

Área: Genética e melhoramento

## **DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM FEIJÃO-CAUPI EM TRÊS REGIÕES DO ESTADO DO TOCANTINS A PARTIR DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS**

**Priscila Fonseca costa<sup>1</sup>; Maurisrael de Moura Rocha<sup>2</sup>; Tânia Irres Lima de Sousa<sup>1</sup>; Flávio Coelho Mendes<sup>1</sup>; Ildon Rodrigues do Nascimento<sup>3</sup>.**

<sup>1</sup> Graduando(a) em Agronomia, Universidade Federal do Tocantins. Rua Badejos Chácaras 69 e 72 Cep77402-970 Gurupi – TO.  
E-mail: [priscilacosta@uft.edu.br](mailto:priscilacosta@uft.edu.br).

<sup>2</sup> Pesquisador Embrapa Meio-Norte. Av. Duque de Caxias, 5650, Buenos Aires Caixa Postal 01. CEP. 64006-220 Teresina, PI.

<sup>3</sup> Professor Doutor, Fundação Universidade Federal do Tocantins - UFT, Rua Badejos Chácaras 69 e 72 Cep77402-970 Gurupi – TO  
Brasil.

**Resumo** – O objetivo do trabalho foi avaliar a dissimilaridade genética entre genótipos de feijão-caupi cultivado em três regiões distintas do Estado do Tocantins. O delineamento experimental utilizado foi em bloco casualizados com quatro repetições usando vinte genótipos experimentais, sendo quatro cultivares e dezesseis linhagens. Os acessos são divergentes, demonstrando variabilidade moderada, com formação de quatro grupos distintos. O genótipo MNC03-737F-11 foi o mais dissimilar em relação aos demais.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*, dissimilaridade, variabilidade genética, multivariada.

### **Introdução**

O feijão – caupi ( *Vigna Unguiculata* (L) Wap.) é uma leguminosa, da família das fabaceae, bastante utilizada na alimentação humana, agindo como excelente fonte de proteínas e aminoácidos essenciais e também muito cultivada por pequenos e médios produtores das regiões norte e nordeste do Brasil, e mais recentemente por grandes agricultores dessas regiões (XAVIER et al.,2005), os quais necessitam de cultivares adequadas a colheita mecânica e com maturação uniforme. Desse modo, a existência de variabilidade genética e a caracterização de germoplasma tornam-se necessário para o início de um programa de melhoramento genético.

Comparada a outras culturas o feijão-caupi, tem seu potencial genético pouco explorado entretanto, já foram obtidas, em condições experimentais, produtividade de grãos secos acima de 3.000 kg.ha-1 (BEZERRA, 1997), com expectativa que seu potencial genético ultrapasse os 6.000 kg.ha-1.

A avaliação da diversidade genética das populações permite o conhecimento das melhores combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, viabilizando a obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes. Deste modo, o estudo da diversidade das populações

fornece as bases para a identificação de genótipos divergentes, auxiliando o melhorista na seleção de combinações mais promissoras e favoráveis aos cruzamentos (FALCONER, 1989).

O trabalho objetivou avaliar a divergência genética entre genótipos de feijão-caupi, visando-se a seleção de genótipos mais divergentes entre si e de maior potencial produtivo para subsidiar o programa de melhoramento e futuras recomendações de novas cultivares aos agricultores do estado do Tocantins.

## **Material e Métodos**

Foram utilizados dados de três ensaios conduzidos no Estado do Tocantins, sendo eles: Axixá do Tocantins, que se localiza a uma latitude 05°36'59" sul e a uma longitude 47°47'10" oeste, estando a uma altitude de 210 metros, Formoso do Araguaia, tendo como coordenadas geográficas 11°47'48" de latitude sul e 49°31'44" de longitude oeste e altitude de 240 m sobre o nível do mar e no município de Gurupi, mais especificamente, na estação experimental dos Campus universitário de Gurupi-CAUG, da Universidade Federal do Tocantins, localizada na latitude sul 11°43'45" e longitude oeste 49°04'07" com altitude média de 280 m. Os ensaios foram conduzidos no ano agrícola de 2012, relativos a 3 ensaios de Valor de Cultivo e Uso da Rede de Teste de Linhagens Avançadas de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte com 20 genótipos de feijão-caupi de porte ereto oriundos de sementes disponibilizadas pela mesma, sendo quatro cultivares e 16 linhagens, os quais são: 1-BRS-TUCUMAQUE; 2-BRSCAUAMÉ; 3-BRS-ITAIM; 4-BRS-GUARIBA; 5-MNC02-675F-4-9; 6-MNC02-675F-4-10; 7-MNC02-675F-9-2; 8-MNC02-675F-9-3; 9-MNC02-676F-3; 10-MNC02-682F-2; 11-MNC02-683F-1; 12-MNC02-684F-5-6; 13-MNC03-725F-3; 14-MNC03-736F-7; 15-MNC03-737F-5-1; 16-MNC03-737F-5-4; 17-MNC03-737F-5-9; 18-MNC03-737F-5-10; 19-MNC03-737F-5-11; 20-MNC03-737F-11.

Em ambos locais o delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com quatro repetições. A parcela experimental foi composta por quatro linhas sendo utilizadas nas avaliações as duas linhas centrais, foram utilizadas sementes selecionadas e devidamente tratadas. Os tratos culturais (capinas e irrigações) e adubação de base e cobertura foram feitos sempre que necessários conforme recomendação da cultura para cada região.

A colheita foi realizada aos 75 dias após o plantio e os caracteres avaliados foram: peso de cinco vagens (P5V), comprimento de cinco vagens (COM5V), número de grãos de cinco vagens (NG5V), peso de grãos de cinco vagens (PG5V) e índice de grãos (IGV).

