



# USO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS NA IDENTIFICAÇÃO DE DIVERSIDADE GENÉTICA DE GUANDU (*Cajanus cajan* (L.)MILLSP)<sup>1</sup>

ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS<sup>2,4</sup>, NELSON JOSÉ NOVAES<sup>2</sup>, GISELE DE FREITAS NEGREIROS<sup>3</sup>

<sup>1</sup> EMBRAPA - Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste - CPPSE

<sup>2</sup> Pesquisador da EMBRAPA /CPPSE, CX.P. 339, CEP 13560-970, São Carlos, SP

<sup>3</sup> Curso de Pós-graduação - UNESP/Jaboticabal - SP - Rod. Carlos Tonani, Km 5 - CEP 14870-000

<sup>4</sup> Bolsista do CNPq

**RESUMO:** O objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade genética de 36 acessos de guandu com avaliação agrônômica de 19 características realizadas de fevereiro de 1992 a dezembro de 1993, em São Carlos, SP. As análises univariadas da variância, componentes principais (CP), variáveis canônicas e análise de agrupamento foram utilizadas para identificar a diversidade genética. A análise de CP mostrou a distribuição gráfica e agrupamento dos acessos e foi eficiente para resumir as características, pois os quatro primeiros componentes explicaram 82,0 % da variação total. Três grupos de acessos com características agrônômicas similares foram identificados com distância média de 0,7 entre grupos. Foi detectado grande diversidade genética entre os acessos.

**PALAVRAS-CHAVES:** Análise de agrupamento, características agrônômicas, germoplasma, melhoramento.

## IDENTIFICATION OF GENETIC DIVERSITY IN (*Cajanus cajan* (L.)MILLSP) BY MULTIVARIATE ANALYSIS

**ABSTRACT:** The objective was to study the genetic diversity in 36 accessions of guandu (*Cajanus cajan* (L.)MILLSP). Nineteen agronomic traits were evaluated from february 1992 to december 1993 at EMBRAPA, São Carlos, SP. Univariate analysis, principal component analysis (PCA), canonical variables and cluster analysis were used in this study to measure genetic diversity. PCA showed the distribution and grouping of accessions and was efficient for resuming the informations. The first four components explained 82.0% of the variation. Three clusters were obtained considering the average distance of 0.7 between cluster. Great genetic diversity was found among accessions.

**KEYWORDS:** agronomic traits, breeding, cluster analysis, germoplasm.

## INTRODUÇÃO

O feijão-guandu é uma leguminosa de elevada rusticidade e de grande produtividade de massa verde e de grãos; sendo cultivado na maioria dos países tropicais principalmente na Índia, Paquistão, Afeganistão e alguns países da América do Sul, sudeste da África e em muitos países africanos. O feijão-guandu apresenta grande variabilidade genética em suas características agrônômicas, justificando-se assim, os estudos conduzidos com essa cultura para obter informações básicas para o melhoramento genético, sendo a identificação de parentais promissores para produção de híbridos com maior rendimento, um dos requisitos mais importantes. Neste sentido, tem sido utilizadas técnicas multivariadas para o estudo da diversidade genética e sua topologia

para a performance ou heterose de híbridos em plantas (CRUZ, 1990, BERNARDO, 1992, BEKELE e BEKELE, 1996, DIERS et al. 1996, YANG et al. 1996). O objetivo deste estudo foi avaliar a diversidade genética de 36 acessos de guandu analisando-se de 19 características por meio de técnicas multivariadas.

