



ANAIS - II CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

11-SESSÃO PÔSTER 03  
27/09/2012 17:00-18:00  
CAMAROTE A/B

[Trabalho 520 ]

 **Clique para abrir o Artigo Completo/Click to open the paper**

VEGETAL

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI PERTENCENTES AO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA MEIO-NORTE POR MEIO DE ANÁLISE MULTIVARIADA.**

CAROLLINE DE JESÚS PIRES<sup>1</sup>; MASSAINE BANDEIRA E SOUSA<sup>2</sup>; LAÍZE RAPHAELLE LEMOS LIMA<sup>3</sup>; MÁRIO HENRIQUE RODRIGUES MENDES TORRES<sup>4</sup>; ANGELA CELIS DE ALMEIDA LOPES<sup>5</sup>; KAESEL JACKSON DAMASCENO E SILVA<sup>6</sup>; MAURISRAEL DE MOURA ROCHA<sup>7</sup>; ADÃO CABRAL DAS NEVES<sup>8</sup>;  
*1,2,3,5.UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ, TERESINA, PI, BRASIL; 4.UNIVERSIDADE ESTADUAL DO PIAUÍ, TERESINA, PI, BRASIL; 6,7,8.EMBRAPA MEIO-NORTE, TERESINA, PI, BRASIL;*  
[carolline\\_pires@hotmail.com](mailto:carolline_pires@hotmail.com)

**Resumo:**

Para quantificar a variabilidade genética, em um programa de melhoramento, é imprescindível a caracterização e a identificação do germoplasma por meio de descritores botânicos, morfológicos e agrônômicos. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre 60 acessos de feijão-caupi pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte por meio de descritores quantitativos. Os ensaios foram conduzidos no Campo Experimental da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, no período de julho a novembro de 2011, utilizando-se delineamento de blocos ao acaso com duas repetições. Avaliou-se seis descritores quantitativos. Todos os caracteres apresentam diferenças significativas entre os acessos estudados. Os acessos TE-MNC-148 e TE-MNC-189 são os mais divergentes no grupo de acessos avaliados.



## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI PERTENCENTES AO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA MEIO-NORTE POR MEIO DE ANÁLISE MULTIVARIADA

**Resumo:** Para quantificar a variabilidade genética, em um programa de melhoramento, é imprescindível a caracterização e a identificação do germoplasma por meio de descritores botânicos, morfológicos e agrônômicos. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre 60 acessos de feijão-caupi pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte por meio de descritores quantitativos. Os ensaios foram conduzidos no Campo Experimental da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, no período de julho a novembro de 2011, utilizando-se delineamento de blocos ao acaso com duas repetições. Avaliou-se seis descritores quantitativos. Todos os caracteres apresentam diferenças significativas entre os acessos estudados. Os acessos TE-MNC-148 e TE-MNC-189 são os mais divergentes no grupo de acessos avaliados.

**Palavras-chave:** descritores, quantitativos, [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]

### Introdução

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] concentra elevada variabilidade genética, que tem sido mantida em bancos de germoplasma, estrutura física apropriada à conservação da Coleção Ativa. Para que a diversidade genética presente nos bancos de germoplasma seja utilizada, tem-se que caracterizar e documentar os acessos de forma que o melhorista possa utilizá-los nos programas de melhoramento (BORÉM, 2009). O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre 60 acessos de feijão-caupi pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte por meio de descritores quantitativos, visando a introdução destes em esquemas de cruzamentos.

### Material e Métodos

O ensaio foi desenvolvido no Campo Experimental da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, no período de julho a novembro de 2011. Utilizou-se 60 acessos de feijão-caupi (Tabela 1) pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte. Adotou-se o



delineamento experimental em blocos ao acaso com duas repetições. A parcela foi composta por uma fileira de 3,0 m com espaçamento de 1,0 m entre fileiras e 0,30 m entre covas. Utilizou-se seis descritores quantitativos: peso de 100 grãos (P100G), produção total (PROD), peso da vagem (PV), peso de grãos por vagem (PGV), em gramas, comprimento da vagem (COMPV), em centímetros e número de grãos por vagem (NGV). As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software GENES VS 2009.7.0 (CRUZ, 2006).

Tabela 1 Tratamentos com os respectivos acessos de feijão-caupi pertencentes ao BAG. Teresina-PI, 2011.

