

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM FEIJÃO-CAUPI

J. R. de ASSUNÇÃO FILHO¹, A. M. MEDEIROS¹, B. B. da SILVA¹, E. V. RODRIGUES¹, K. J. DAMASCENO-SILVA², M. M. ROCHA² e F. R. FREIRE FILHO²

Resumo - O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre acessos de feijão-caupi (*Vigna unguiculada* (L.) Walp.), por meio de caracteres morfoagronômicos, fundamentada em análise multivariada. Avaliaram-se 34 acessos do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, com base em cinco descritores morfoagronômicos, utilizando-se delineamento de blocos ao acaso com duas repetições e 16 plantas por parcelas. Foram avaliados os caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), comprimento das vagens (COMPV), número de grãos das vagens (NGV), peso de 100 grãos (P100G) e número de dias para a maturidade (NDM). Os dados obtidos foram submetidos à análise multivariada e a medida de dissimilaridade obtida pelo uso da distância de Mahalanobis (D^2). Observou-se que o NDM foi suficiente para explicar 29,99% da divergência entre os genótipos materiais. Os acessos 00-11-15-1 e VR-CE são os mais distantes geneticamente, e em relação aos demais, podendo ser usados em cruzamentos para aumentar a probabilidade de surgimento de genótipos superiores nas gerações segregantes.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, dissimilaridade, agrupamento

GENETIC DIVERGENCE IN COWPEA

Abstract – The objective of this research was estimate the genetic divergence among accessions of the cowpea (*Vigna unguiculada* (L.) Walp.) based on morphoagronomic traits, by multivariate analysis. Were evaluated 34 accessions of the Germplasm Active Bank from Embrapa Mid-North, based in 5 morphoagronomic descriptors. Was used a randomized block design with two replications and 16 plants per plot. The traits evaluated were days to flowering, length of pod, seeds of the pod, 100 grain weight and number of days to maturity. The data obtained were submitted at multivariate analysis and dissimilarity measure obtained by use distance Mahalanobis (D^2). The number of days to maturity explain 30% of the genetic divergence between the genotypes. The accessions 00 -11-15-1 and VR-CE were most distant genetically, and for other. The use these genotypes in crossings can to increases the probability of appearance of good genotypic combinations in segregant generations.

Keywords: *Vigna unguiculata*, dissimilarity, grouping

¹Universidade Federal do Piauí, CEP 64049-550, Teresina, PI. ribamarfh@hotmail.com

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

Introdução

A variabilidade genética é indispensável ao melhoramento por se constituir na matéria-prima do melhorista, é nesse contexto que estudos de divergência genética tornam-se importantes para o melhoramento. As informações geradas a partir de tais estudos, além de auxiliarem na identificação de possíveis duplicatas (FONSECA; SILVA, 1999), fornecem subsídios para a escolha de genitores, que quando cruzados, aumentam a probabilidade de se obter genótipos superiores nas gerações segregantes.

Para determinar a distância entre populações ou entre genótipos, vários métodos biométricos podem ser utilizados, dentre eles: análise multivariada, análise por componentes principais e variáveis canônicas, além de marcadores moleculares. A escolha do método depende da precisão desejada e dos recursos disponíveis ao pesquisador.

O fato de as análises multivariadas constituírem uma técnica econômica e de não exigirem nenhum trabalho adicional, a não ser o cálculo efetuado com dados experimentais, tem contribuído para que sejam usadas em pesquisas com várias culturas como *Euterpe oleracea* Mart. (OLIVEIRA et al., 2007.), *Abelmoschus* spp (MARTINELLO et al., 2002), *Capsicum* spp (SUDRÉ et al., 2005.)

O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre acessos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), por meio de cinco descritores quantitativos.