## MATERIAL E MÉTODO

O experimento para a avaliação agrônômica constou de 36 acessos de guandu conduzido no CPPSE/EMBRAPA, São Carlos, SP, de fevereiro de 1992 a dezembro de 1993, com os acessos (tratamentos) aleatorizados em blocos, com três repetições, semeados em parcelas de cinco linhas de 4 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m entre linhas e 0,25 m entre plantas. Os 36 acessos foram denominados de G07, G08,

G17, G20, G28, G36, G47, G51, G52, G61, G64, G65, G67, G84, L01 a L05, L07 a L15, L22, L23, L26, L28, L29, L30, L35 e L36, sendo a denominação G ou L dada na EMBRAPA de São Carlos, SP (CANNIATTI-BRAZACA et al. 1996). O estudo envolvendo os acessos e as características para a divergência genética foi realizado em conjunto pelas análises univariadas, componentes principais, variáveis canônicas e análise de agrupamento considerando a distância média entre grupos ("average linkage cluster analysis"). Foi utilizado os sistemas GENES que resume as metodologias descritas em CRUZ (1990) e o SAS - "Statistical Analysis System" (SAS, 1993). As características avaliadas foram: número de plantas na parcela em 02/92 ( $y_1$ ), presença de flor e fruto verde em 06/92 ( $y_2$ ), avaliação da ferrugem em 07/92 ( $y_3$ ), retenção foliar em 08/92 ( $y_4$ ), altura das plantas em 07/92 ( $y_5$ ), produção de sementes em 08 e 09/92 ( $y_6$ ), produção de sementes boas ( $y_7$ ), sementes com defeitos ( $y_8$ ) e de sementes+vagens ( $y_9$ ) em 11/92, produção de sementes sadias ( $y_{10}$ ) e ruins ( $y_{11}$ ) e de sementes + vagens ( $y_{12}$ ) de 07 a 09/93, início da floração em dias após o plantio ( $y_{13}$ ), início da produção de vagem em dias após o plantio ( $y_{14}$ ), início ( $y_{15}$ ) e fim da maturação ( $y_{16}$ ) em dias, produção de sementes + vagens em 92 e 93 ( $y_{17}$ ), produção de sementes sadias em 92 e 93 ( $y_{18}$ ) e de sementes ruins em 92 e 93 ( $y_{19}$ ). As variáveis qualitativas foram codificadas por números, em ordem crescente de importância agrônômica, e foram analisadas como quantitativas.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os coeficientes de variação, obtidos das análises univariadas dos dados observados, oscilaram de 0,5 a 54,6%, indicando grande variabilidade das características. Houve diferença ( $P < 0,001$ ) entre médias de acessos para todas as características, mostrando situação favorável ao estudo sobre diversidade genética do guandu. A análise por meio de componentes principais e variáveis canônicas foram eficientes em reduzir o conjunto de 19 características, pois os quatro primeiros componentes obtidos dos dois métodos, explicaram 82,0 % da variação total, sendo a percentagem acumulada dos autovalores 39,5; 62,76; 73,2 e 82,0%, respectivamente. O primeiro componente indicou uma contribuição média ou global das características para a divergência, pois apresentou cargas semelhantes; o segundo, com cargas negativas para as características de produção e positivas para as demais, sugerindo um contraste entre características produtivas e de desenvolvimento

apresenta a dispersão dos acessos no plano representado pelos duas primeiras variáveis canônicas, mostra que os acessos estão dispersos entre si, basicamente uma separação entre acessos denominados de L (superior direita) e G (inferior esquerda). Considerando distância média entre grupos de 0,7 foram definidos três grupos, que pela ordem de formação são: G07, L09, L05, L13, L01, L22, L30, L35, G51, G84, L14, L29, L23, L28 e L36 (grupo 1), G47, L10, L07, G56, G65, G67 e L11 (grupo 2) e G64, G08, G20, L12, L08, L15, L26, G17, G28, L04, G36, L03, L02 e G61 (grupo 3). Os grupos proporcionam informações para o uso no melhoramento, pois o grupo 1 é representado pelos acessos de ciclo tardio, ou seja, iniciam a floração mais tarde e nível de produção intermediário; o grupo 2 contém os acessos de ciclo curto e de produção menor; o grupo 3 é representado pelos acessos precoces e de produção superior. Em termos gerais, as características dos acessos do grupo 1 são contrastantes com as do grupo 3, sugerindo que os cruzamentos de parentais mais promissores devem ser feitos entre estes dois grupos. A identificação das características de menor importância para a avaliação da diversidade genética foi feita considerando os maiores coeficientes associados aos componentes das últimas variáveis canônicas conforme CRUZ(1990). Desta forma, a ordem decrescente de importância das características foram:  $y_{19}$ ,  $y_{17}$ ,  $y_9$ ,  $y_{12}$ ,  $y_{15}$ ,  $y_4$ ,  $y_{14}$ ,  $y_7$ ,  $y_{16}$ ,  $y_5$ ,  $y_6$ ,  $y_2$ ,  $y_3$ ,  $y_1$ ,  $y_{19}$ ,  $y_6$ ,  $y_{14}$  e  $y_{17}$ .

