

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM FEIJÃO-CAUPI PRECOCE, DE PORTE ERETO E CRESCIMENTO DETERMINADO¹

A. A. DE C. BEZERRA², C. J. da ANUNCIAÇÃO FILHO³, F. R. FREIRE FILHO⁴ e V. Q. RIBEIRO⁴

Resumo - Foram estudados nove caracteres em 32 genótipos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] com o objetivo de estimar a divergência genética através de análises multivariadas visando auxiliar a seleção de parentais. O ensaio foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa - Centro de Pesquisa Agropecuária do Meio-Norte, em Teresina, PI, utilizando-se o delineamento experimental de blocos completos casualizados com seis repetições. Os dados foram colhidos nas duas fileiras centrais, subtraídas das duas primeiras covas nas duas extremidades. O genótipo IT 81D - 1069 foi o mais divergente, dentre todos, apresentando D² máxima com 50% dos materiais avaliados. Cruzamentos entre os genótipos dos grupos II e VIII podem ser bastante promissores e com alta probabilidade para obtenção de recombinantes desejáveis para porte, precocidade e rendimento de grãos.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, análises multivariada, seleção de parentais.

GENETIC DIVERGENCE IN EARLY MATURING, ERECT HABIT AND DETERMINE GROWTH COWPEA GENOTYPES

Abstract - Nine characteristics were studied in thirty-two cowpea genotypes [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] to estimate the genetic divergence through multivariate analysis seeking to base the selection of parents. The experiment was carried out in the experimental field at Embrapa - Centro de Pesquisa Agropecuária do Meio-Norte in Teresina, Piauí, Brazil. A complete randomized blocks design with six replications was used. The data were collected in tow central rows sbracted two hole at the extremity. The genotype IT 81D -1069 were the more divergent of all analyzed, presenting a maximum D² with 50% of the analyzed material. The crosses between the genotypes from the group II and VIII are the most promising and with a high probability to produce good recombinants to the erect port, early maturing and grain yield.

Keywords: *Vigna unguiculata*, multivariate analysis, selection of parents.

¹ Extraído da Dissertação de Mestrado apresentada pelo primeiro autor à Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE)

² UESPI, Av. Senador Helvídio Nunes, s/n, CEP 64600-000, Picos, PI. E-mail: aecio@uespi.br

³ UFRPE, Rua Dom Manuel de Medeiros s/n. Dois Irmãos, CEP 52171-900 Recife, PE.

E-mail: clodoaldo.anunciacao@bol.com.br

⁴ Embrapa Meio-Norte, Caixa Postal 01, CEP 64006-220, Teresina, PI. E-mail: freire@cpamn.embrapa.br; valdenir@cpamn.embrapa.br

Introdução

Na região Nordeste, há uma demanda crescente dos produtores de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] por cultivares melhorados com características que atendam às necessidades do processo de modernização dos sistemas de produção, principalmente para cultivos irrigados e de safrinha. Dentre essas características, a qualidade e o alto rendimento de grãos, a precocidade, o porte ereto e o crescimento determinado são de suma importância. Nesse contexto, a identificação de parentais divergentes, portadores de uma ou mais destas características abre perspectivas para a realização de cruzamentos complementares visando à obtenção de recombinantes com características agrônômicas e de arquitetura que possibilitem além de altos rendimentos, a mecanização dos tratamentos culturais, inclusive a colheita.

Em programas de melhoramento, combinações promissoras de parentais a “*priori*”, geneticamente divergentes, possibilitam a obtenção de populações segregantes com ampla variabilidade, o que aumenta a probabilidade de recuperação de linhagens superiores para as características de interesse. Assim, as análises de divergência genética têm se constituído num importante instrumento, auxiliando os fitomelhoristas na quantificação da variabilidade genética e na identificação das características com maior contribuição para a dissimilaridade estimada (Cruz & Regazzi, 1994).

Vários métodos multivariados podem ser aplicados para predição da divergência genética. Dentre eles, destacam-se a análise por componentes principais e por variáveis canônicas, que avaliam a similaridade por meio de uma dispersão gráfica e os métodos aglomerativos, que dependem fundamentalmente de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, como a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, dentre outras (Cruz & Regazzi, 1994).

O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre 32 genótipos de feijão-caupi através de análises multivariadas visando auxiliar a seleção de parentais.

Material e Métodos

O ensaio foi conduzido em área experimental da Embrapa - Meio-Norte, em Teresina, PI, situado a uma latitude de 05° 05' S, longitude de 42° 48' W e a 72 m de altitude, em sistema irrigado, e em Neossolo Flúvico (Embrapa, 1999).

Trinta e dois genótipos de feijão-caupi obtidos junto ao Banco de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte compuseram os tratamentos e foram avaliados utilizando-se o delineamento estatístico de blocos completos casualizados com seis repetições. Cada parcela, com uma área total de 8,0 m², foi composta por quatro fileiras de 4,0 m de comprimento, sendo o espaçamento entre fileiras de 0,50 m com 10 plantas por metro linear. As duas fileiras centrais, subtraídas das duas primeiras covas em cada extremidade compuseram a área útil da parcela, de 3,6 m².

