

Diversidade Genética de Genótipos de Feijão-Caupi de Porte Semi-Prostrado

Carolline de Jesús Pires¹, Massaine Bandeira e Sousa¹, Carlos Misael Bezerra de Sousa², Laíze Raphaelle Lemos Lima¹, Kaesel Jackson Damasceno e Silva³, Maurisrael de Moura Rocha³

Resumo

O feijão-caupi, conhecido como feijão-de-corda na região Nordeste, é uma leguminosa bastante cultivada nesta região, sendo considerada como fonte de renda e alimento básico para sua população. O objetivo deste trabalho foi caracterizar morfoagronomicamente vinte genótipos de feijão-caupi de porte semi-prostrado e estimar a divergência genética entre eles por meio de análise multivariada. Os ensaios foram conduzidos no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, utilizando-se delineamento de blocos ao acaso com duas repetições. Foram avaliados oito descritores quantitativos. O agrupamento foi realizado pelo hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), com base nas medidas de dissimilaridade das distâncias generalizadas de Mahalanobis. Estes métodos permitiram a visualização de cinco grupos distintos e evidenciaram a existência de variabilidade genética entre os genótipos estudados.

Introdução

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), conhecido popularmente como feijão-de-corda ou feijão macassar na região Nordeste (Sales and Rodrigues 1988), é bastante cultivado nos trópicos semi-áridos da África, Brasil e Estados Unidos. No Brasil, é cultivado nas regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste, sendo, assim, uma das leguminosas mais adaptadas, versáteis e nutritivas (23-25% de proteína) entre as espécies cultivadas (Maia 1986). Assim, constitui o alimento básico da dieta das populações mais carentes, além de ser um grande gerador de renda e emprego nessas regiões.

A cultura do feijão-caupi concentra elevada variabilidade genética, a qual tem sido mantida em bancos de germoplasma. A Embrapa Meio-Norte mantém um banco ativo de germoplasma de feijão-caupi, visando principalmente a alimentação do programa de melhoramento desta cultura. A divergência genética tem sido estudada em várias culturas, visando 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 (Machado et al. 2002, Barbieri et al. 2005, Bonett et al. 2006, Viana et al. 2006, Amorim et al. 2007 and Arriel et al. 2007).

O objetivo deste trabalho foi caracterizar morfoagronomicamente genótipos de feijão-caupi de porte semi-prostrado e estimar a divergência genética entre eles por meio de análise multivariada, visando a introdução destes em esquemas de cruzamentos.

Material e Métodos

O ensaio foi desenvolvido no Campo Experimental da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, no período de outubro de 2010 a janeiro de 2011.

Foram utilizados vinte genótipos de feijão-caupi de porte semi-prostrado, sendo uma cultivar crioula (PINGO DE OURO-1-2), cinco cultivares melhoradas (BRS-XIQUEXIQUE; BRS-JURUÁ; BRS-ARACÊ; BRS-GURGUÉIA; BRS-MARATAOÃ) e quatorze linhagens (MNCO1-649F-1-3; MNCO1-649F-2-1; MNCO1-649F-2-11; MNCO2-675F-4-9; MNCO2-675F-9-5; MNCO2-676F-1; MNCO2-677F-2; MNCO2-677F-5; MNCO2-680F-1-2; MNCO2-689F-2-8; MNCO2-701F-2; MNCO3-736F-2; MNCO3-736F-6; MNCO3-761F-1).

O delineamento experimental adotado foi em blocos ao acaso com duas repetições. A parcela foi composta por uma fileira com espaçamento de 1,0 m entre fileiras e 0,30 m entre covas.

Para a caracterização morfoagronômica, foram utilizados oito descritores quantitativos: comprimento da vagem (COMPV), em centímetros, número de grãos por vagem (NGV), peso da vagem (PV), peso de grãos por vagem (PGV), peso de 100 grãos (P100G), produção total (Prod), em gramas, 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

1. Graduanda em Ciências Biológicas na Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI, CEP: 64.049-790. E-mail: carolline_pires@hotmail.com; massainebandeira@hotmail.com; dra_lemos@hotmail.com.
2. Graduando em Eng. Agrônoma na Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI, CEP: 64.049-790. E-mail: misael_onex@hotmail.com.
3. Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, CEP: 64.006-220. E-mail: kaesel@cpamn.embrapa.br; mmrocha@cpamn.embrapa.br.

dissimilaridade, a partir da qual se realizou o agrupamento dos diferentes genótipos por meio do método hierárquico UPGMA.

As análises genético-estatísticas foram realizadas com o auxílio do software GENES (Cruz 2008).

Resultados e Discussão

Por meio do teste F, foram detectadas diferenças significativas entre os genótipos, para os caracteres COMV, P100G, PROD e LFT, o que indicou variabilidade genética entre os acessos, conforme apresentado na Tabela 1. O coeficiente de variação para os quatro caracteres oscilou entre 4,83% a 46,67% para comprimento de vagem e produção total, respectivamente.

