

PC-OK

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-DE-CORDA AVALIADOS EM DOIS AMBIENTES <sup>1</sup>

Carlos Antonio F. Santos<sup>2</sup>  
Eduardo A. Menezes<sup>2</sup>  
Francico P. de Araujo<sup>2</sup>

### 1. INTRODUÇÃO

A seleção de progenitores, tendo como um dos critérios a distância genética entre eles, tem sido feita em diversos programas de melhoramento que realizam hibridações. Esses estudos tornam-se mais significativos quando um conjunto de progenitores é avaliado em diferentes condições ambientais, pois as respostas fenotípicas dos indivíduos diferem em ambientes distintos (6).

Para FALCONER (4), um caráter medido em dois diferentes ambientes não deve ser visto como único, e sim como dois. Os mecanismos fisiológicos são, de algum modo, diferentes; conseqüentemente, os genes exigidos para maior desempenho são também, de algum modo, diferentes. Ainda segundo FALCONER (4), quando se considera o desempenho em diferentes ambientes, como diferentes caracteres, com correlações genéticas entre eles, podem ocorrer duas situações: 1) se a correlação genética for alta, o desempenho de um caráter em dois ambientes será representado, aproximadamente, pelo mesmo grupo de genes; e 2) se a correlação for baixa, então os caracteres serão muito diferentes e exigirão um grupo diferente de genes.

Diversos estudos (1, 5, 6) têm relatado não só números variáveis de "clusters" em diferentes ambientes, mas diferentes "clusters" de genótipos de um ambiente para outro quando os genótipos foram avaliados em condições distintas.

---

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 30.04.1996.

<sup>2</sup> EMBRAPA-CPATSA. Cx. Postal 23. 56300-000 Petrolina-PE.

Apesar das recomendações de se avaliarem os genótipos em múltiplos ambientes, não existem indicações do número mínimo de ambientes aos quais os genótipos devam ser submetidos, nem, tampouco, se as condições devam ser favoráveis ou não à manifestação do potencial produtivo dos mesmos.

Para CRUZ (2), ainda se discute a relação entre a divergência genética de progenitores, com base nos caracteres quantitativos, e o potencial produtivo de seus híbridos. Revendo a literatura, o autor encontrou estudos, em maior quantidade, indicando correlação positiva entre os F1s e os métodos preditivos da divergência, enquanto em outros trabalhos, em menor quantidade, não ocorreu essa correlação.

O presente trabalho foi conduzido para se obterem informações sobre as distâncias genéticas entre 50 genótipos de feijão-de-corda (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) avaliados em Petrolina, PE, em duas situações distintas quanto ao manejo e ao período de cultivo no ano.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Cinquenta genótipos de feijão-de-corda foram avaliados na EMBRAPA-CPATSA, em Petrolina, PE, em dois ambientes distintos: 1) plantio irrigado, no segundo semestre de 1994 (A1), e 2) plantio dependente de chuva, no primeiro semestre de 1995 (A2). O delineamento foi em blocos ao acaso, com duas repetições, sendo as parcelas formadas por uma linha de 16 plantas, com espaçamento de 1,0m x 0,5m, para os dois ambientes. As práticas culturais foram as dispensadas normalmente à cultura, não se efetuando qualquer tipo de adubação nos dois ambientes.

Dez caracteres quantitativos, quais sejam: dias para a floração (DPF), comprimento da vagem (COV), distância do colo da planta para a primeira vagem (DPV), comprimento da haste principal (CHP), número de nós na haste principal (NNP), número de sementes/vagem (NSV), dias para a maturação (DPM), peso de 100 grãos (PCG), número de vagens/planta (NVP) e produção de grãos/parcela (PRO), foram observados na área útil (12 plantas centrais) em cada parcela e tomados para o estudo da divergência genética. O caráter PRO teve os seus valores corrigidos para o estado inicial pelo método da covariância, conforme descrito por VENCOVSKY E BARRIGA (7).

Adotaram-se as distâncias generalizadas de Mahalanobis ( $D^2$ ) como medida de dissimilaridade, e para agrupamento dos genótipos empregou-se o método proposto por Tocher, como descrito por CRUZ E REGAZZI (3). As análises foram executadas, separadamente para cada ambiente, usando-se o programa computacional Genes, desenvolvido pela Universidade Federal de Viçosa.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No Quadro 1 são apresentados os grupos similares de genótipos de feijão-de-corda avaliados nos ambientes A1 e A2. Observa-se neste quadro a formação de nove grupos no ambiente A1 e de outros 12 no A2. No ambiente A1, o grupo 1 apresentou o maior número de genótipos (28), enquanto o grupo 2 (17 genótipos) foi o maior no A2.

