

# Análise discriminante em populações F4 de feijão-caupi com base em descritores morfoagronômicos

Claudia Roberta Ribeiro de Oliveira<sup>1</sup>, Gislanne Brito Barros<sup>1</sup>, Francisco Rodrigues Freire Filho<sup>2</sup>, Semíramis Rabelo Ramalho Ramos<sup>3</sup>, Maurisrael de Moura Rocha<sup>2</sup>, Ilza Maria Sittolin<sup>4</sup> e Valdenir Queiroz Ribeiro<sup>2</sup>

## Introdução

O feijão-caupi é uma cultura de grande importância sócio-econômica nas regiões Norte e Nordeste do Brasil. Representa a principal fonte de proteína vegetal e um gerador de emprego e renda para a população nordestina (Freire Filho et al. [1]). O programa de melhoramento de feijão-caupi tem como meta principal o desenvolvimento de cultivares adaptadas à diferentes ecossistemas e sistemas de produção. Em programas onde a hibridação é necessária para a geração de variabilidade, a obtenção de populações segregantes com alta diversidade genética para os caracteres de importância agrônômica é indispensável para o sucesso na seleção de linhagens superiores. A avaliação de gerações segregantes com relativo grau de homozigose, além de permitir a prática da seleção também pode ser usada para estudos de mapeamento e genômica, pois proporciona grande número de sementes e a possibilidade de utilização de bulks segregantes. A caracterização morfoagronômica de populações segregantes é de suma importância para associação de dados fenotípicos e moleculares em análises de QTLs (quantitative traits loci). Estudos sobre caracterização de populações de feijão-caupi com base em descritores morfoagronômicos têm sido conduzidos (Negri et al. [2]). A avaliação de divergência fenotípica entre populações segregantes pode ser de grande importância como auxílio na separação de grandes populações em grupos distintos. A divergência com base em dados enzimáticos (Pasquet [3]) e moleculares (Fall et al. [4]) também tem sido acessada em feijão-caupi. Quando o número de genótipos é muito grande, os métodos de agrupamento pode envolver matrizes de dissimilaridade de ordem elevada e o agrupamento realizado pode provocar perda de informação do grau de dissimilaridade. Uma forma alternativa para avaliação da diversidade dentro de um grupo de genótipos ou populações é análise de dispersão gráfica, normalmente utilizando o espaço bidimensional (Cruz & Carneiro [5]). O objetivo desse trabalho foi avaliar a divergência fenotípica entre 364 populações F4 de feijão-caupi com base em 12 descritores morfoagronômicos.

## Material e Métodos

Foram avaliadas 364 populações de feijão-caupi resultantes do cruzamento entre a linhagem IT85F-2687 x cultivar BR 14-Mulato. Esses parentais são contrastantes para reação aos vírus do mosaico severo do caupi (CSMV) e do mosaico do caupi transmitido por pulgão (CABMV). Esse cruzamento foi realizado com o objetivo principal de obtenção de populações segregantes endogâmicas contrastantes para reação ao CSMV e CANMV, visando a utilização destas em estudos posteriores de mapeamento genômico, dentro do projeto genômica do feijão-caupi/NortEst/Renorbio. O experimento foi conduzido em condições de telado sob irrigação (microaspersão) no período de outubro a dezembro de 2006, na Embrapa Meio-Norte, município de Teresina, PI. A parcela experimental foi representada por uma cova, no espaçamento 1,40 x 0,60 m.

Foram semeadas três sementes por cova e realizada o desbaste para um planta por cova, 15 dias após a germinação. Os tratos culturais consistiram de capinas (manual e química) e de aplicação de inseticida e fungicida para o controle do manhoso e fungos, respectivamente.

Foram avaliados os seguintes caracteres: cor da flor, formato da folha, porte da planta, tipo de tegumento, cor da vagem imatura, cor da vagem madura, cor do grão, cor do halo, cor do anel do hilo, número de dias para o início da floração, peso de 100 grãos e produção por planta.

Foi realizada a análise discriminante por meio da análise de componentes principais. A técnica dos componentes principais permite simplificar um conjunto de dados contidas em n genótipos em poucos componentes que apresentam a propriedade de reterem o máximo da variação originalmente disponível. (Cruz & Carneiro [5]). Para a realização da análise, os dados foram previamente padronizados.

As análises foram realizadas por meio do programa computacional GENES (Cruz [6]).