Material e Métodos

Foram utilizados 34 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] do Centro Pesquisa Agropecuária do Meio-Norte (CPAMN), da Embrapa, em Teresina, Piauí. São eles: 1) – 00-11-15-1, 2) - IT85F-1380, 3) - IT85F-2687, 4) - IT85F-2805, 5) - IT87D-697-2, 6) - IT89KD-245, 7) - IT89KD-349, 8) - IT92KD-263-4, 9) - IT92KD-266-2-1, 10) - IT96D-618, 11) - IT96D-733, 12) - IT97K-568-14, 13) - Melakh, 14) - Feijão de Corda, 15) - Branquinho, 16) - R.N. Corujinha, 17) - Malhadinho, 18) - SV Vagem Roxa, 19) - Feijão Catador, 20) - F. de Corda VR, 21) - Ipean V-69, 22) - Roxinho, 23) - Coquinho AM, 24) - Verdão, 25) - Mulato, 26) - VR-CE, 27) - Abafado, 28) - C. Mod. VR, 29) - 40 dias Enr., 30) - F. de Moita, 31) - TE-630, 32) - TE-895, 33) - TE-898 e 34) - BRS-Marataoã.

O delineamento utilizado foi em blocos ao acaso, com duas repetições. Foram colocadas 16 plantas por parcela, com espaçamento entre fileiras de 1,00m e dentro das fileiras de 0,25m, com uma planta por cova após o desbaste. Avaliaram-se os caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), a contar da data da semeadura; comprimento das vagens (COMPV), dados obtidos pela média de 10 vagens tomadas ao acaso da parcela; número de grãos por vagem (NGV), obtido a partir da média de vagens tomadas ao acaso da parcela; peso de 100 grãos (P100G); e número de dias para a maturidade (NDM), a contar da data da semeadura.

A análise dos resultados foi feita usando-se o programa computacional GENES (CRUZ, 1997). Todos os caracteres foram submetidos à análise multivariada. Para a quantificação da divergência genética foi adotado como medida de dissimilaridade a distância generalizada Mahalanobis (D^2). Para o agrupamento dos acessos em grupos similares foi utilizado o método de Tocher.

Resultados e Discussão

Os valores médios para os cinco caracteres analisados estão dispostos na Tabela 1.

Tabela 1. Valores médios⁽¹⁾ dos 34 acessos avaliados em relação ao número de dias para o início da floração (NDIF), ao comprimento das vagens (COMPV), ao número de grãos por vagem (NGV), ao peso de 100 grãos (P100G) e ao número de dias para a maturidade. Teresina-PI, 2008.

ACESSO	NDIF	COMPV	NGV	P100G	NDM
1	39,50 a	17,80 b	9,15 a	25,65 a	61,50 a
2	38,50 a	15,77 b	11,00 a	11,50 b	61,50 a
3	41,00 a	15,24 b	10,85 a	16,80 b	63,00 a
4	40,50 a	13,35 b	12,80 a	10,90 b	61,50 a
5	40,00 a	16,50 b	12,70 a	19,10 a	63,00 a
6	42,00 a	17,71 b	11,25 a	22,70 a	63,00 a
7	38,50 a	16,67 b	6,45 a	16,75 b	60,00 a
8	44,50 a	19,72 a	12,75 a	16,00 b	63,00 a
9	39,50 a	14,95 b	8,15 a	16,95 b	63,00 a
10	41,50 a	17,99 b	11,05 a	20,75 a	63,00 a
11	50,00 a	16,97 b	11,55 a	16,75 b	73,00 b
12	46,50 b	16,04 b	12,20 a	17,90 a	71,00 b
13	37,50 a	17,75 b	11,75 a	19,65 a	60,00 a
14	50,50 a	20,40 a	6,73 a	20,35 a	74,50 b
15	43,00 a	21,83 a	16,10 a	16,30 b	63,00 a
16	42,00 a	23,08 a	14,75 a	22,10 a	67,00 a
17	38,00 a	17,60 b	14,10 a	16,70 b	61,50 a
18	47,50 b	15,25 b	13,75 a	12,50 b	74,50 b
19	47,00 b	19,12 a	15,25 a	13,40 b	63,00 a
20	47,50 b	19,07 a	16,60 a	15,20 b	71,00 b
21	42,50 a	19,14 a	14,95 a	14,90 b	67,00 a
22	41,50 a	20,75 a	13,35 a	15,25 b	67,00 a
23	47,00 b	16,25 b	11,70 a	14,75 b	62,50 a
24	49,00 b	20,88 a	14,60 a	15,80 b	74,50 b
25	43,50 a	20,74 a	13,15 a	19,05 a	72,50 b
26	43,50 a	21,85 a	15,25 a	13,65 b	68,50 b
27	46,50 b	18,18 b	13,55 a	13,50 b	74,00 b
28	49,50 b	19,75 a	15,20 a	19,05 a	70,50 b
29	41,50 a	18,54 a	14,65 a	14,80 b	60,00 a
30	43,00 a	19,72 a	14,95 a	14,55 b	63,00 a
31	43,50 a	21,00 a	13,40 a	14,55 b	63,00 a
32	49,50 b	19,52 a	12,15 a	19,70 a	75,00 b
33	42,00 a	20,91 a	15,55 a	18,65 a	63,00 a
34	46,50 b	18,65 a	15,30 a	16,90 b	67,00 a

