

## DIVERSIDADE GENÉTICA EM FEIJÃO-CAUPI FUNDAMENTADA EM DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS E ANÁLISE MULTIVARIADA

A. M. MEDEIROS<sup>1</sup>, J. R. ASSUNÇÃO FILHO<sup>1</sup>, K. J. DAMASCENO-SILVA<sup>2</sup>, M. M. ROCHA<sup>2</sup>, F. R. FREIRE FILHO<sup>2</sup>

**Resumo** - Este trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre 16 acessos da coleção de germoplasma de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) da Embrapa Meio-Norte. Foram utilizados 28 descritores qualitativos e cinco descritores quantitativos. A distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) foi utilizada como medida de dissimilaridade e o agrupamento com base no método de Tocher. O caráter comprimento de vagem explicou 46,83% da variação total. A maior distância genética baseado nos descritores quantitativos foi observada entre os genótipos Cacheado Vagem Roxa e Canapu amarelo. Para os descritores qualitativos os mais distantes foram os pares BR3 Tracuateua e Capela; Cacheado Vagem Roxa e Canapu Amarelo; Cacheado Vagem Roxa e Vita 3; Cacheado Vagem Roxa e BR 14-Mulato; TVx 5058-09C e MNC00-599F-9; IT82D-60 e Capela. Os genótipos Vita-7 e Rajado foram os que se mostraram mais próximos geneticamente tendo como base os caracteres qualitativos. O método de agrupamento de Tocher proporcionou a formação de números diferentes de grupos para os caracteres quantitativos e qualitativos.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*, germoplasma, divergência.

## GENETIC DIVERSITY IN COWPEA BASED IN MORPHOAGRONOMIC DESCRIPTORS AND MULTIVARIATE ANALYSIS

**Abstract** – The objective of this research was estimate the genetic divergence between 16 accessions of germplasm collection of the cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) from Embrapa Mid-North, based in 28 qualitative descriptors and 5 quantitative. The generalized distance Mahalanobis ( $D^2$ ) was used as measure of dissimilarity and training groups are made based on the method of Tocher. The characteristic length of pod explains 46.83% of the genetic divergence. The genotypes Cacheado Vagem Roxa and Canapu amarelo are most distant genetically based in the quantitative descriptors and according to qualitative descriptors, most distant were the pairs: BR3 - Tracuateua and Capela; Cacheado Vagem Roxa and Canapu Amarelo; Cacheado Vagem Roxa and Vita3; Cacheado Vagem Roxa and BR14-Mulato; TVx 5058-09C and MNC00-599F-9; IT82D-60 and Capela. The genotypes Vita-7 and Rajado were most proximal genetically based in the qualitative descriptors. The method of grouping Tocher formed different groups to qualitative descriptors and quantitative.

**Keywords:** *Vigna unguiculata*, germplasm, divergence

<sup>1</sup>Iniciação científica Universidade Federal do Piauí, CEP 64049-550, Teresina, PI. [arturmedeiros20@yahoo.com.br](mailto:arturmedeiros20@yahoo.com.br); [riabamarfh@hotmail.com](mailto:riabamarfh@hotmail.com)

<sup>2</sup>Embrapa Meio-Norte, Caixa Postal 01, CEP 64006-220, Teresina, PI. [kaesel@cpamn.embrapa.br](mailto:kaesel@cpamn.embrapa.br)

## Introdução

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é a leguminosa granífera, utilizada na alimentação humana, mais cultivada nas áreas semi-áridas do Nordeste brasileiro. É uma espécie rústica bem adaptada às condições de clima e solo da região e ao mesmo tempo possuidora de uma grande variabilidade genética, a qual a torna versátil, podendo ser usada em diferentes sistemas de produção, tradicionais ou modernos (FREIRE FILHO, 1998).