Foram avaliadas em seis plantas individuais, escolhidas ao acaso, as variáveis: floração inicial (FI); ângulo de inserção dos ramos laterais (AIRL); comprimento do ramo principal (CRP); número de nós no ramo principal (NNRP); número de vagens por planta (NVP); comprimento de vagem (CPV) e número de grãos por vagem (NGV); e em nível de área útil, as variáveis: peso de cem grãos (P100G) e rendimento de grãos (REND).

As análises foram realizadas utilizando-se o programa computacional GENES (Cruz, 1997).

Resultados e Discussão

As distâncias D^2 mínimas e máximas entre os genótipos são apresentadas na Tabela 1. Com relação às distâncias D^2 máximas, observou-se que 50,0% dos genótipos apresentaram suas respectivas D^2 máximas quando combinados com o genótipo IT 81D- 1069, que se constitui no genótipo mais divergente dentre todos.

Tabela 1. Distâncias D^2 de Mahalanobis máximas e mínimas entre os 32 genótipos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2006.

Genótipos	Distância D^2 entre genótipos			
	Mínimas		Máximas	
1-Tvu 249	26,5	(26) ¹	237,0	(8) ²
2-Tvu 1489	5,0	(24)	232,9	(3)
3-Tvx 3038-05D	39,0	(32)	245,0	(8)
4-Tvx 5058-09C.2	17,5	(25)	122,7	(8)
5-Tvx 1836-013G	27,7	(29)	215,8	(28)
6- IT 81D-1032	4,0	(15)	190,5	(18)
7- IT 81D-1064	5,1	(15)	219,6	(18)
8- IT 81D-1069	16,8	(7)	313,2	(18)
9- IT 81D-1073	15,9	(7)	154,4	(18)
10- IT 81D-1332	9,6	(20)	114,1	(3)
11- IT 82G-9	30,8	(13)	211,8	(8)
12- IT 82E-49	1,3	(14)	163,6	(8)
13- IT 82E-32	20,0	(17)	168,7	(8)
14- IT 82D-60	1,3	(12)	169,8	(8)
15- IT 82D-106G	4,0	(6)	206,7	(18)
16- IT 82D-784	6,3	(31)	141,3	(8)
17- IT 82D-849	11,5	(16)	159,9	(8)
18- IT 82D-889	47,9	(16)	313,2	(8)
19- IT 82D-611-3	25,0	(29)	189,4	(8)
20- IT 87D-829-5	9,6	(10)	124,4	(18)
21- IT 87D-879-1	24,3	(16)	189,4	(3)
22- IT 87D-939-1	20,3	(10)	149,8	(8)
23- IT 87D-1627	18,7	(9)	149,2	(18)
24- Califórnia 779	5,0	(2)	212,7	(3)
25- Califórnia 781	17,5	(4)	175,9	(8)
26- Princess Ann	7,4	(12)	165,9	(8)
27- AuBe Sister	7,0	(12)	157,5	(8)
28- Au-94-M-OB-816	52,6	(32)	215,8	(5)
29- AR-87-453	10,2	(16)	136,5	(8)
30- TE-93-242-10E-8	28,8	(9)	146,2	(28)
31- Br-9 Longá	6,3	(16)	152,9	(28)
32- Br-12 Canindé	34,1	(13)	187,9	(5)
Do conjunto de mínimas	1,3	(12 e 14)	52,6	(28 e 32)
Do conjunto de máximas	114,1	(10 e 3)	313,2	(8 e 18)

¹Número dos genótipos de maior similaridade

²Numero dos genótipos de maior dissimilaridade

A grande amplitude de D^2 e os seus altos valores estimados para a maioria dos pares de genótipos, conforme Bezerra (1997), revelam a grande variabilidade genética existente nesse grupo de materiais e abre perspectivas para a seleção de parentais que comporão uma população portadora das características desejáveis e com uma ampla base genética.

Na análise de agrupamento, o método de otimização de Tocher baseado na distância D^2 de Mahalanobis, possibilitou a partição dos 32 genótipos em nove grupos homogêneos e mutuamente exclusivos (Tabela 2). O grupo I é constituído por dezessete genótipos, sendo doze originários de Nigéria, quatro dos E.U.A e um do Brasil, o grupo III é composto por um genótipo nigerianos e um brasileiro e o grupo IV, por um genótipo americano e um brasileiro. Estes resultados evidenciam que a diversidade geográfica não é necessariamente, sinônima de divergência genética. Assim, é possível que a erosão genética e a seleção em diferentes ambientes tenham causado maior divergência genética do que a distância geográfica. Reganyaki e Sree Rengasamy (1991) e Sonowane e Patil (1991) obtiveram resultados semelhantes.

Tabela 2. Agrupamento dos 32 genótipos de feijão-caupi através do método de Otimização de Tocher em função da Distância Generalizada de Mahalanobis. Teresina, PI, 2006.

