



CARACTERIZAÇÃO DE SUBAMOSTRA DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.) POR MEIO DE ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

JOSÉ RIBAMAR DE ASSUNÇÃO FILHO¹; JOSILANE SOUZA DA PENHA²; MÁRCIA ROCHA FERREIRA³; ANGELA CELIS DE ALMEIDA LOPES⁴; REGINA LUCIA FERREIRA GOMES⁵; KAESEL JACKSON DAMASCENO E SILVA⁶;
1,2,3,4,5. UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ, TERESINA, PI, BRASIL; 6. EMBRAPA MEIO-NORTE, TERESINA, PI, BRASIL;
josilane.penha@bol.com.br

Resumo: O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) tem recebido pouca atenção por parte dos órgãos de pesquisa, resultando num limitado conhecimento das suas características. Mais informação sobre o germoplasma disponível pode ser adquirido por meio da devida caracterização, para isso, o uso de técnicas multivariadas torna-se uma poderosa ferramenta. A caracterização morfoagronômica das subamostras foi feita por meio da análise de componentes principais para os caracteres número de dias para o florescimento, número de dias até a maturidade, número de vagens por planta, comprimento da vagem, largura da vagem, espessura da vagem, número de lóculos por vagem, número de sementes por vagem, peso de cem sementes e produção de grãos por planta, sendo estes caracteres coletados tanto considerando a média da subamostra quanto o valor unitário da planta. Observou-se que os três primeiros componentes principais explicaram 74,57% da variação e que a maior parte da variância existente está contida nos caracteres associados à produção, possibilitando assim, promover seleção dentro do germoplasma estudado para estes caracteres.

Palavras-chave: diversidade genética, seleção de plantas e análise multivariada.

Introdução

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma das cinco espécies do gênero *Phaseolus* explorada comercialmente, com potencial para fornecer proteína vegetal e a segunda leguminosa de maior importância do gênero (MAQUET et al., 1999). Contudo, há a necessidade de se gerar informação sobre o germoplasma disponível para uma melhor utilização do mesmo, e este conhecimento pode ser adquirido por meio da devida caracterização. Dentre as maneiras de se caracterizar quanto a diversidade genética, estão as técnicas multivariadas, que consiste em avaliação simultânea de vários caracteres que permitem inúmeras inferências a partir do conjunto de dados existentes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004), e tem gerado informações importantes para o melhoramento e manutenção dos recursos genéticos vegetais.



Assim, no presente estudo objetivou-se estudar subamostras de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), por meio de caracteres morfoagronômicos e os analisando de maneira multivariada, a fim de verificar a diversidade existente no germoplasma estudado.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido na área experimental do Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, no período de janeiro a setembro de 2010, sendo avaliadas 48 variedades crioulas Boca-de-moça, são elas: 1) UFPI 650, 2) UFPI 651, 3) UFPI 652, 4) UFPI 653, 5) UFPI 654, 6) UFPI 655, 7) UFPI 656, 8) UFPI 657, 9) UFPI 658, 10) UFPI 659, 11) UFPI 661, 12) UFPI 662, 13) UFPI 663, 14) UFPI 664, 15) UFPI 665, 16) UFPI 666, 17) UFPI 667, 18) UFPI 668, 19) UFPI 669, 20) UFPI 670, 21) UFPI 672, 22) UFPI 673, 23) UFPI 674, 24) UFPI 675, 25) UFPI 677, 26) UFPI 678, 27) UFPI 679, 28) UFPI 680, 29) UFPI 681, 30) UFPI 682, 31) UFPI 683, 32) UFPI 684, 33) UFPI 685, 34) UFPI 686, 35) UFPI 687, 36) UFPI 689, 37) UFPI 680, 38) UFPI 691, 39) UFPI 692, 40) UFPI 693, 41) UFPI 694, 42) UFPI 695, 43) UFPI 696, 44) UFPI 697, 45) UFPI 698, 46) UFPI 701, 47) UFPI 702, 48) UFPI 705.

As subamostras foram avaliadas considerando-se a média padronizada obtida para os caracteres número de dias para o florescimento, número de dias até a maturidade, número de vagens por planta, comprimento da vagem, largura da vagem, espessura da vagem, número de lóculos por vagem, número de sementes por vagem, peso de cem sementes e produção de grãos por planta. Cada parcela foi constituída por uma linha de 7,5 m, com espaçamento de 1,5 m x 1,5 m, sendo utilizada uma planta por cova após desbaste.

As análises estatísticas dos dados foram realizadas utilizando-se os programas computacionais SAS (SAS INSTITUTE INC, 1989).

Resultados e Discussão

Verificou-se que os três primeiros componentes principais explicaram 74,57% da variação (Tabela 1). Apesar de existir um consenso de que o ideal é a utilização dos primeiros componentes principais quando esses envolvem pelo menos 80% da variação total (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004), há estudos em que mesmo onde esse limite não é atingido, a análise tem se mostrado eficaz na avaliação da diversidade genética (RODRIGUES et al., 2002).