O número de genótipos constituintes de cada grupo não foi igual nos dois ambientes, exceto o grupo 4, que apresentou sempre os mesmos genótipos Balinha e Cabeçudo Amarelo (Quadro 1). Vale ressaltar que os genótipos do grupo 4 foram obtidos dos produtores de Petrolina e Ouricu-

QUADRO 1- Grupos similares de genótipos de feijão-de-corda avaliados em dois ambientes distintos<sup>1</sup>, tendo como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis e o método Tocher para agrupamento

Grupo	Número de Genótipos	Ambiente 1 (A1)	Número de Genótipos	Ambiente 2 (A2)
01	28	19,36,34,41,31,35,37,38,39,42,44,30,32,47,29,4,40,33,43,28,48,18,14,12,13,16,25,5	14	29,36,47,35,41,40,34,37,38,28,49,32,33,6
02	08	1,7,11,10,2,24,22,23	17	4,13,31,39,24,21,9,44,16,25,15,1,23,22,7,14,5
03	05	8,9,3,17,15	03	10,11,2
04	02	46,50	02	46,50
05	02	20,21	03	8,12,42
06	02	26,27	02	19,20
07	01	6	02	27,48
08	01	45	02	18,43
09	01	49	02	3,17
10	-x-	-x-	01	45
11	-x-	-x-	01	30
12	-x-	-x-	01	26

<sup>1</sup>A1=plantio irrigado, segundo semestre de 1994 e A2=plantio dependente de chuvas, primeiro semestre de 1995

ri, PE, e apresentaram características similares, com algumas exceções, como a cor da semente. As mudanças nos constituintes dos grupos de um ambiente para outro podem ser explicadas com base na expressão do gene, que dependendo das condições ambientais, pode ser diferente.

Para BAINIWAL E JATARSA (2), o efeito do ambiente na expressão do caráter coloca dúvidas quanto à segurança das análises da distância de Mahalanobis quando elas são realizadas com dados de um único ambiente, enfatizando a necessidade de que os estudos sejam efetuados em condições ambientais múltiplas.

No Quadro 2 são apresentadas as estimativas das 12 maiores e menores distâncias estabelecidas pela estatística de Mahalanobis ( $D^2$ ) nos dois ambientes. No geral, as  $D^2$  não foram concordantes nos dois ambientes, exceto para os pares 03-49 e 10-11, que apresentaram valores aproximados em cada ambiente. A magnitude nas distâncias foi mais elevada no ambiente A1 em relação ao A2 (Quadro 2), indicando maior expressão dos caracteres no ambiente irrigado. Neste ambiente, os genótipos não foram submetidos ao estresse hídrico que, normalmente, ocorre no ambiente de sequeiro, onde há uma distribuição bastante irregular no espaço e no tempo das precipitações pluviométricas.

No ambiente A1 as maiores distâncias foram observadas entre os genótipos 21 e 49 e as menores, entre os genótipos 19 e 36 (Quadro 2). Já no ambiente A2, as maiores e menores distâncias foram entre os genótipos 48 e 50 e 29 e 36, respectivamente.

No Quadro 3 é apresentado o número de genótipos coincidentes entre os agrupamentos estabelecidos nos dois ambientes. Observa-se nesse quadro que os grupos 1, 2 e 3 exibiram o maior número de genótipos com divergência estável. Para JAIN *et alii* (5), é altamente desejável que a expressão da divergência genética entre populações se mantenha estável ou consistente em diversos ambientes, para que possa ser útil no melhoramento vegetal. Os genótipos que se mantiveram distantes, não fazendo parte de um mesmo grupo em ambos os ambientes, podem ter expressado a sua real divergência, devendo ser considerados como promissores nas hibridações dirigidas. Assim, algumas possibilidades de cruzamentos são sugeridas, dentre as quais 36 x 22, 20 x 12, 26 x 30 e 6 x 10 (Quadro 1).

No Quadro 4 são apresentadas as contribuições relativas dos caracteres para a distância genética dos 50 genótipos de feijão-de-corda nos dois ambientes. Observa-se neste quadro que os caracteres não tiveram as mesmas magnitude e ordem de classificação para a contribuição da divergência nos dois ambientes.

Os caracteres peso de 100 grãos e comprimentos da vagem e da haste principal apresentaram contribuição relativa para a divergência de

QUADRO 2. Estimativas das 12 maiores e menores distâncias e seus respectivos pares de genótipos, estabelecidas pela estatística de Mahalanobis ( $D^2$ ) nos ambientes A1 e A2<sup>1</sup>

A1				A2			
> $D^2$		< $D^2$		> $D^2$		< $D^2$	
Distância	Genótipos	Distância	Genótipos	Distância	Genótipos	Distância	Genótipos
453,08	21-49	3,66	19-36	258,04	48-50	3,82	29-36
399,94	20-49	4,40	31-37	222,44	03-48	4,78	04-13
389,55	22-49	4,64	19-34	215,16	03-27	4,83	16-22
340,92	11-49	5,67	32-37	213,15	46-48	5,33	36-47
329,95	21-46	5,84	34-36	206,72	18-50	5,52	16-23
327,91	10-49	6,61	31-32	200,19	20-50	5,71	10-11
312,21	01-49	7,07	10-11	198,68	27-50	5,75	29-47
299,31	07-49	7,23	34-41	198,63	34-50	6,09	19-44
296,90	21-50	7,70	31-39	192,60	19-50	6,10	35-36
294,04	03-10	7,87	36-42	191,84	03-49	6,25	07-10
282,65	03-49	7,93	31-34	187,37	40-50	6,60	34-40
275,52	23-49	8,05	29-32	183,25	03-50	6,96	09-21
Soma das estimativas <sup>2/</sup> de $D^2$			110522,84				71237,14
Média das estimativas <sup>2/</sup> de $D^2$			90,22				58,15

