38,08	26,01	18,45	94,90	45,60	16,44
11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	20,32	6,47	11,90	5,64	8,63	65,77	31,20	42,28	25,65
12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	21,59	35,16	14,18	18,09	37,32	37,63	62,66
13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8,53	1,98	21,11	71,99	26,98	53,94
14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	15,22	17,73	71,13	40,07	33,68
15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	19,26	68,31	24,72	62,81
16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	39,65	50,83	28,67
17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	135,42	49,29
18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	108,57
19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	69,42

1: MNCO2-675F-4-9; 2: MNCO2-675F-4-2; 3: MNCO2-675F-9-2; 4: MNCO2-675F-9-3; 5: MNCO2-676F-3; 6: MNCO2-682F-2-6-2F-2-6; 7: MNCO2-683F-1; 8: MNCO2-684F-5-6; 9: MNCO3-725F-3; 10: MNCO3-736F-7; 11: MNCO3-737F-5-1; 12: MNCO3-737F-5-4; 13: MNCO3-737F-5-9; 14: MNCO3-737F-5-10; 15: MNCO3-737F-5-11; 16: MNCO3-737F-11; 17: BRS-TUMUCUMAQUE; 18: BRS-CAUAMÉ; 19: BRS-ITAIM; 20: BRS-GUARIBA.

O dendrograma evidenciou a formação de quatro grupos disjuntos (Figura 1) a 45% de similaridade. Os genótipos MNCO3-737F-5-9 e MNCO3-737F-5-11 que apresentam a menor  $D^2$  ficaram agrupados em um mesmo sub-grupo, enfatizando a similaridade entre eles e as cultivares BRS-Tumucumaque e BRS-Itaim que são as mais divergentes em relação aos outros genótipos permaneceram cada uma em um grupo isolado.

Os genótipos avaliados apresentaram variabilidade para os caracteres analisados, demonstrando que há divergência genética entre os genótipos.



**Figura 1.** Dendrograma da similaridade genética entre vinte genótipos, obtido por UPGMA, com base na matriz de dissimilaridade dos dados morfológicos.

## **Agradecimentos**

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo auxílio financeiro.

## **Referências**

Bezerra AAC (1997) **Variabilidade e diversidade genética em caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) precoce, de crescimento determinado e porte ereto e semi-ereto**. 105 f. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético Vegetal) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

Cruz CD (2001) **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Programa genes: versão Windows. Editora UFV, Viçosa, 648p.

Silva BB, Assunção Filho JR, Medeiros AM, Damasceno-Silva KJ, Rocha MM and Freire Filho FR (2009) Divergência genética entre acessos de feijão-caupi de porte semi-ereto e ereto do BAG da Embrapa Meio-Norte. In: II Congresso Nacional de Feijão-Caupi. **Anais...** Embrapa Amazônia Oriental, Belém, p. 491-495.

Freire Filho FR, Lima JAA and Ribeiro VQ (Ed.) (2005) **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 519p.

Frota AB, Freire Filho FR and Côrrea MPF (2000) **Impactos socioeconômicos das cultivares de feijão-caupi na região Meio-Norte do Brasil**. Embrapa Meio-Norte, Teresina, 26p.

Moreira JAN, Santos JW and Oliveira SRM (1994) **Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma**. Embrapa-CNPA, Campina Grande, 115 p.