

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS E CULTIVARES DE FEIJÃO-CAUPI COM BASE EM DESCRITORES QUANTITATIVOS

P. V. C. SOBRAL¹, M. M. ROCHA², K. J. D. SILVA², F. R. FREIRE FILHO², F. R. BARROS³, E. V. RODRIGUES³

Resumo: O objetivo foi estimar a divergência genética entre 44 genótipos de feijão-caupi, com base em caracteres quantitativos. Os genótipos foram caracterizados com base em oito caracteres quantitativos e agrupados pelos métodos de Tocher e UPGMA, com base nas distâncias D^2 de Mahalanobis. A análise de agrupamento pelo método de Tocher propiciou a formação de seis grupos distintos. Maior divergência intergrupos foi verificada entre os grupos IV e VI, entre os acessos 18 e 22, respectivamente. Maior similaridade foi observada entre os acessos 20 e 35, ambos do grupo I. O método UPGMA agrupou os genótipos em sete grupos. O número de vagens por pedúnculo e o número de grãos por vagem foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência dos genótipos. No geral, os métodos de Tocher e do UPGMA mostraram semelhança no padrão de agrupamento dos genótipos.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, dissimilaridade, banco de germoplasma.

GENETIC DIVERGENCE AMONG COWPEA ACCESSIONS AND CULTIVARS BASED QUANTITATIVE DATA

Abstract: The aim of this work was to estimate genetic divergence of forty four cowpea genotypes (accessions and cultivars) based quantitative data. The genotypes were characterized on the basis of eight quantitative characters and grouped by Tocher and UPGMA methods, based on the Mahalanobis distances D^2 . The grouping analysis by the Tocher method allowed the formation of six distinct groups. Larger divergence was verified between IV and VI groups, between 18 and 22 accessions, respectively. Highest similarity was found between 20 and 35 accessions, both of I Group. The UPGMA method grouped the genotypes into seven groups. The number of pods per peduncle and number of seeds per pod were the traits that contributed most to the divergence of the genotypes. In general, Tocher and UPGMA methods showed similarity in the genotypes grouping pattern.

Keywords: *Vigna unguiculata*, dissimilarity, germplasm bank.

¹Universidade Federal do Piauí, Campus Universitário Ministro Petrônio Portela, CEP 64049-550, Teresina, PI. E-mail: fitoverena@yahoo.com.br

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

³Universidade Federal Rural de Pernambuco, R. Dom Manuel de Medeiros, S/N, B. Dois Irmãos, CEP 52171-900, Recife, PE.

³Universidade Federal do Piauí, Campus Universitário Ministro Petrônio Portela, CEP 64049-550, Teresina, PI. E-mail: erinavict@hotmail.com

Introdução

Os estudos sobre divergência genética são de grande importância por fornecerem estimativas para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentem as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (CRUZ et al., 1994). A seleção de progenitores com base em características individuais não é tão interessante quanto à seleção baseada em um conjunto de características. A determinação da divergência genética entre genótipos com base em vários caracteres utilizados simultaneamente, apresenta-se bastante vantajosa (MOURA et al., 1999). Assim, torna-se mais conveniente caracterizar os acessos com base em um complexo de variáveis, ou seja, utilizando-se os métodos multivariados.

Alguns autores têm utilizado as distâncias Euclidiana e D^2 de Mahalanobis e os agrupamentos de Tocher e Ligação Média entre Grupo – UPGMA para analisar a dissimilaridade/similaridade genética entre acessos de bancos de germoplasma de feijão-caupi com base em dados morfoagronômicos (BERTINI et al., 2009; OLIVEIRA et al., 2003; PASSOS et al., 2007). Este trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre quarenta e quatro acessos africanos de feijão-caupi da Coleção Nuclear da Embrapa Meio-Norte, por meio de descritores morfoagronômicos através de técnicas de análise multivariada.

Material e Métodos

Foram caracterizados 44 genótipos de feijão-caupi, sendo 42 acessos africanos e duas cultivares brasileiras. A identificação dos acessos e origem geográfica são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Acessos e cultivares de feijão-caupi e suas respectivas origens geográficas. Teresina, PI, 2008.