<sup>1</sup>A1=plantio irrigado, segundo semestre de 1994 e A2=plantio dependente de chuvas, primeiro semestre de 1995

<sup>2</sup>Refere-se ao total das estimativas das  $D^2$  para os 50 genótipos

QUADRO 3. Número de genótipos coincidentes entre os agrupamentos, estabelecidos pelo método Tocher, nos dois ambientes<sup>1</sup> de avaliação

A2	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Total
A1													
1	12	9	-	-	2	1	1	2	-	-	1	-	28
2	-	5	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8
3	-	2	-	-	1	-	-	-	2	-	-	-	5
4	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	2
5	-	1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	2
6	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	2
7	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1
9	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Total	14	17	3	2	3	2	2	2	2	1	1	1	50

<sup>1</sup>A1=plantio irrigado, segundo semestre de 1994 e A2=plantio dependente de chuvas, primeiro semestre de 1995

QUADRO 4. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética em 50 genótipos de feijão-de-corda avaliados em dois ambientes distintos<sup>1</sup>

Caráter	Valor (%)	
	A1	A2
Dias para a floração	9,903	1,910
Comprimento da vagem	11,263	23,804
Distância do colo à primeira vagem	4,530	3,206
Comprimento da haste principal	17,543	21,501
Número de nós na haste principal	1,378	7,278
Número de sementes/vagem	13,615	9,485
Dias para a maturação	11,472	5,524
Peso de 100 grãos	20,324	18,158
Número de vagens/planta	1,695	5,951
Produção de grãos/parcela	8,277	3,182

<sup>1</sup>A1=plantio irrigado, segundo semestre de 1994 e A2=plantio dependente de chuvas, primeiro semestre de 1995

49,13% e 63,46% em A1 e A2, respectivamente (Quadro 4), podendo ser priorizados nos estudos de divergência genética do feijão-de-corda.

#### 4. RESUMO E CONCLUSÕES

Foram avaliados 50 genótipos de feijão-de-corda em Petrolina, PE, em dois ambientes distintos: 1) plantio irrigado, no segundo semestre de 1994 (A1), e 2) plantio dependente de chuvas, no primeiro semestre de 1995 (A2). O delineamento foi em blocos ao acaso, com duas repetições, sendo as parcelas formadas por uma linha com 16 plantas, com espaçamento de 1,0m x 0,5m para os dois ambientes. Foram analisados 10 caracteres quantitativos, tendo como medida de dissimilaridade as distâncias generalizadas de Mahalanobis e para agrupamento o método proposto por Tocher. Houve a formação de nove e 12 grupos de genótipos, respectivamente para A1 e A2. Os genótipos constituintes de cada grupo não foram exatamente os mesmos nos dois ambientes, exceto no grupo 4. Os que se mantiveram em diferentes grupos, tanto em A1 como em A2, podem ter

expressado a sua real divergência e ser recomendados para o programa de melhoramento. Comprimento da haste principal, da vagem e peso de 100 grãos foram os caracteres que mais influenciaram a divergência genética nos dois ambientes.

## 5. SUMMARY

### (GENETIC DIVERSITY IN GENOTYPES OF COWPEA UNDER TWO DIFFERENT ENVIRONMENTS)

Fifty genotypes were investigated in Petrolina, PE, Brazil under two different environments: 1) irrigated planted ground - during the second semester of 1994 (E1) and 2) rainfed planted ground - during the first semester of 1995 (E2). The genotypes were evaluated in a complete randomized block design, with two replications. Each plot consisted of a single row of eight holes with two plants/hole within a 1.0m x 0.5m spacing. Ten quantitative characters were used for determination of Mahalanobis statistics and grouped into clusters by the Tocher's method. Nine and twelve groups were formed in E1 and E2, respectively. The constituents of each cluster were not the same in the two environments, except group IV. The genotypes with stable divergence in E1 and E2 may have reflected their true distance and thus can be used in breeding. The characters length of main branch, 100-seed weight and length of pods were the most important affecting genetic divergence.

## 6. LITERATURA CITADA

1. BAINIWAL, C.R. & JATARSA, D.S. Genetic divergence in pigeon pea. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 40: 153-156, 1980.
2. CRUZ, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba, ESALQ, 1990. 188 p. (Tese de Doutorado).
3. CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, UFV, Imp. Univer., 1994. 390p.
4. FALCONER, D.S. *Introdução à genética quantitativa*. Trad. de Silva, M.A. & Silva, J.C. Viçosa, UFV, Imp. Univ., 1987. 279p. (Original em inglês, 1960.)
5. JAIN, K.C.; PANDYA, B.P. & PANDE, K. Genetic divergence in chickpea. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 41: 220-225, 1981
6. SINGH, T.H.; GILL, S.S. Genetic diversity in upland cotton under different environments. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 44: 506-513, 1984
7. VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p