

ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE FEIJÃO-CAUPI DA EMBRAPA MEIO-NORTE

A. M. MEDEIROS¹, J. R. ASSUNÇÃO FILHO¹, K. J. DAMASCENO-SILVA², R. L. F. GOMES³, M. M. ROCHA², F. R. FREIRE FILHO²

Resumo – O objetivo deste trabalho foi estudar a divergência genética entre 20 linhagens de feijão-caupi, subclasse fradinho, do banco ativo de germoplasma de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e posterior agrupamento dos genótipos com base no método de Tocher. Para isso foram considerados 30 caracteres qualitativos e cinco quantitativos. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. Foi detectada diversidade genética entre as 20 linhagens, as quais foram agrupadas em 5 grupos tendo como base os caracteres quantitativos, enquanto os qualitativos proporcionaram a formação de 6 grupos. A maior distância de Mahalanobis ocorreu entre os genótipos MNC-1761 e MNC-1768.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, Mahalanobis, dissimilaridade.

ANALYSIS OF THE GENETIC DIVERSITY AMONG LINES OF THE GERMPLASM ACTIVE BANK OF COWPEA IN EMBRAPA MID-NORTH

Abstract – The objective of this research was to study the genetic divergence among 20 lines of cowpea, blackeye subclass, of the Germplasm Active Bank of cowpea from Embrapa Mid-North based by distance Mahalanobis (D^2) and grouping by Tocher method. The research was realized based in 30 qualitative traits and five quantitative, using a randomized block design with four replications. Genetic divergence was detected among the 20 lines and grouping in 5 groups based in the quantitative traits, and 6 groups based in the qualitative traits. The genotypes MNC-1761 and MNC-1768 were most distant genetically.

Keywords: *Vigna unguiculata*, Mahalanobis, dissimilarity

¹ Iniciação científica Universidade Federal do Piauí, CEP 64049-550, Teresina, PI. arturmedeiros20@yahoo.com.br

² Embrapa Meio-Norte, Caixa Postal 01, CEP 64006-220, Teresina, PI. kaesel@cpamn.embrapa.br

³ Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias, UFPI, Teresina, PI. rfgomes@ufpi.br

Introdução

O conhecimento da diversidade genética entre genótipos é importante no melhoramento, sobretudo para identificar combinações híbridas de maior heterozigose e de maior efeito heterótico (CARVALHO, 2003). Tomando-se por base essas combinações, a probabilidade de se recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes é maior.

O uso de genitores com insuficiente diversidade genética na formação de populações para hibridação reduz a variabilidade genética quanto aos caracteres quantitativos (FEHR, 1987). Maurya e Singh (1977) comentam que os genitores com ampla diversidade genética devem ser usados para produzir melhores tipos segregantes.

Borém (1997) comenta que, para poder ser utilizada a divergência genética disponível nos bancos de germoplasma, é necessário que os genótipos sejam caracterizados e documentados de forma que o melhoramento possa identificar a potencialidade de uso destas constituições genéticas.

Nos programas de melhoramento de plantas, a informação quanto à diversidade e à divergência genética dentro de uma espécie é essencial para o uso racional dos recursos genéticos (LOARCE et al., 1996). 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). Segundo Gaur et al. (1978), a análise multivariada (D^2) pode ser empregada como uma poderosa ferramenta para estimar a divergência genética com o intuito de auxiliar na escolha de combinações mais promissoras.

O presente estudo teve como objetivo estudar a divergência genética de 20 linhagens de feijão-caupi, subclasse fradinho, a partir de 30 descritores qualitativos e cinco quantitativos.

Material e Métodos

Foram avaliadas 20 linhagens de feijão-caupi da subclasse fradinho. O experimento foi instalado no Campo Experimental da Embrapa Meio-Norte, localizada no Município de Teresina (PI). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. Cada parcela teve as dimensões 3,0 m x 5,0 m e constou de quatro fileiras de 5,0 m. O espaçamento entre fileiras foi de 0,75 m e dentro da fileira de 0,25 m. A área útil foi representada pelas duas fileiras centrais. Foram semeadas quatro sementes por cova. Foram mantidas apenas duas plantas por cova após o desbaste.

As linhagens estudadas foram as seguintes: (1) MNC-1751, (2) MNC-1752, (3) MNC-1753, (4) MNC-1754, (5) MNC-1755, (6) MNC-1756, (7) MNC-1757, (8) MNC-1758, (9) MNC-1759, (10) MNC-1760, (11) MNC-1761, (12) MNC-1762, (13) MNC-1763, (14) MNC-1764, (15) MNC-1765, (16) MNC-1766, (17) MNC-1767, (18) MNC-1768, (19) MNC-1769, (20) MNC-1770.

Foram analisados os caracteres qualitativos que dizem respeito a planta (forma da folha, hábito de crescimento, porte, pigmentação do pedúnculo da inflorescência, desfolhamento na maturidade e ciclo da cultura), à flor (cor da flor e sua uniformidade, cor do cálice, da asa, da quilha e do estandarte, e tipo de inflorescência), à vagem (uniformidade da cor da vagem na maturação, na maturidade fisiológica e na maturidade de colheita, cor da vagem imatura e madura, distribuição das vagens na copa da planta e forma da vagem) e a semente (cor da semente, classe e subclasse

comercial, cor do cotilédone, tipo de tegumento, brilho da semente, cor do anel do hilo, cor do halo, quanto à presença do halo e forma da semente).