Acesso ¹ / Cultivar ²	Origem	Acesso/ Cultivar	Origem	Acesso/ Cultivar	Origem	Acesso/ Cultivar	Origem
1	Uganda	12	Quênia	23	Uganda	34	Uganda
2	Burundi	13	Quênia	24	África do Sul	35	Botswana
3	Burkina Faso	14	Quênia	25	África do Sul	36	Botswana
4	Etiópia	15	Nigéria	26	Botswana	37	Botswana
5	Gana	16	Nigéria	27	Botswana	38	Botswana
6	Tanzânia	17	Nigéria	28	Botswana	39	Botswana
7	Zimbábue	18	África do Sul	29	Botswana	40	Botswana
8	Zimbábue	19	África do Sul	30	Botswana	41	Botswana
9	Zimbábue	20	África do Sul	31	Botswana	42	Botswana
10	Zimbábue	21	África do Sul	32	Botswana	43	Brasil
11	Quênia	22	África do Sul	33	Botswana	44	Brasil

¹Acesso: 1 ao 42; ²Cultivar: 43 (BR 17Gurguéia) e 44 (BRS Guariba).

Os acessos africanos, oriundos de parte de uma coleção nuclear introduzida dos Estados Unidos, fazem parte do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte. As cultivares BR 17-Gurguéia (classe cores, subclasse sempre-verde) e BRS Guariba (classe branca, subclasse branca), pertencentes à coleção de trabalho da Embrapa Meio-Norte, foram utilizadas como testemunhas. O experimento foi conduzido no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, em Teresina, PI, no ano de 2008. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com tratamentos comuns (testemunhas), com três repetições. Um total de oito descritores agrônômicos

quantitativos foram mensurados, quais sejam: comprimento da vagem - COMPV, número de grãos por vagem - NGV, peso de 100 grãos - P100G, número de vagens por pedúnculo - NVPD, comprimento do fóliolo central - CFC, largura do fóliolo central - LFC, comprimento do pedúnculo - CP e produção de grãos - PROD.

A divergência genética entre os acessos de feijão-caupi foi estimada com base nas Distâncias D^2 de Mahalanobis, enquanto o agrupamento foi realizado por meio dos métodos de Tocher e de Ligação Média entre Grupo (UPGMA). As análises foram realizadas utilizando-se o aplicativo estatístico computacional Genes (CRUZ, 2008).

Resultados e Discussão

A análise de agrupamento pelo método de Tocher propiciou a formação de seis grupos distintos (Tabela 2). O grupo I abrangeu 32 acessos de 11 origens distintas e foi formado por um maior número de acessos, contemplando 38,47%; já os grupos II e III, uma vez juntos, incorporaram 56,94% dos 44 acessos avaliados.

Tabela 2 - Formação dos grupos de dissimilaridade pelo método de Tocher a partir das distâncias D^2 de Mahalanobis estimadas para 44 genótipos (acessos africanos e duas cultivares brasileiras) de feijão caupi do BAG da Embrapa Meio-Norte, avaliação feita com base em oito caracteres quantitativos, 2009.

Grupo	Acessos	%
I	20, 35, 40, 15, 5, 10, 30, 25, 39, 16, 26, 11, 6, 1, 31, 21, 36, 41 3, 14, 12, 17, 28, 29, 27, 34, 4, 37, 44, 19, 9, 33	38,47
II	23, 43, 8, 13	36,81
III	7, 32, 2, 42	20,13
IV	8, 38	4,53
V	24	0,04
VI	22	0,02
Total		100,00
Maior D^2 entre grupos: IV e VI		Menor D^2 entre grupos: III e VI
Maior D^2 entre acessos: 18 e 22		Menor D^2 entre acessos: 20 e 35
Maior D^2 entre acessos e a cultivar 43 e 22		Maior D^2 entre acessos e a cultivar 44 e 18