Tabela 1 - Quadro de análise de variância dos caracteres quantitativos estudados.

F.V.	GL	Quadrados Médios							
		COMV	PV	NGV	PGV	P100G	PROD	CFT	LFT
Blocos	1	3,66	119,71	1,08	36,00	5,97	34783,45	3,83	0,07
Tratamentos	19	4,99**	39,73ns	2,19ns	24,94ns	8,35*	27791,00*	0,75ns	0,70*
Resíduo	19	0,96	19,67	1,07	12,89	2,89	12342,35	0,80	0,28
Média		20,38	35,11	14,87	26,87	18,30	238,05	9,58	6,96
CV(%)		4,83	12,63	6,97	13,37	9,30	46,67	9,37	7,62

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

O valor máximo de divergência genética, calculado com base na distância de Mahalanobis (Tabela 2), foi obtido para o par MNCO2-677F-2 e BRS-GURGUÉIA ($D^2 = 126,76$). Dentre todas as possíveis combinações de cada um dos genótipos avaliados com relação à distância máxima obtida, verificou-se que a maioria dos genótipos apresentaram suas respectivas D^2 máximas quando combinados com os genótipos MNCO2-677F-2 e BRS-GURGUÉIA, indicando-os como os mais divergentes no grupo de genótipos avaliados. Devido a esta alta divergência, esses genótipos são indicados para utilização em combinações híbridas. Segundo Oliveira et al. (2003), a grande amplitude de D^2 e os altos valores estimados para os pares de genótipos aumentam a probabilidade de obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes.

O menor valor de D^2 foi apresentado pelo par MNCO1-649F-2-1 e MNCO1-649F-2-11 ($D^2 = 3,49$), indicando grande similaridade entre esses dois genótipos para os caracteres avaliados.

Tabela 2 - Distâncias de Mahalanobis (D^2) entre os vinte genótipos de feijão-caupi porte semi-prostrado.

Genótipos	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	15,02	8,62	15,97	32,53	51,69	72,79	32,79	59,19	29,37	30,93	32,38	58,90	43,44	28,42	74,82	39,73	39,31	54,33	24,62	
2		3,49	8,82	12,01	32,32	59,64	19,78	37,53	20,41	20,46	12,56	40,30	24,77	21,01	43,24	20,71	22,02	29,51	17,18	
3			6,13	17,31	33,31	74,24	21,16	41,47	22,82	17,52	21,15	46,82	24,69	17,98	46,61	22,54	24,02	28,61	12,18	
4				6,86	27,36	82,04	12,94	27,15	20,11	13,72	20,19	42,60	19,42	8,12	45,51	22,95	17,96	14,23	5,58	
5					36,61	81,68	14,84	26,73	26,98	17,50	17,35	41,85	25,45	14,46	50,70	29,70	28,54	12,89	15,86	
6						45,18	18,82	6,66	21,91	32,93	19,73	37,54	11,29	35,94	11,05	21,15	9,20	42,53	24,09	
7							59,50	50,66	48,35	82,49	31,91	58,20	62,67	97,25	57,29	60,50	56,83	126,76	85,81	
8								16,79	5,17	7,03	7,90	12,49	5,05	7,39	40,00	8,22	15,90	30,64	9,76	
9									28,02	32,77	19,62	40,56	15,04	35,82	17,37	32,08	19,85	35,20	28,81	
10										16,29	7,73	9,88	9,37	12,34	47,95	5,73	12,02	48,82	16,11	
11											19,99	25,59	15,09	9,93	55,36	11,71	29,37	25,97	7,28	
12												14,47	11,78	22,34	32,58	12,49	17,74	44,75	23,18	
13													14,78	25,27	56,15	11,66	31,92	74,61	31,71	
14														14,63	23,20	8,33	13,51	36,96	14,52	
15															61,95	15,26	20,85	24,23	6,25	
16																41,93	30,56	59,65	46,21	
17																	12,93	43,46	12,77	
18																			35,52	15,43

1: MNCO1-649F-1-3, 2: MNCO1-649F-2-1, 3: MNCO1-649F-2-11, 4: MNCO2-675F-4-9, 5: MNCO2-675F-9-5, 6: MNCO2-676F-1, 7: MNCO2-677F-2, 8: MNCO2-677F-5, 9: MNCO2-680F-1-2, 10: MNCO2-689F-2-8, 11: MNCO2-701F-2, 12: MNCO3-736F-2, 13: MNCO3-736F-6, 14: MNCO3-761F-1, 15: PINGO DE OURO-1-2, 16: BRS-XIQUEXIQUE, 17: BRS-JURUÁ, 18: BRS-ARACÊ, 19: BRS-GURGUÉIA e 20: BRS-MARATAOÃ.