Grupos	Genótipos	Quantidade de genótipos	Origem
I	(1-Tvu 249 4-Tvx 5058-09C.2 10-IT 81D-1332 12-IT 82E-49 13-IT 82E-32 14-IT 82D-60 16-IT 82D-784 17-IT 82D-849 19-IT 82D-611-3 20-IT 87D-829-5 21-IT 87D-879.1 22-IT 87D-939.1) ¹ (24-Califórnia 779 26-Princess Ann 27-AUBe Sister 29-AR-87-453) ² e 31-Br-9 Longá ³	17	¹ NIGÉRIA ² E.U.A ³ BRASIL
II	6-IT 81D-1032 7-IT 81D-1064 8-IT 81D-1069 9-IT 81D-1073 15-IT 82D-106G 23-IT 87D-1627	6	NIGÉRIA
III	3-Tvx 3038-05D ¹ e 32-Br-12 Canindé ³	2	¹ NIGÉRIA, ³ BRASIL
IV	25-Califórnia 781 ² e 30-TE-93-242-10E-8 ³	2	² E.U.A, ³ BRASIL
V	11-IT 82G-9	1	NIGÉRIA
VI	5-Tvx 1836-013G	1	NIGÉRIA
VII	2-Tvu 1489	1	NIGÉRIA
VIII	18-IT 82D-889	1	NIGÉRIA
IX	28-AU-94-M-OB-816	1	E.U.A

As médias intragrupos (Tabela 3) para rendimento de grãos nos grupos I (2.114,1), II (2.885,3), IV (2.274,2), VII (2.532,9) e IX (2.013,6), que detêm 84% dos genótipos avaliados, demonstram o elevado potencial produtivo dos mesmos. O grupo II apresentou a maior média para REND e médias altas para as variáveis NVP (14,1), NGV (11,9) e P100G (19,9), que são importantes componentes da produção de grãos, e juntamente com o grupo VIII, o mais precoce, com média de 33,6 dias para FI, apresentaram valores médios para AIRL de 55,6 e 55,1 graus e para CRP de 61,8 e 76,5 cm, respectivamente. Assim, os genótipos desses dois grupos podem ser caracterizados como de porte ereto com guias curtas. Considerando-se os dados descritos para os grupos II e VIII e o alto valor de D^2 entre os

referidos grupos, sugere-se o cruzamento dos intergrupos como os mais promissores e com maior probabilidade para a obtenção de recombinantes com características de porte, precocidade e potencial de rendimento que atendam aos objetivos preestabelecidos.

Tabela 3. Médias intragrupos os nove caracteres dos 32 genótipos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2006.

Variáveis	Grupos								
	I (17) ¹	II (6)	III (2)	IV (2)	V (1)	VI (1)	VII (1)	VIII (1)	IX (1)
FI (dia)	33,8	44,0	40,4	41,4	35,7	39,1	37,1	33,6	35,9
CRP (cm)	90,0	76,5	82,3	104,3	75,3	109,7	131,6	61,8	97,8
NNRP	13,7	17,0	15,1	14,2	12,6	13,5	13,1	10,8	18,7
NRL	2,2	1,8	3,3	2,9	1,8	2,2	1,3	2,4	1,4
AIRL (grau)	56,9	55,1	48,1	43,9	60,8	50,0	57,9	55,6	43,1
NVP	12,7	14,1	13,8	17,7	13,8	9,0	13,5	10,6	13,3
CPV (cm)	16,1	15,9	12,2	15,7	13,6	20,4	15,0	20,9	12,4
NGV	11,1	11,9	12,4	12,8	13,1	11,5	8,8	15,1	11,7
P100G (g)	16,6	19,9	10,4	16,3	14,5	18,3	21,0	11,7	15,6
REND (kg/ha)	2114,1	2885,3	1797,7	2274,2	1957,4	1794,7	2532,9	1850,6	2013,6

¹Quantidade de genótipos em cada grupo.

Conclusões

Os genótipos apresenta uma ampla variabilidade genética para as características estudadas.

O genótipo IT 81D – 1069 é o mais divergente, dentre todos, apresentando D² máxima com 50% dos materiais avaliados.

Os cruzamentos entre os genótipos dos grupos II e VIII podem ser bastante promissores e com alta probabilidade para obtenção de recombinantes desejáveis para porte, precocidade e rendimento de grãos.

Referências

- BEZERRA, A.A. de C. Variabilidade e diversidade genética em caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] precoce, de crescimento determinado e porte ereto e semi-ereto. 1997. 105 f. Dissertação (Mestrado em Botânica – Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES**: Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV. 1997. 442p.
- EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos (Rio de Janeiro, RJ). **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Brasília: Embrapa-SPI, 1999. 412p.
- RENGANAYAKI, K.; SREE RENGASAMY, S.R. Genetic divergence in vigna species. **Indian Journal of Pulses Research**, New Delhi, v.4, n.2, p.159-164, 1991.
- SONAWANE, M.N.; PATIL, F.B. Genetic divergence in forage cowpea. **Journal of Maharashtra Agricultural Universities**, Poona, v. 16, n. 2, p. 167-169, 1991.