Por sua vez os acessos 24 e 22 corresponderam aos únicos acessos constituintes dos grupos V e VI, ambos da África do Sul. Os genótipos brasileiros 43 e 44 (cultivares BR 17 Gurguéia e BRS Guariba), apesar de terem sido alocadas em grupos distintos (I e II), ficaram não muito distantes, corroborando com sua origem geográfica. No entanto, a utilização de parentais africanos no programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, pode ser uma explicação para o fato das duas cultivares brasileiras terem sido agrupadas juntamente com acessos africanos. De fato as cultivares BR 17 Gurguéia e BRS Guariba apresentam em sua genealogia pelo menos um parental africano (BR 17 Gurguéia, 1998; BRS Guariba, 2004).

Quanto à distância intergrupos, maior dissimilaridade foi verificada entre os grupos IV e VI (Tabela 2), entre os acessos 18 e 22, que foram os mais divergentes, enquanto que maior similaridade intergrupo foi observada entre III e VI, no entanto, entre acessos, ocorreu entre 20 e 35,

ambos do grupo I. Desse modo, deve-se evitar a realização de cruzamentos entre genótipos do grupo III com o VI e priorizar a hibridação entre acessos do grupo IV com VI. A hibridação entre os acessos desses dois últimos grupos pode originar na progênie maior número de segregantes transgressivos para caracteres agrônômicos desejáveis. Bertini et al. (2009), avaliando a divergência entre um grupo de acessos de feijão-caupi, também identificaram genótipos divergentes e sugeriram cruzamentos que resultariam em novas combinações gênicas desejáveis. Para cruzamentos entre acessos exóticos com adaptados (cultivares), as combinações 43 x 22 e 44 x 18 deve ser priorizado, por serem mais distantes entre si.

Em relação ao agrupamento pelo método UPGMA, observado via dendograma (Fig. 1), pode-se observar uma boa capacidade discriminante dos acessos assim como o método de Tocher.