## Resultados e Discussão

A variação explicada pela análise de componentes principais é apresentada na Tabela 1. Observa-se que a

1. Bolsista FACEPE da Embrapa Meio-Norte e aluna de Graduação/Biologia/UFPI, Campus Universitário Ministro Petrônio Portela, Teresina, PI, CEP 64049-550. E-mail: clacentenario@bol.com.br; gislannebio@yahoo.com.br

2. Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, B. Buenos Aires, Teresina, PI, CEP 64006-220. E-mail: freire@cpamn.embrapa.br; mmrocha@cpamn.embrapa.br; valdenir@cpann.embrapa.br

3. Pesquisadora da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, B. 13 de Julho, Aracaju, SE, CEP 49025-040. E-mail: srrramos@cpac.embrapa.br

4. Pesquisador da EPAMIG/Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, B. Buenos Aires, Teresina, PI, CEP 64006-220. E-mail: ilza@cpamn.embrapa.br

Apoio financeiro: FINEPI e EMBRAPA

análise de componentes principais decompôs toda a variação fenotípica determinada pelos 12 descritores morfoagronômicos em 12 componentes principais.]. Os três primeiros eixos da análise de componentes principais explicaram 42,17% da variação fenotípica. Segundo Cruz & Carneiro [5], uma fração considerável da variação disponível é limitado ao valor mínimo de 80%. Isso indica os apenas metade da variação disponível encontra-se nos três primeiros eixos e que seria necessário a utilização de pelo menos oito componentes para explicar 80% da variação disponível. Neste caso, seria recomendável fazer a dispersão gráfica bidimensional utilizando os oito primeiros componentes principais. No entanto, segundo Cruz & Carneiro [5]. Isso pode levar a distorções gráficas que impossibilitam inferir o padrão de similaridade das populações analisadas. Assim, para efeito de identificação das populações mais dissimilares, os dados serão interpretados com base na dispersão dos gráficos CP1 x CP2 (Figura 1) e CP1 x CP3 (Figura 2). Pela Figura 1, observa-se que a população mais dissimilar da maioria das populações foi a de número 239. Algumas populações poderiam ser consideradas dissimilares entre si, tais como: 339, 294, 331, 209, 317, 262 e 28. Isso é confirmado também pela dispersão considerando CP1 e CP3 (Figura 2). Alguns pares de populações podem ser consideradas dissimilares entre si, como é o caso da população 239 com as populações 339, 323, 30, 83, 211, 317 e 209; entre a população 232 com as populações 202, 363, 28 e 53; entre a população 317 e as populações 29, 134, 11 e 137; entre a população 339 e as populações 363, 263, 239, 294, 19 e 28.

Para efeito de estudos subsequentes de mapeamento genômico do feijão-caupi com base nas 364 populações aqui estudadas, essas populações identificadas como mais dissimilares entre si devem ser preservadas, sendo

as prioritárias em estudos subsequentes de mapeamento genômico e de estudos de QTLs. Devido a baixa variação explicada pelos três primeiros componentes principais, análise de dissimilaridade mais poderosa deve ser realizada com as populações F5, visando-se a confirmação desses resultados.

## Agradecimentos

Os autores agradecem à UFPE/FACEPE, pela concessão de bolsas de estudos; à FINEPE pelo auxílio financeiro; à EMBRAPA pela auxílio financeiro, infra-estrutura e recursos humanos; e à UFPI pelo auxílio de alunos de graduação na condução dos experimentos.

## Referências

- [1] FREIRE FILHO, F.R.; LIMA, J.A.A.; RIBEIRO, V.Q. 2005. Feijão-caupi: avanços tecnológicos. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 519p.
- [2] NEGRI, V.; TOSTIO, N.; FALCINELLI, M.; VERONESI, F. 2000. Characterization of thirteen cowpea landraces from Úmbria (Italy). Strategy for their conservation and promotion. Genetic Resources and Crop Evolution, v.47, p.141-146.
- [3] PASQUET, R.S. 2000. Allozyme diversity of cultivated cowpea *Vigna unguiculata* L.Walp. Theoretical Applied of Genetic, v.101, p.211-219.
- [4] FALL, L.; DIOUF, D.; FALL-NDIAYE, M.A.; BADIANE, F.A.; GUEYE, M. 2003. Genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* (L) Walp.) varieties determined by ARA and RAPD techniques. African Journal of Biotechnology, v.2. n.2, p.48-50.
- [5] CRUZ, C.D. & CARNEIRO, P.C.S. 2003. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v.2. Viçosa: Editora UFV. 585p.
- [6] CRUZ, C.D. 2001. Genes: programa para análise e processamento de dados em modelos de genética e estatística experimental. Viçosa: Editora UFV. 648p.

**Tabela 1.** Variação fenotípica de 364 populações F4 de feijão-caupi explicada pela análise de componentes principais, com base na variação determinada por 12 descritores morfoagronômicos. Teresina, PI, 2006.