¹ Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente a 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

O maior valor de divergência genética ($D^2=107,6$) ocorreu entre os acessos 1) 00-11-15-1 e 26) VR-CE. Com base nesta divergência e nos valores médios, estes genótipos são os mais indicados para serem cruzados em etapas iniciais de um programa de melhoramento, esperando-se que a divergência estimada aumente a probabilidade de obtenção de híbridos de maior efeito heterótico e

genótipos superiores em gerações segregantes. Estudo semelhante foi realizado por Bertine et al (2009), que estudando a divergência genética entre 16 acessos do banco de germoplasma de feijão-caupi da UFC, obteve o máximo valor de divergência para os acessos CE-232 e CE-172 ($D^2 = 2239,30$).

Observou-se que o caractere NDM contribuiu com 30% da divergência genética existente entre os acessos pelo método de Singh (1981), seguidos pelos caracteres COMPV e P100G, com contribuição de 25,35% e 24,86%, respectivamente, indicando presença de variabilidade para essas caracteres, NDIF contribuiu com 14,96% e NGV com 4,83%.

Oliveira et al. (2003), estudando a divergência genética em 16 cultivares de feijão-caupi, por meio de 10 descritores morfoagronômicos, observaram que os caracteres que mais contribuíram para divergência genética foram o comprimento da vagem (36,87%), o peso de 100 sementes (19,21%) e o número de sementes/vagem (9,62%). Observa-se que os caracteres COMPV e P100G, juntos também são capazes de explicar considerável parte da divergência existente neste caso (56,09%), indicando a existência variabilidade genética para estes caracteres.

O agrupamento de Tocher permitiu a distribuição dos acessos em 12 grupos (Tabela 2). Observou-se que os acessos 16, 7, 18, 26,14 e 1, ficaram isolados em grupos nos grupos VII, VIII, IX, X, XI e XII, respectivamente. Isto demonstra que esses acessos apresentam considerável divergência genética.

Tabela 2. Grupos formados de acordo com o método de Tocher com os 34 acessos de feijão-caupi. Teresina-PI, 2008.

Grupos	Acessos
I	3 – 9 – 5 – 10 – 13 – 6 – 17
II	15 – 30 – 31 – 8 – 19 – 29 – 33 – 22 – 21
III	11 – 32 – 28 – 12
IV	20 – 27 – 24 – 25
V	2 – 4
VI	23 – 34
VII	16
VIII	7
IX	18
X	26
XI	14
XII	1

Conclusão

Há considerável divergência genética entre os 34 acessos. Os acessos 00 -11-15-1 e VR-CE são os mais divergentes.

Os caracteres que apresentaram maior contribuição para a divergência genética entre os acessos foram: comprimento da vagem e peso de 100 de grãos.

Agradecimentos

Ao CNPq pela bolsa concedida.

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

- BERTINI, C. H. C. M.; TEÓFILO, E. M.; DIAS, F. T. C. Divergência genética entre acesso de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 40, n.1, p. 99-105, 2009.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 1997. 442 p.
- FONSECA, J. R.; SILVA, H. T. Identificação de duplicidades de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 34, n. 3, p. 409-414, 1999.
- MARTINELLO, G. E.; LEAL, N. R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. PEREIRA, M. G.; DAHER, R. F. Divergência genética entre acesso de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 20, n. 1, p. 52-28, 2002.
- OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 5, p. 605-611, 2003.
- OLIVEIRA, M. S. P.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Divergência genética entre acessos de açaizeiro fundamentada me descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 4, p. 501-506, 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.
- SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 23, n.1, p. 22-27, 2005.