O dendograma da Figura 1 é resultante da análise aglomerativa intra e intergrupo referente aos vinte genótipos de feijão-caupi, fundamentada nas medidas de dissimilaridade das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2).

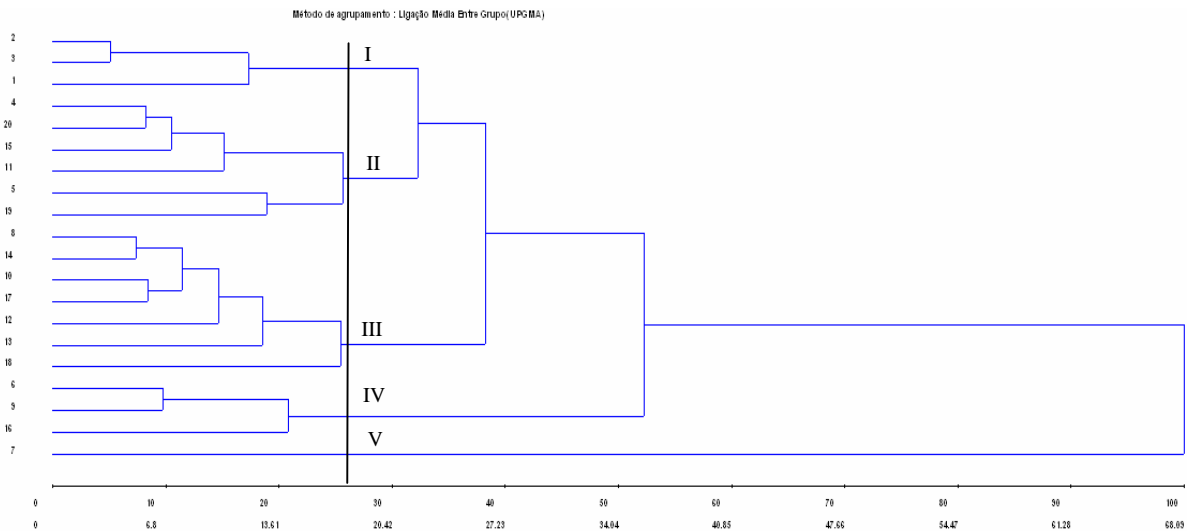


Figura 1 - Dendograma da similaridade genética entre vinte genótipos, obtido por UPGMA, com base na matriz de dissimilaridade dos dados morfológicos.

Os vinte genótipos estudados foram separados em cinco grupos (Figura 1) a uma distância em torno de 25% no agrupamento hierárquico dos genótipos com base nos descritores avaliados. Observa-se nessa figura a confirmação do genótipo MNCO2-677F-2 como um dos mais divergentes entre todos, haja vista que o mesmo se encontra em um grupo separado dos demais.

Assim, observou-se divergência genética entre os genótipos estudados e variabilidade entre os caracteres analisados.

Agradecimentos

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

Referências

- Amorim EP, Ramos NP, Ungaro MRG and Kiih TAM (2007) Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência Agrotecnologia**, v. 31, n. 06, p. 1637-1644.
- Arriel NHC, Di Mauro AO, Arriel EF, Unêda-Trevioli SH, Costa MM, Bárbaro IM and Muniz FRS (2007) Genetic divergence in sesame based on morphological and agronomic traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p.253-261.
- Barbieri RL, Leite DN, Choer E and Sinigaglia C (2005) Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**, v. 35, n. 02, p. 303-308.
- Bonett LP, Gonçalves-Vidigal MC, Schuelter AR, Vidigal Filho PS, Gonela A and Lacanallo GF (2006) Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 27, n. 4, p. 547-560.

Cruz CD (2008) **Programa Genes**: Biometria. Editora UFV, Viçosa, 585p.

Machado CF, Nunes GHS, Ferreira DF and Santos JB (2002) Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, v. 32, n. 02, p. 251-258.

Maia AF, Assunção MV and Alves JF (1986) Influência do método de debulha e da unidade na produção de sementes de feijão de corda. **Ciência Agrônômica** 17: 91-100.

Oliveira FJ, Anunciação Filho CJ, Bastos GQ and Reis OV (2003) Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n .5, p. 71- 82.

Sales MG and Rodrigues MAC (1988) Consumo, qualidade nutricional e métodos de preparo do caupi. In: Araújo JPP and Watt EE (eds.) **O caupi no Brasil**. IITA/EMBRAPA-CNPAF, Brasília, p. 694-722.

Singh SP (2001) Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. **Crop Science** 41: 1659-1675.

Viana AP, Pereira TNS, Pereira MG, Souza MM, Maldonado JFM and Amaral Júnior AT (2006). Genetic diversity in yellow passion fruit populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 6, p. 87-94.