Estudos de divergência genética são importantes para o conhecimento da variabilidade genética das populações e possibilitam o monitoramento de bancos de germoplasma (CRUZ; CARNEIRO, 2003), pois geram informações úteis para preservação e uso dos acessos (TOQUICA et al., 2003). Esses estudos auxiliam a identificação de possíveis duplicatas, que segundo (VAN HINTUM; VISSEN, 1995) aumenta o trabalho do curador e reduz o espaço disponível para conservação de outras amostras, sem contribuir para o enriquecimento da variabilidade genética, e fornecem parâmetros para escolha de progenitores, que ao serem cruzados, possibilitam maior efeito heterótico na progênie, isto é, aumentam as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes. Tais estimativas são de grande utilidade nos programas de melhoramento (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Por isso os bancos de germoplasma são de suma importância, pois colocam à disposição dos pesquisadores ampla fonte de recursos genéticos, que podem fornecer genes que conferem adaptação a diferentes estresses abióticos e resistência a inúmeras pragas e doenças. Entretanto, os acessos conservados em bancos de germoplasma são pouco utilizados devido a uma série de dificuldades e deficiências, tais como falta de documentação, falta de descrição adequada e falta de avaliação das coleções, o que limita a ação de melhoristas (GEPTS, 2006).

O presente trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética de acessos da coleção de germoplasma de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte por meio de análises multivariadas.

## Material e Métodos

O experimento foi conduzido na Estação Experimental da Embrapa Meio-Norte em Teresina (PI) no ano agrícola de 2007/ 2008 em regime de sequeiro. Foram avaliados 16 acessos de feijão-caupi: 1 - BRS Novaera, 2 - BR3 Tracuateua, 3 - Cacheado Vagem Roxa, 4 - Vita 7, 5 - TVx 5058-09C, 6 - BRS Paraguaçu, 7 - IT82D-60, 8 - Inhuma, 9 - Canapu amarelo, 10 - MNC00-599F-9, 11 - Capela, 12 - Corujinha-CE, 13 - Vita-3, 14 - Pretinho, 15 - Rajado, 16 - BR14-Mulato

Na avaliação, utilizam-se descritores quantitativos e qualitativos relacionados à planta, à flor, à vagem, à semente, estabelecidos pelo IPGRI (Internacional Plant Genetic Resources Institute) (IPGRI, 1995), com modificações.

Os tratamentos foram dispostos em delineamento experimental de blocos completos casualizados, com quatro repetições. A parcela foi constituída por 10 plantas. O espaçamento entre fileiras e entre covas na fileira foi de 1,0m e 0,60m, respectivamente. A semeadura foi procedida manualmente e o desbaste foi realizado 15 dias após o plantio.

As análises estatísticas, tais como: análise de variância, cálculo da distância de Mahalanobis ( $D^2$ ) e método de otimização de Tocher, foram realizadas utilizando-se o programa computacional GENES (CRUZ, 2006).

### Resultados e Discussão

Na análise de variância univariada para os cinco descritores quantitativos analisados nos 16 acessos de feijão-caupi, pôde-se observar efeito significativo ( $P < 0,01$ ) para todos os caracteres, implicando na existência de variabilidade genética entre os acessos estudados.

Na análise da divergência genética, o caráter comprimento de vagem explicou 46,83% da variação total, segundo (SINGH, 1981). Por esse mesmo método verifica-se que a variável de menor importância foi o número de grãos por vagem, contribuindo com 5,43% da variação total (Tabela 1). Este fato evidencia a importância da utilização de técnicas multivariadas na identificação de caracteres, que realmente devem ser avaliados com base em um estudo prévio da sua contribuição para a variabilidade (PEREIRA, 1989).

A menor distância genética, com base nos descritores quantitativos, foi observada entre os genótipos Pretinho e BR14-Mulato, entretanto o par mais divergente foi Cacheado Vagem Roxa e Canapu Amarelo.

