

VARIABILIDAD ENTRE GENOTIPOS DE FRIJOL-CAUPI OBTENIDA POR MARCADORES MORFOAGRONÓMICOS

K. J. Damasceno-Silva¹, M. Bandeira-Sousa², C. J. Pires², J. D. L. Silva², L. C. B. Carvalho², M. M. Rocha¹

¹ Pesquisador, EMBRAPA Meio-Norte, kaesel@cpamn.embrapa.br

² Universidade Federal do Piauí

Palabras clave: *Vigna unguiculata*, diversidad genética

Introducción

Las poblaciones de los trópicos dependen de las leguminosas como fuente de proteínas y minerales en sus dietas diarias. El frijol-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) es una leguminosa cultivada de amplia adaptación y su cultura muestra un aumento progresivo de la producción desde 1961 y mucho mayor en la última década en comparación con otras leguminosas. En la última década, la producción del frijol-caupi aumentó 73%, mientras que el aumento en otras culturas fueron de cero a 40% (Singh BB.2011).

Objetivos

Este estudio tuvo como objetivo la caracterización morfoagronómica de 82 genotipos de frijol-caupi y estimar la diversidad genética entre ellos.

Metodología

El ensayo se llevó a cabo en el área experimental de EMBRAPA Medio-Norte, en la ciudad de Teresina, PI, O ensaio foi desenvolvido no Campo Experimental da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, a partir de octubre 2010-enero 2011. Hemos utilizado 82 genotipos de frijol-caupi, siendo un cultivar criollo, ocho cultivares mejorados, treinta y un líneas y 42 accesos del Banco de Germoplasma activo de EMBRAPA Medio-Norte.

El diseño experimental adoptado fueron bloques al azar con dos repeticiones. Las parcelas fueron constituidas de una hilera de 3,0 m cada una. El espaciamiento fue de 1,0 m entre hileras y 0,3 m entre plantas.

Para la caracterización morfoagronómica se midieron los siguientes caracteres: longitud (CV) y el peso de las vainas (PV), número (GNV) y el peso de granos por vaina (PGV), peso de cien granos (P100G), producción por parcela (PROD), longitud del foliolo terminal (CFT) y el ancho de foliolo terminal (LFT). Los caracteres CV, PV, GNV y PGV se obtuvieron a partir de un muestreo aleatorio de diez vainas.

Los datos obtenidos fueron sometidos a análisis de varianza univariado y análisis multivariado. Para obtener la matriz de disimilitudes se utilizó la distancia de Mahalanobis y la agrupación se ha realizado mediante el método UPGMA. Se estimó la heredabilidad y la contribución relativa de los caracteres a la divergencia (S.j) -Singh (1981) para cada caracter.

Los análisis genético-estadístico se realizaron con la ayuda del "software" GENES (Cruz, 2008).

Resultados y discusión

La prueba de F ($P < 0,05$), presentada en el Cuadro 1, reveló efectos significativos para todos los caracteres con excepción de la longitud del foliolo terminal, lo que indica la posibilidad de seleccionar genotipos superiores de los caracteres en cuestión. Las heredabilidades obtenidas fueron: 84.9% para CV, 75.0% para PV, 50.1% para NGV, 70.2% para PGV, 86.7% para P100G, 73.5% para PROD, 22.0 % para CFT y 32.2% para LFT. Excepto para los caracteres GNV, CFT y LFT, las heredabilidades pueden ser consideradas altas, destacando la posibilidad de ganancia genética con la selección. Matos Filho 2009, en sus estudios con la evaluación de las líneas parentales y progenies de las generaciones F_3 y F_4 encontró valores entre 49.86% y 63.82%, que es moderado para los caracteres P100G, NGV y PROD. El valor mínimo y máximo del valor de disimilitud obtenido fue 1.19 entre los genotipos MNCO3-737F-5-9 y MNCO3-737F-5-11, lo que indica una gran semejanza entre ellos para los caracteres evaluados, y 213.06 entre los genotipos BRS-ITAIM y TE-MNC-259, que los identifica como el par más divergente de los genotipos evaluados, respectivamente. Los caracteres que más han contribuido a la divergencia fueron: P100G (44.87%), CV (27.44%) e producción por parcela (8.74%). Después del agrupamiento fue posible visualizar una clara distinción entre los genotipos de porte semi-erecto y genotipos de porte semi-prostrado.

Cuadro 1. Análisis de varianza en bloques al acaso, heredabilidad y contribución relativa de los caracteres para la divergencia - Singh (1981) en experimento hecho en Teresina, PI, 2011.

F.V.	GL	Cuadrados medios							
		C10V	P10V	NG10V	PG10V	P100G	PROD	CFT	LFT
Bloques	1	8.57	48.71	2.76	23.88	0.14	3862.73	16.99	3.07
Genotipos	81	11.41 **	100.36 **	4.65 **	67.11 **	28.50 **	26235.27 **	1.58 ^{ns}	1.10 *
Error	81	1.72	25.09	2.32	19.97	3.77	6964.92	1.23	0.69
Media		18.53	28.99	13.92	22.83	16.12	162.48	9.38	7.04
CV(%)		7.08	17.28	10.95	19.57	12.04	51.36	11.88	11.86
h^2		84.91	75.00	50.11	70.23	86.77	73.45	22.02	37.23
S.j		27.44	5.13	2.25	1.49	44.87	8.74	4.10	5.96

** y * significativos a 1 e 5% de probabilidad, respectivamente, por la prueba F y ^{ns} no significativo, por la prueba F.

Conclusiones

Hay una amplia variación fenotípica entre los genotipos de los caracteres analizados, la cual resulta en variabilidad genética que puede ser explotada por la selección originando progreso genético.

Bibliografía

Cruz, C. D. 2008. Programa Genes: Biometria. Viçosa: Editora UFV. 585 p.
Matos Filho, C. H. A.; Gomes, R. L. F.; Rocha, M. M.; Freire Filho, F. R.; Lopes, A. C. A. 2009. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. Ciência Rural, Santa Maria. 348-354 p.

Singh, B. B. 2011. Genética e melhoramento do feijão-caupi - uma perspectiva histórica. *In: IV Reunião de Biofortificação no Brasil. Anais...* Embrapa Meio-Norte, Teresina. CD ROM

Singh, D. 1981. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*. V. 41, n.1, p. 237-245.