<b>Acessos</b>	<b>Origem</b>	<b>Acessos</b>	<b>Origem</b>	<b>Acessos</b>	<b>Origem</b>
TE-MNC-09	Brasil	TE-MNC-180	Brasil	TE-MNC-310	EUA
TE-MNC-21	EUA	TE-MNC-186	Brasil	TE-MNC-311	EUA
TE-MNC-42	Brasil	TE-MNC-188	Costa Rica	TE-MNC-312	EUA
TE-MNC-44	Brasil	TE-MNC-189	Costa Rica	TE-MNC-313	África do Sul
TE-MNC-53	Brasil	TE-MNC-221	Costa Rica	TE-MNC-316	Não informado
TE-MNC-68	Brasil	TE-MNC-223	Costa Rica	TE-MNC-318	Não informado
TE-MNC-111	EUA	TE-MNC-230	EUA	TE-MNC-319	Não informado
TE-MNC-117	EUA	TE-MNC-237	Brasil	TE-MNC-320	Não informado
TE-MNC-119	Brasil	TE-MNC-243	Brasil	TE-MNC-321	Não informado
TE-MNC-123	Brasil	TE-MNC-258	EUA	TE-MNC-329	Índia
TE-MNC-128	Nigéria	TE-MNC-259	Quênia	TE-MNC-373	Brasil
TE-MNC-133	Não informado	TE-MNC-260	Quênia	TE-MNC-433	Nigéria
TE-MNC-135	Não informado	TE-MNC-263	Nigéria	TE-MNC-490	Brasil
TE-MNC-138	Botsuana	TE-MNC-266	Quênia	TE-MNC-597	Brasil
TE-MNC-143	Brasil	TE-MNC-267	EUA	TE-MNC-752	EUA
TE-MNC-148	África do Sul	TE-MNC-268	EUA	TE-MNC-800	Brasil
TE-MNC-149	África do Sul	TE-MNC-278	Nigéria	TE-MNC-1030	Brasil
TE-MNC-150	EUA	TE-MNC-279	Nigéria	TE-MNC-1034	Brasil
TE-MNC-157	Gana	TE-MNC-289	EUA	TE-MNC-1269	Brasil
TE-MNC-160	Não informado	TE-MNC-304	Nigéria	TE-MNC-1320	EUA

## Resultados e Discussão

Os quadrados médios obtidos das análises de variância para os caracteres quantitativos estudados estão apresentados na Tabela 2. Por meio do teste F ( $p < 0,01$ ), foram detectadas diferenças significativas entre os acessos para todos os caracteres quantitativos avaliados, o que evidencia variabilidade genética entre os acessos. O coeficiente de variação (CV) entre os seis caracteres variou entre 6,95% e 26,43% para comprimento de vagem e produção total, respectivamente. A maioria dos caracteres apresentou valores considerados baixos, indicando boa precisão experimental. A estimativa de CV mais alta, dentre as observadas, foi obtida para produção total (26,43%). Vale ressaltar que variáveis de natureza quantitativa são bastante influenciadas pelo ambiente.



As estimativas da herdabilidade oscilaram entre 53,93% e 94,57% para NGV e P100G, respectivamente. A maioria dos caracteres apresentou valor de herdabilidade superior a 80%, o que indica a possibilidade de ganho genético com a seleção desses caracteres. De acordo com Ramalho, Santos, Zimmerman (1993), as herdabilidades com elevada magnitude tornam a seleção viável para identificação de genótipos superiores.

O valor máximo de divergência genética, calculado com base na distância de Mahalanobis, foi obtido para o par TE-MNC-44 e TE-MNC-189 ( $D^2 = 211,25$ ). Dentre todas as possíveis combinações de cada um dos acessos avaliados com relação à distância máxima obtida, verificou-se que a maioria dos acessos apresentou suas respectivas distâncias máximas quando combinados com os acessos TE-MNC-148 e TE-MNC-189, sendo, assim, os mais divergentes no grupo de acessos avaliados. O menor valor de  $D^2$  foi apresentado pelo par TE-MNC-260 e TE-MNC-266 ( $D^2 = 0,77$ ), indicando grande similaridade entre esses dois acessos para os caracteres avaliados.

Os caracteres que apresentaram maior contribuição relativa para a divergência, segundo o critério proposto por Singh (1981), foram: P100G (41,45%) e PV (23,06%).

Tabela 2 Resumo da análise de variância dos seis caracteres quantitativos avaliados entre os 60 acessos de feijão-caupi. Teresina-PI, 2011.

F. V	GL	Quadrados Médios					
		P100G	PROD	COMPV	PV	NGV	PGV
<b>Blocos</b>	1	1,7304	47035,6924	5,3404	0,0084	0,0007	0,0813
<b>Tratamentos</b>	59	22,8110**	46784,5017**	12,6107**	0,8912**	4,1048**	0,5302**
<b>Resíduo</b>	59	1,2397	8576,2539	1,5549	0,1011	1,8913	0,0607
<b>Média</b>		14,16	350,44	17,93	2,79	14,35	2,05
<b>C.V (%)</b>		7,86	26,43	6,95	11,40	9,59	12,00
<b>Herdabilidade (%)</b>		94,57	81,67	87,67	88,66	53,93	88,54

\*\* significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. P100G (peso de 100 grãos), PROD (produção total), COMPV (comprimento de vagem), PV (peso de vagem), NGV (número de grãos por vagem), PGV (peso de grãos por vagem).

### Conclusão

Os acessos apresentam variabilidade genética para os caracteres quantitativos.

Os acessos TE-MNC-148 e TE-MNC-189 são os mais divergentes no grupo de acessos avaliados.

### Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo auxílio financeiro.



## Referências Bibliográficas

BORÉM, A. Melhoramento de plantas. 5. Ed. Viçosa: UFV, 2009. 529 p.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Biometria**. Editora UFV. Viçosa (MG). 2006. 382 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMAN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. UFG: Goiânia, 1993. 271 p.

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