



ANAIS - II CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

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

[Trabalho 562]

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

VEGETAL
DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI SUBCLASSE COMERCIAL FRADINHO.

JÉSSICA DANIELE LUSTOSA DA SILVA¹; MÁRIO HENRIQUE RODRIGUES MENDES TORRES²; LAÍZE RAPHAELLE LEMOS LIMA³; REGINA LUCIA FERREIRA GOMES⁴; KAESEL JACKSON DAMASCENO E SILVA⁵; MAURISRAEL DE MOURA ROCHA⁶; ADÃO CABRAL DAS NEVES⁷;
1,3,4.UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ, TERESINA, PI, BRASIL; 2.UNIVERSIDADE ESTADUAL DO PIAUÍ, TERESINA, PI, BRASIL; 5,6,7.EMBRAPA MEIO-NORTE, TERESINA, PI, BRASIL;
jessica.04lustosa@hotmail.com

Resumo:

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma espécie de grande importância socioeconômica e alimentar, principalmente em países em desenvolvimento como o Brasil, sobretudo nas regiões Norte e Nordeste. O trabalho foi conduzido no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI, em setembro de 2010, objetivou-se estimar a divergência genética entre 109 linhagens feijão-caupi de ciclo precoce, da subclasse comercial fradinho. O delineamento experimental foi o de blocos aumentados de Federer, com cinco blocos. A partir dos dados quantitativos pode-se observar que os genótipos mais divergentes de acordo com as distância Euclidiana foram MNC06-907-8, MNC06-907-19, MNC06-898-6; MNC06-907-8.



DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI SUBCLASSE COMERCIAL FRADINHO

Resumo: O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma espécie de grande importância socioeconômica e alimentar, principalmente em países em desenvolvimento como o Brasil, sobretudo nas regiões Norte e Nordeste. O trabalho foi conduzido no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI, em setembro de 2010, objetivou-se estimar a divergência genética entre 109 linhagens feijão-caupi de ciclo precoce, da subclasse comercial fradinho. O delineamento experimental foi o de blocos aumentados de Federer, com cinco blocos. A partir dos dados quantitativos pode-se observar que os genótipos mais divergentes de acordo com as distância Euclidiana foram MNC06-907-8, MNC06-907-19, MNC06-898-6; MNC06-907-8.

Palavras-chave: distância, quantitativos, *Vigna unguiculata*

Introdução

O feijão-caupi é uma espécie de grande importância socioeconômica e alimentar, principalmente em países em desenvolvimento como o Brasil, sobretudo nas regiões Norte e Nordeste. De acordo com Vijaykumar et al. (2010), nos últimos anos, o feijão-caupi ocupou uma área plantada mundial de mais de 12 milhões de hectares, sendo cultivado em todas as áreas de clima tropical. Percebendo a importância dessa cultura, é de grande valia a realização de estudos para se avaliar a divergência genética, visando à seleção de genitores mais divergentes para a obtenção de híbridos com maior potencial produtivo, com a finalidade de se obter cultivares com melhores características agronômicas, para posteriormente serem recomendadas aos agricultores. Quanto mais divergentes forem os genitores, maior a variabilidade resultante na população segregante, e maior a probabilidade de reagrupar os alelos em novas combinações favoráveis (BARBIERI et al., 2005)

O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética existente entre linhagens de feijão-caupi subclasse comercial fradinho na Embrapa Meio-Norte, com base em caracteres quantitativos, com a finalidade de selecionar materiais superiores para o melhoramento.

Material e Métodos

Foram caracterizadas 105 linhagens de feijão-caupi e quatro cultivares, que foram usadas como testemunhas (BRS Itaim, CB-27, Poços de Caldas e Vaina Blanca).



O experimento foi conduzido no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, no município de Teresina, PI, em setembro de 2010. Os tratamentos foram dispostos em delineamento experimental de blocos aumentados de Federer, com cinco blocos. Cada bloco foi constituído de 25 parcelas experimentais, sendo 21 tratamentos regulares e quatro testemunhas que são comuns a todos os cinco blocos. A parcela experimental foi composta de duas fileiras de 5,0 m de comprimento, sendo as duas consideradas como área útil. O espaçamento foi de 1,30 m entre linhas e 0,25 m entre plantas. Os oito descritores quantitativos foram submetidos à análise de variância univariada e, posteriormente a procedimentos multivariados. Para a quantificação da divergência genética, foi adotada a distância Euclidiana. A análise estatística dos dados quantitativos foi realizada com o auxílio do “software” GENES (CRUZ, 2006).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 encontra-se o resumo da análise de variância relativa aos caracteres: peso de vagem em gramas (PV), número de grãos por vagem (NGV), peso de grãos por vagem em gramas (PGV), comprimento de vagem em centímetros (CMV), peso de cem grãos em gramas (P100G), produção em gramas (PROD), comprimento do folíolo terminal em centímetros (CFT) e largura do folíolo terminal em centímetros (LFT) do feijão-caupi. A análise de variância (Tabela 1) revelou que houve diferença significativa ($P < 0,01$) entre as linhagens para as características agrônômicas peso de vagens (PV) e peso de cem grãos (P100G). Estes resultados indicam, a princípio, a existência de variabilidade entre as linhagens para estes caracteres indicando possibilidade de seleção visando a melhoria destes. Resultados semelhantes para peso de cem grãos foram obtidos por Sobral (2009). Quanto à precisão experimental, foram obtidos baixos a médios coeficientes de variação (CV) sendo considerados baixos para P100G, CFT e LFT, com estimativas de 4,42%, 8,48% e 8,42% respectivamente, o que indica boa precisão experimental. Foram estimados valores de CV intermediários para os caracteres PV (14,92%), NGV (17,00%) e PGV (17,19%). A estimativa de CV mais alta foi obtida para produção (45,98%), indicando uma menor precisão experimental para esta característica entre os caracteres analisados. A herdabilidade (h^2) mostrou-se mais alta para os caracteres peso de vagem (PV), P100G, sendo 97,17% e 82,56%, respectivamente e intermediária para os demais. Dessa forma, a herdabilidade destes caracteres demonstra a possibilidade de sucesso com a seleção. De acordo com Ramalho et al. (1993), as herdabilidades com elevada magnitude tornam a seleção viável para identificação de genótipos superiores. Enfim, a existência de variabilidade genética