Foram avaliados os seguintes caracteres quantitativos mensurados: comprimento da vagem (COMPV), número de grãos vagem (NGV), número de dias para o início da floração (NDIF), número de vagens por pedúnculo (NVP) e peso de 100 grãos (P100G).

A divergência genética foi estimada usando a estatística de Mahalanobis (D^2). Com relação ao estabelecimento de grupos, foi aplicado o método de Tocher, cujos cálculos foram igualmente embasados na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Para a realização das análises de divergência genética a partir dos caracteres quantitativos e qualitativos, utilizou-se o programa GENES (CRUZ, 2006).

Resultados e Discussão

A utilização do método de agrupamento de Tocher, fundamentado na matriz de dissimilaridade, expressada pelas distâncias de Mahalanobis (D^2), possibilitou a distribuição das linhagens estudadas em cinco e seis grupos distintos com base nos descritores quantitativos e qualitativos, respectivamente.

Os grupos formados com base nos descritores qualitativos foram: I) 8, 9, 4 e 5; II) 14, 20, 19, 2, 12, 16, 17 e 15; III) 10 e 11; IV) 1, 6, 7 e 13; V) 3; VI) 18 (Tabela 1).

Tabela 1. Grupos formados de acordo com o método de Tocher com base nos descritores qualitativos para as 20 linhagens estudadas. Teresina-PI, 2008.

Grupos	Acessos
I	8 - 9 - 4 - 5
II	14 - 20 - 19 - 2 - 12 - 16 - 17 - 15
III	10 - 11
IV	1 - 6 - 7 - 13
V	3
VI	18

Enquanto os descritores quantitativos proporcionaram a formação de cinco grupos, são eles: (I) 12, 16, 14, 6, 13, 19, 15, 20 e 17; (II) 5, 8, 7, 3, 1 e 2; (III) 10, 11 (IV) 4 e 9; (V) 10 (Tabela 2).

Tabela 2. Grupos formados de acordo com o método de Tocher com base nos descritores quantitativos para as 20 linhagens estudadas. Teresina-PI, 2008.

Grupos	Acessos
I	12 - 16 - 14 - 6 - 13 - 19 - 15 - 20 - 17
II	5 - 8 - 7 - 3 - 1 - 2
III	10 - 11
IV	4 - 9
V	10

Nos grupos formados pelos descritores quantitativos, os grupos III e V tiveram as maiores medidas de dissimilaridade. Indicando ser estes os mais favoráveis nos inter cruzamentos. Os

menores valores de D^2 foram obtidos entre os grupos I e V. Os genótipos que se apresentaram em grupos diferentes podem ser considerados como promissores para cruzamentos com a finalidade de incrementar a variabilidade genética entre os caracteres estudados.

Entre os grupos proporcionados pelo método de Tocher fundamentado pelos descritores qualitativos, a maior medida de dissimilaridade foi apresentada pelo grupo III e VI. Por outro lado, a menor medida de dissimilaridade pode ser observada entre os grupos IV e V.

O máximo valor da divergência genética foi obtido para a combinação das linhagens MNC-1761 e MNC-1768, significando menor similaridade entre os caracteres considerados. Maior similaridade foi detectada entre as linhagens MNC-1762 e MNC-1766.

Os caracteres quantitativos que mais contribuíram para divergência genética foram: o número de grãos por vagem (NGV) e peso de 100 grãos (P100G). Estes resultados indicam a existência de variabilidade genética significativa para estes caracteres nas linhagens estudadas.

Conclusão

O cruzamento entre as linhagens MNC-1761 e MNC-1768 poderá viabilizar novas combinações gênicas promissoras.

As características número de grãos por vagem e peso de 100 grãos foram as principais responsáveis na quantificação da divergência genética entre as linhagens de feijão-caupi estudadas.

Agradecimentos

À Universidade Federal do Piauí (UFPI) pela concessão da bolsa de Iniciação Científica.

Revisores: Comitê Local de Publicação da Embrapa Meio-Norte – CLP (clp@cpamn.embrapa.br). Avenida Duque de Caxias, 5650; Bairro Buenos Aires; 64006-220; Teresina-PI.

Referências

- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 547 p.
- CARVALHO, L. P. de; LANZA, M. A; FELLIERI, J; SANTOS, J. W. dos. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, out. 2003.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulação**. Viçosa, MG: UFV, 2006, 175 p.
- FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. 536 p.
- LOARCE, Y.; GALLEGU, R.; FERRER, E. A comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 88, p. 107-115, 1996.
- GAUR, P. C., GUPTA, P. K., KISHORE, H. Studies on genetic divergence in potato. **Euphytica**, Wageningen, v. 27, p. 316- 368, 1978.

MAURYA, D. W.; SINGH, D. P. Genetic divergence in rice. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, Calcutta, v. 37, p. 395-402, 1977.

MOREIRA, J. A. N.; SANTOS, J. W. dos; OLIVEIRA, S. R. M. **Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma**. Campina Grande: Embrapa-CNPA, 1994. 115 p.