Componentes principais	(%) explicada	(%) Acumulada
1	15,51	15,51
2	15,06	30,57
3	11,59	42,17
4	8,93	51,10
5	8,79	59,90
6	7,92	67,83
7	6,95	74,78
8	5,90	80,68
9	5,82	86,51
10	5,60	92,12
11	4,65	96,77
12	3,22	100,00

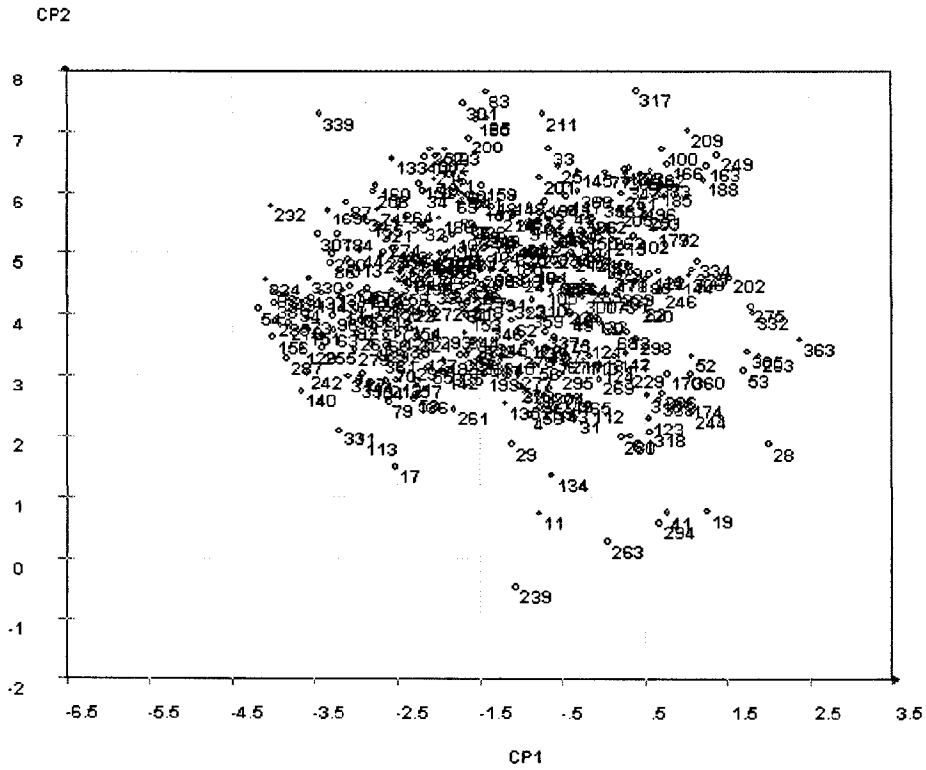


Figura 1. Dispersão gráfica de 364 populações F4 de feijão-caupi captada pelos dois primeiros eixos da análise de componentes principais (CP1 e CP2), com base na variação fenotípica determinada por 12 descritores morfoagronômicos. Teresina, PI, 2006.

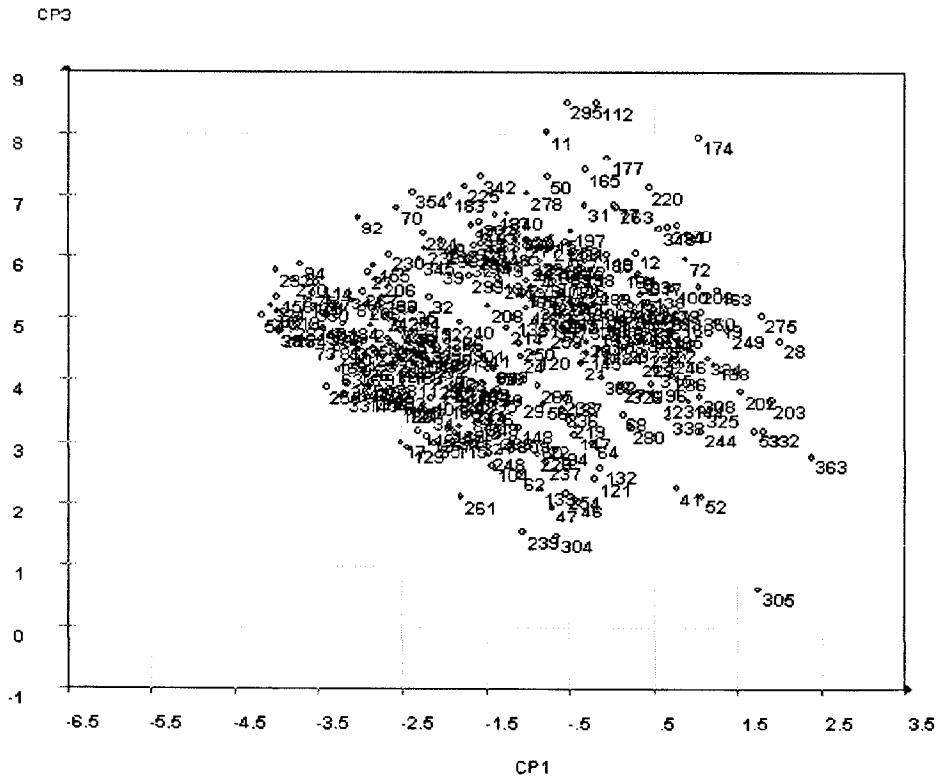


Figura 2. Dispersão gráfica de 364 populações F4 de feijão-caupi captada pelo primeiro (CP1) e terceiro (CP3) eixos da análise de componentes principais, com base na variação fenotípica determinada por 12 descritores morfoagronômicos. Teresina, PI, 2006.