De acordo com os valores dos autovetores associados a cada componente principal (dados não mostrados), verificou-se que os caracteres comprimento da vagem (0,43), largura da vagem (0,38) e produção de grãos da parcela (0,37), foram os mais influentes na formação do primeiro componente, indicando que este representa os componentes de produtividade.

Tabela 1 Variância (autovalores) de cada componente principal e sua importância em relação à variância total avaliados em 48 populações de feijão-fava. Teresina - PI, 2010.

Componente	Variância	Variância (%)	Variância acumulada (%)
1	4,35	43,48	43,48
2	1,79	17,87	61,35
3	1,32	13,22	74,57
4	0,83	8,30	82,87
5	0,63	6,30	89,17
6	0,39	3,90	93,07
7	0,31	3,10	96,17
8	0,19	1,93	98,10
9	0,13	1,33	99,43
10	0,06	0,57	100

Percebeu-se também a elevada influência dos caracteres número de dias para o início da floração e número de dias até a maturidade no componente principal 2, o que permite inferir que este componente representa o ciclo da cultura. Assim, utilizando esses dois componentes, pode-se construir um gráfico no qual é possível inserir um genótipo, e inferir sobre sua produção e ciclo concomitantemente.



Os componentes principais, autovalores associados a eles e algumas das populações estudadas que merecem destaque estão representados na Figura 1. Ressalta-se que as demais subamostras não foram apresentadas por formarem um aglomerado na região da origem dos eixos dos autovetores e, portanto, apresentaram valores próximos à média para todos os caracteres.

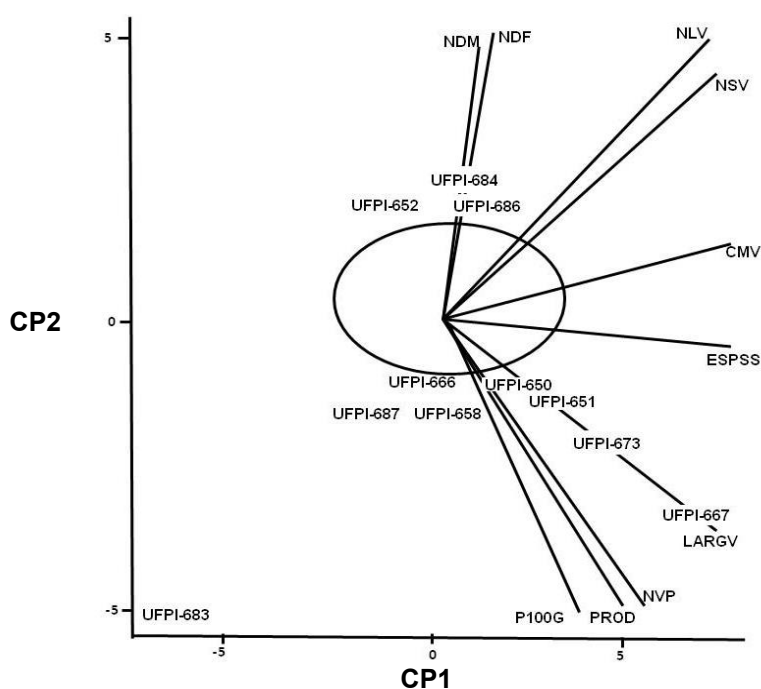


Figura 1. Componentes principais 1 e 2 para as 48 populações estudadas. Teresina. 2010.

As subamostras UFPI-666, UFPI-650, UFPI-651, UFPI-687, UFPI-658, UFPI-673 e UFPI-667 merecem destaque por apresentarem ciclo precoce e altos valores para os componentes de produtividade.

Conclusões

Há variabilidade no germoplasma estudado.

A maior parte da variância existente está contida nos caracteres associados à produção, o que possibilita promover seleção dentro do germoplasma estudado para estes caracteres.

As subamostras indicadas como precoces e produtivas podem ser usadas como parentais para aumentar a média dos caracteres estudados nas populações segregantes.

Agradecimentos



Ao CNPq, pelo financiamento do projeto.

Referências Bibliográficas

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

MAQUET, A.; VEKEMANS, X.Z.; BAUDOUIN, J.P. Phylogenetic study on wild allies of lima bean, *Phaseolus lunatus* (Fabaceae), and implications on its origin. **Plant Systematics and Evolution**, v.218, n.1-2, p.43-54, 1999.

RODRIGUES, L.S.; ANTUNES, I.F.; TEIXEIRA, M.G.; SILVA, J.B.; Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão, **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 37, n. 9, p. 1275-1284, 2002.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide: version 6**. 4th ed. Cary, Estados Unidos, 846p. 1989.