entre linhagens referente aos caracteres PV e P100G, detectada por meio de parâmetros genéticos, enfatiza a possibilidade de ganhos genéticos substanciais para esses caracteres. Os caracteres que apresentaram maior contribuição relativa para a divergência segundo o critério proposto por Singh (1981) foi produção (PROD) com 99,14%, observando uma elevada contribuição para a divergência dos genótipos, os demais caracteres juntos representaram apenas 0,85% da variabilidade existente entre os genótipos avaliados. A maior medida de dissimilaridade observada foi entre os genótipos MNC06-907-8 e MNC06-907-19; MNC06-898-6; MNC06-907-8. Enquanto que a menor medida se apresentou entre os genótipos MNC06-909-15 e MNC06-909-48 (Tabela 2). Isto implica em dizer que os entre os genótipos mais distantes se evidencia as melhores combinações para os cruzamentos. Na identificação dos parentais mais divergentes sugere-se que sejam selecionados, os parentais com melhores médias em relação aos caracteres que se deseja melhorar, objetivando assim, a máxima concentração de alelos favoráveis, conforme os objetivos da seleção. Assim os genótipos MNC06-907-8 e MNC06-907-19 são os mais indicados para novas combinações por apresentarem maior divergência.

Tabela 1. Resumo da análise de variância, coeficientes de variação e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais de feijão-caupi para peso de vagem (PV), número de grãos por vagem (NGV), peso de grãos por vagem (PGV), comprimento de vagem (CMV), peso de cem grãos (P100G), produção (PROD), comprimento do folíolo terminal (CFT) e largura do folíolo terminal (LFT). Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI, 2011.

F.V	GL	QM							
		PV	NGV	PGV	CMV	P100G	PROD	CFT	LFT
Bloco	4	146,99	75,15	26,44	1,98	26,3	67,52	1,73	0,75
Tratamento	108	117,59*	53,11 ^{ns}	3,83 ^{ns}	2,60 ^{ns}	4,85*	18701,83 ^{ns}	0,74 ^{ns}	0,35 ^{ns}
Resíduo	12	3,51	50,84	3,26	2,78	1,07	16218,76	0,51	0,25
h ² (%)	-	97,15	27,53	28,21	0	82,56	27,52	30,52	39,48
Médias	-	12,55	41,93	10,51	14,80	23,42	276,94	8,43	6,00
C.V (%)	-	14,92	17,00	17,19	11,28	4,42	45,98	8,48	8,42

** significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F. h²: herdabilidade (%), CV: coeficiente de variação (%).

Tabela 2. Distância Euclidiana máxima e mínima, observada entre os genótipos, para os caracteres quantitativos.

	DISTÂNCIAS	GENÓTIPOS
MÁXIMA	4,98	MNC06-907-8 — MNC06-907-19
	4,87	MNC06-898-6—MNC06-907-8
MÍNIMA	0,10	MNC06-909-15 — MNC06-909-48
	0,21	MNC-909-31—MNC09-909-15
MÉDIA	1,27	

Conclusões

Existe variabilidade genética entre as linhagens para as características peso de vagem (PV) e peso de 100 grãos (P100G).

Os genótipos mais distantes para as características quantitativas, foram MNC06-907-8 e



MNC06-907-19; e MNC06-898-6; MNC06-907-8.

Referências Bibliográficas

- BARBIERI, R. L. et al. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**, v. 35, n. 02, p. 303-308, 2005.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: Biometria**. Editora UFV, Viçosa, 585p, 2006.
- RAMALHO, M.A.P; SANTOS, J.B; ZIMMERMAN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. UFG: Goiânia, 1993, 271p.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, n.2, p.237-245, 1981.
- SOBRAL, P.V.C. **Caracterização morfoagronômica e divergência genética entre acessos africanos de feijão-caupi**. 2010, 132 f. Dissertação - Universidade Federal do Piauí, Teresina.
- VIJAYKUMAR A, SAINI A, JAWALI N. Phylogenetic Analysis of Subgenus *Vigna* Species Using Nuclear Ribosomal RNA ITS: Evidence of Hybridization among *Vigna unguiculata* Subspecies. **Journal of Heredity**, 2010. 2: 177-188.