## CONCLUSÕES

1. Foi detectado grande diversidade genética entre os acessos de guandu avaliados;
2. As técnicas multivariadas foram importantes para reduzir um espaço de dimensão de 19 para um espaço de dimensão quatro e, para agrupar os 36 acessos em três grupos com características agrônômicas similares e ainda identificar a ordem das características para a avaliação da diversidade.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. BEKELE, F., BEKELE, I. A sampling of the phenetic diversity of cacao in the international cocoa gene bank of Trinidad. *Crop. Science*, Madison, WI, v.36, n.1, p.57-64, Jan-Feb., 1996
2. CANNIATTI-BRAZACA, S.G., SALGAO, J.M., MANCINI FILHO, J. Avaliação física, química e agrônômica de cultivares de feijão-guandu (*Cajanus cajan* (L) Mill). *Alimentação e Nutrição*, São Paulo, v.7, p.37-45, 1996

plantas. Piracicaba, SP, ESALQ/USP, 1990. 188p. Dissertação (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1990.

4. DIERS, B.W., McVETTY, P.B.E., OSBORN, T.C. Relationship heterosis and genetic distance based on restriction fragment length polymorphism markers in oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Crop. Science*, Madison, WI, v.36, n.1, p.79-83, Jan-Feb., 1996

5. SAS INSTITUTE. In: **SAS/STAT User's guide: statistics**. Versão 6, vol 2, 4. Ed. Carry, 1993

6. YANG, W., OLIVEIRA, A.C. GODWIN, I., SCHERTZ, K. BENNETZEN, J.L. Comparison of DNA marker technologies in characterizing plant genome diversity: variability in chinese sorghums. *Crop. Science*, Madison, WI, v.36, n.6, p.1669-1676, Nov-Dec., 1996.

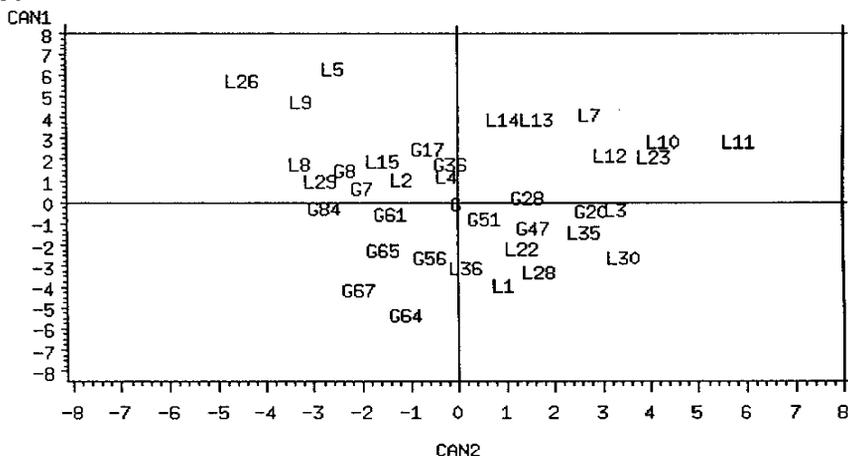


FIGURA 1: Dispersão dos 36 acessos de guandú em relação às coordenadas das duas primeiras variáveis canônicas (CAN1 e CAN2).