Foram estimadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis, sendo os genótipos agrupados pela metodologia proposta por Tocher (Cruz & Regazzi 2001). Com relação ao estabelecimento de grupos similares, foi aplicado o método agrupamento de otimização proposto por Tocher (Cruz & Regazzi 2001). Foi utilizada a análise de componentes principais, avaliando a contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética entre eles e elaborada a dispersão gráfica, utilizando os resultados da análise de conglomeração intra e intergrupos entre as cultivares. Para a realização das análises, utilizou-se o programa GENES (CRUZ, 2006).

## **Resultados e Discussão**

Foram formados quatro grupos distintos entre os genótipos de feijão-caupi avaliados (Tabela 1). O grupo I foi formado por 15 genótipos, dos quais todas cultivares. Já o grupo II e III foi composto por dois genótipos cada um e o grupo IV por apenas um genótipo (MNC03-737F-11), que foi o mais dissimilar em relação aos demais.

**Tabela 1.** Agrupamento de 20 genótipos de feijão-caupi, pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis, para os caracteres peso de cinco vagens (P5V), comprimento de cinco vagens (COM5V), número de grãos de cinco vagens (NG5V), peso de grãos de cinco vagens (PG5V) e

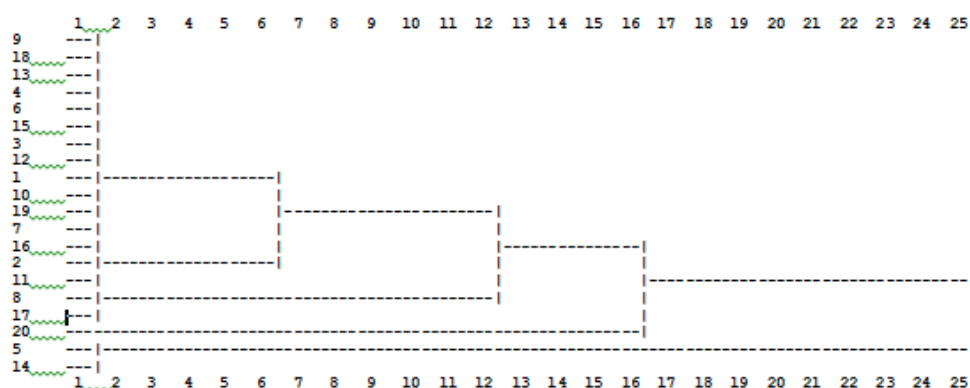
Grupo	Genótipos
I	9 18 13 4 <sup>1</sup> 15 6 3 <sup>1</sup> 12 7 19 1 <sup>1</sup> 10 16 2 <sup>1</sup> 11
II	5 14
III	8 17
IV	20

<sup>1</sup>Cultivares: 1 - BRS-TUCUMAQUE; 2 - BRSCAUAMÉ; 3 - BRS-ITAIM; 4 - BRS-GUARIBA.

índice de grãos (IGV).

É de se esperar resultados satisfatórios nos cruzamentos entre os genótipos do grupo I e os demais grupos ou cruzamentos entre genótipos de grupos diferentes que possuem características de interesse, visto que a participação de diferentes fontes gênicas pode tornar mais viável a ampliação da base genética e a obtenção de indivíduos com características desejadas (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN 1993).

**Figura 2** - Dendrograma de 20 genótipos de feijão-caupi para os caracteres peso de cinco vagens (P5V), comprimento de cinco vagens (COM5V), número de grãos de cinco vagens (NG5V), peso de grãos de cinco vagens (PG5V) e índice de grãos (IGV).



O dendrograma (Figura 2) e o agrupamento pelo método de Tocher não foram concordantes no que diz respeito à divergência genética dos genótipos. As diferenças encontradas entre os métodos podem ser explicadas pela maneira diferente que cada método tem de fazer o cálculo de variabilidade genética.

Nesse caso, podem ser úteis análises realizadas com marcadores moleculares que podem demonstrar maior capacidade de discriminação (Geleta et al., 2005).

Os objetivos dos programas de melhoramento referem-se à obtenção de alta produtividade, que de acordo com (Amorim et al., 2007), é imprescindível a existência de variabilidade genética no germoplasma disponível para o melhoramento.

### **Conclusões**

Os acessos são divergentes, demonstrando variabilidade moderada, com formação de quatro grupos distintos;

O genótipo MNC03-737F-11 foi o mais dissimilar em relação aos demais.

### **Agradecimentos**

Os autores agradecem a Embrapa Meio-Norte pela disponibilidade de recurso e dos genótipos usados na realização desse trabalho.

### **Referências**

- AMORIM, E. P. et al. Divergência genética em genótipos de girassol. *Ciência Agrotécnica*, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1637-1644, 2007.
- BEZERRA, A. A. C. Variabilidade e diversidade genética em caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] precoce, de crescimento determinado e porte ereto e semi-ereto. 1997. 105 f. Dissertação (Mestrado em Botânica)-Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 1997.
- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. 3.ed. New York: Longman, 1989, 489p.
- GELETA, L.F. et al. Genetic variability in pepper (*Capsicum annuum* L.) estimated by morphological data and amplified fragment length polymorphism markers. *Biodiversity and Conservation*, v.14, p.2361-2375, 2005. Disponível em: <<http://www.springerlink.com.w10048.dotlib.com.br/content/b54v6l26h618417w/fulltext.pdf>>. Acesso em: 15 fev. 2009. doi: 10.1007/s10531-004-1669-9.
- RAMALHO, M. A. P. et al. *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, 271p. 1993.
- XAVIER, G. R.; MARTINS, L. M. V.; RUMJANEK, N. G.; FREIRE FILHO, F. R. Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.40, n.4, p.353-359, 2005.