Na análise dos caracteres qualitativos os genótipos Vita-7 e Rajado apresentaram-se como os genótipos mais próximos geneticamente. Os pares de genótipos BR3 - Tracuateua e Capela, Cacheado Vagem Roxa e Canapu Amarelo, Cacheado Vagem Roxa e Vita3, Cacheado Vagem Roxa e BR14-Mulato, TVx 5058-09C e MNC00-599F-9, IT82D-60 e Capela, apresentam o maior grau de discordância, estes diferem em 21 dos 28 caracteres avaliados, sendo assim os mais distantes geneticamente. Tais informações podem ser úteis para programas de melhoramento genético, por fornecer subsídios para restringir o número de genitores a participarem dos cruzamentos e aumentando-se, conseqüentemente, a probabilidade de obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes.

**Tabela 1.** Contribuição relativa dos caracteres para divergência genética entre os acessos estudados segundo método de Singh (1981). Teresina-PI, 2007.

Variável	Valor em %
NDIF	14,22%
COMPV	46,83%
NGV	5,43%
P100G	24,52%
NVP	8,98%

Na análise de agrupamento para os caracteres quantitativos pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, obteve-se a formação de cinco grupos: Grupo 1- Pretinho, BR14 – Mulato, MNC00-599F-9, Vita 7, TVx 5058-09C, Corujinha-CE; Grupo 2- Capela, Rajado, Vita-3, Cacheado Vagem Roxa; Grupo 3- BRS Novaera, Inhuma, IT82D-60, BR3 Tracuateua; Grupo 4- Canapu Amarelo; Grupo 5- BRS Paraguaçu.

Já a análise de agrupamento feita com base nos caracteres qualitativos revelou existência de três grupos, o primeiro formado pelos genótipos Vita - 7, Rajado, BR14 – Mulato, Corujinha-CE , Vita - 3, Inhuma, Canapu amarelo, TVx 5058-09C, BRS – Novaera, BR3 - Tracuateua, BRS - Paraguaçu e Pretinho, o segundo grupo pelos genótipos MNC00-599F-9, Capela e Cacheado Vagem Roxa e terceiro grupo pelo genótipo IT82D-60. As significativas distâncias observadas inter e intragrupos (Tabela 2) ressaltam a importância para os programas de melhoramento, pelo possível aporte de novas combinações gênicas que estas podem proporcionar.

**Tabela 2.** Média das distâncias intra e intergrupos a partir dos cinco caracteres quantitativos avaliados nos 16 genótipos de feijão-caupi estudados, Teresina\_PI, 2007.

Grupos	1	2	3	4	5
1	44,3418				
2	109,7094	30,2896			
3	92,8047	127,3073	43,7733		
4	184,424	308,2343	73,4812	-	
5	68,3942	131,6844	84,5538	171,5901	-

### Conclusão

O comprimento de vagem é o caráter que mais contribui para a variação genética entre os genótipos, sendo os acessos Vagem Roxa e Canapu os mais contrastantes com base nos descritores quantitativos.

### 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](mailto:clp@cpamn.embrapa.br)). Avenida Duque de Caxias, 5650; Bairro Buenos Aires; 64006-220; Teresina-PI.

### Referências

- CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulação**. Viçosa, Editora UFV, 2006, 175 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. v. 2, 585 p.
- FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARRETO, P. D; SANTOS, C. A. F. Melhoramento genético de caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) na região do Nordeste. Melhoramento genético de caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) na região do Nordeste. In: QUEIROZ, M. A. de; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste**

**brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido; Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999.

GEPTS P. Plant genetic resources conservation and utilization: the accomplishments and future of a societal insurance policy. **Crop Science**, v. 46, p. 2278-2292, 2006.

IPGRI. **Descritores para *Capsicum* (*Capsicum* spp)**. Roma: IPGRI, 1995. 51 p.

PEREIRA, A. V. **Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. 1989. 180 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiróz”, Piracicaba.

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

TOQUICA, S. P.; RODRÍGUEZ, F.; MARTINEZ, E.; DUQUE, M. C.; TOHME, J. Molecular characterization by AFLPs of *Capsicum* germplasm from the Amazon department in Colombia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, n. 6, p. 639-647, 2003.

VAN HINTUM J. I. T.; VISSER D. L. Duplication within and between germplasm collections II. Duplication in four European barley collections. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 42, p.135-145, 1995.