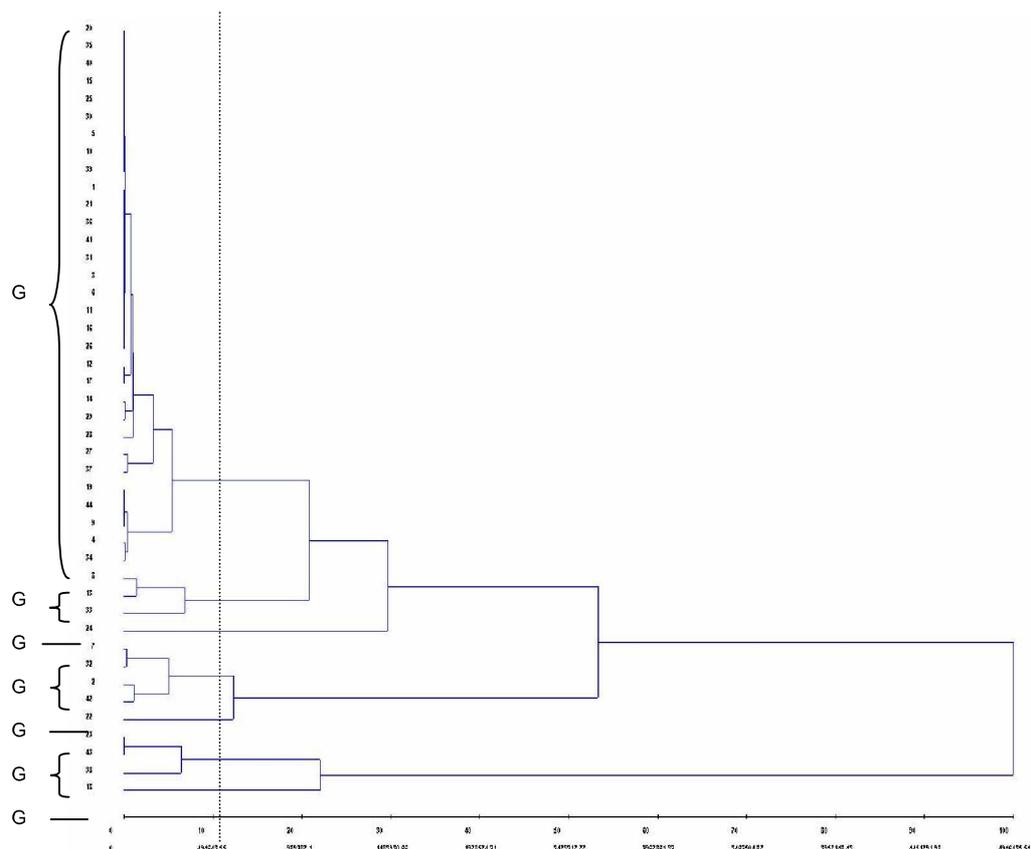


Fig. 1. Dendrograma resultante da análise de agrupamento pelo método UPGMA obtido com base nas Distâncias D^2 de Mahalanobis, estimadas a partir de oito caracteres agrônômicos quantitativos avaliados em 44 acessos africanos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2008.

Tomando-se o ponto de corte a 10%, o método UPGMA agrupou os acessos em sete grupos. Da mesma forma do que ocorreu com o método de Tocher, o método de UPGMA também apresentou a maior porção dos acessos alocados no grupo I, bem como apresentou a formação de alguns grupos constituídos por apenas um único acesso (Tabela 2). Os acessos 20 e 18 foram os mais divergentes entre si. Uma diferença em relação ao agrupamento de Tocher é que o método UPGMA agrupou os acessos 18 e 38 em grupos distintos, porém próximos, confirmando a alta similaridade entre estes pelo agrupamento de Tocher (grupo IV).

No geral, os métodos de Tocher e do UPGMA mostraram semelhança no padrão de agrupamento dos acessos e cultivares. Segundo o critério de Singh (1981) baseado em (D^2) de Mahalanobis, que mede a contribuição relativa dos caracteres para a divergência, o NVPD contribuiu com a maior parte da variação, 56,78%, seguido do NGV, com 34,37%, e a LFC, com 8,08%. Os caracteres COMPV, P100G, CFC, CP e PROD foram os que menos explicaram a divergência genética, contribuindo com 0,67%; 0,06%; 0,027%; 0,012% e 0,002%; respectivamente. Esse resultado difere daquele obtido por Passos et al. (2007), que ao avaliarem um grupo de genótipos de feijão-caupi, encontraram que o comprimento de vagem, o peso de grãos por vagem e a produção de vagens foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência entre os acessos estudados.

Conclusões

O número de vagens por pedúnculo e o número de grãos por vagem foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência dos genótipos. Os métodos de Tocher e do UPGMA mostraram semelhança no padrão de agrupamento dos acessos.

Revisores: Altevir de Matos Lopes, Pesquisador A, Embrapa Amazônia Oriental, Caixa Postal 48, CEP 66095-100, Belém, PA. E-mail: altevir@cpatu.embrapa.br; João Tomé de Farias Neto, Pesquisador A, Embrapa Amazônia Oriental, CP 48, CEP 66095-100, Belém, PA. E-mail: tome@cpatu.embrapa.br

Referências

BERTINI, C. H. C. de M.; TEÓFILO, E. M.; DIAS, F. T. C. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco ativo de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, n. 1, p. 99-105, 2009.

BR 17 Gurguéia. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 1998. 1 Folder.

BRS Guariba: nova cultivar de feijão-caupi para a região Meio-Norte. 2004. Teresina: Embrapa Meio-Norte. 1 Folder.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: biometria. Viçosa, MG: Editora UFV, 2008.

MOURA, W. M.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D.; LIMA, P. C. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 2, p. 217-224, 1999.

OLIVEIRA, F. J. de; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. da; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. dos. Divergência genética entre cultivares de feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 5, p. 605-611, 2003.

PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; CRUZ, P. J.; ROCHA, M. de M.; CRUZ, E. A. de O.; ROCHA, M. A. C. da.; BAHIA, H. F.; SALDANHA, R. B. Divergência genética em feijão-caupi. **Bragantia**, v. 66, n. 4, p. 579-586, 2007.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.