

Divergência genético-morfológica entre genótipos de feijão-caupi

Assunção Filho, JR¹; Damasceno e Silva, KJ²; Medeiros, AM¹; Rocha, MM²; Freire Filho, FR²

¹Iniciação Científica - Universidade Federal do Piauí

²Embrapa Meio-Norte
kaesel@cpamn.embrapa.br

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

A análise da divergência genética constitui uma das etapas mais importantes do melhoramento, visto que as cultivares geneticamente mais distantes podem apresentar um maior número de alelos diferentes, aumentando-se as chances da obtenção de alelos favoráveis. Objetivou-se neste estudo estimar a divergência genética entre genótipos de feijão-caupi por meio de análise multicategórica. Foram avaliados dezesseis genótipos (BRS-Novaera, BR3-Tracuateua, Cacheado Vagem Roxa, Vita-7, TVx 5058-09C, BRS-Paraguaçu, IT82D-60, Inhuma, Canapu amarelo, MNC00-599F-9, Capela, Corujinha-CE, Vita-3, Pretinho, Rajado e BR14-Mulato) por meio de descritores morfológicos que descrevem aspectos relacionados à 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, do cálice, da asa, da quilha e do estandarte, e tipo de inflorescência), à vagem (cor e uniformidade da vagem madura, cor e uniformidade da vagem imatura, distribuição das vagens na copa da planta e forma da vagem,) e semente (cor da semente, classe e subclasse comercial, cor do cotilédono, tipo de tegumento, brilho da semente, cor do anel do hilo, cor do halo, quanto à presença do halo e forma da semente). O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com quatro repetições. Cada parcela foi composta de uma linha de seis metros e um total de dez plantas por linha. O espaçamento entre linhas foi de 1,0m. Para a análise das variáveis multicategóricas foram considerados os dados de moda. A característica que apresentou maior variação entre os genótipos foi a cor do grão, seguida das características subclasse comercial e cor da vagem madura. As cores variando desde a cor branca à preta. Os genótipos Vita-7 e Rajado apresentaram a maior concordância de valores, diferindo em apenas cinco (17,85%) dos 28 caracteres analisados, revelando-se assim, os mais próximos geneticamente. Os 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, apresentaram o maior grau de discordância, tendo em vista que diferiram em 21 (75%) dos 28 caracteres avaliados, revelando-se assim, os mais distantes geneticamente. A análise de agrupamento feita de acordo com o método de Tocher revelou existência de três grupos: Grupo1- Vita-7, Rajado, BR14-Mulato, Corujinha-CE, Vita - 3, Inhuma, Canapu amarelo, TVx 5058-09C, BRS-Novaera, BR3-Tracuateua, BRS-Paraguaçu e Pretinho; Grupo2- MNC00-599F-9, Capela e Cacheado Vagem Roxa; Grupo3- IT82D-60. Os genótipos estudados apresentaram elevado grau de divergência genética para os caracteres considerados, demonstrando a alta variabilidade e o grande potencial para a identificação de parentais promissores para compor programas de cruzamento.

Orgão financiador: EMBRAPA.