

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS TRADICIONAIS DE FEIJÃO COMUM DO GRUPO COMERCIAL CARIOCA

GABRIEL BISINOTTO PEREIRA¹, LÁZARO JOSÉ CHAVES², JAISON PEREIRA DE OLIVEIRA³, JOÃO CLÁUDIO BARROS DE PAIVA¹, LUDIVINA LIMA RODRIGUES¹, JOAQUIM GERALDO CÁPRIO DA COSTA³, PAULO HIDEO NAKANO RANGEL³, EDUARDO JOSÉ PINHEIRO¹

INTRODUÇÃO: O feijão (*Phaseolus* spp.) é uma leguminosa originária da América Tropical (México, Guatemala, Perú) (OSPINA et al., 1980), utilizada como alimento básico em vários países, assumindo grande importância econômica e social. Dentre as espécies descritas do gênero *Phaseolus* (31 a 52), apenas cinco são cultivadas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray e *P. polyanthus* Greeman (DEBOUCK, 1999). A informação quanto à variabilidade e a divergência genética dentro de uma espécie são essenciais para o uso racional dos recursos genéticos. A variabilidade genética existente no germoplasma tradicional de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do Banco Ativo de Germoplasma – BAG, da Embrapa Arroz e Feijão têm sido plenamente reconhecidos. Caracterizar germoplasma significa, basicamente, identificar e descrever diferenças entre os acessos. Normalmente, além das informações sobre a origem do material (dados de passaporte), são também levadas em conta, diferenças relacionadas ao seu comportamento agrônomo, como produtividade, hábito de crescimento, tipo de planta, reação a infecções por patógenos ou ataque de pragas, assim como aquelas diferenças advindas da avaliação dos descritores botânicos, normalmente específicas para cada táxon (CHIORATO, 2004). A avaliação da diversidade nas plantas cultivadas é relevante para melhorar a descrição das coleções existentes em banco de germoplasma (FOSCHIAN et al., 2008). Esta descrição, baseada no estudo de características morfológicas e agrônomicas, é importante para se conhecer a divergência genética do conjunto de germoplasma disponível para fins de utilização em programa de melhoramento genético. Na escolha dos acessos tradicionais de feijão a serem trabalhados, pesou o fato da popularidade do grupo comercial carioca, o mais plantado e difundido no mercado brasileiro de feijões. No contexto econômico, a preferência do mercado consumidor é por cultivares de feijão com grãos semelhantes ao da cultivar Carioca, embora a maioria delas sejam suscetíveis a vários patógenos e apresentem plantas prostradas, favorecendo o contato das vagens com o solo, o que ocasiona danos às sementes (RAMALHO; ABREU, 2006). As técnicas de análise de agrupamento são muito utilizadas para classificar os acessos de coleções de germoplasma em grupos, de tal maneira que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Esta divisão em grupos facilita o melhor manejo da coleção bem como a utilização de acessos em programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética entre 50 acessos tradicionais de feijão do grupo comercial carioca, reunindo-os em grupos similares por meio da técnica de agrupamento de Ward aplicada a caracteres quantitativos.

MATERIAIS E MÉTODOS: A avaliação dos acessos foi realizada entre os meses de dezembro de 2010 e fevereiro de 2011. Foram utilizados 50 acessos de feijoeiro comum semeados em casa telado na Fazenda Capivara da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás-GO, cujas coordenadas geográficas são: 16° 28' S, 49° 17' W e 823 m de altitude. Cada acesso de feijão carioca foi semeado em vasos que tinham em média 7,0 kg de substrato (terra e adubo NPK), com cinco vasos por tratamento, totalizando 250 vasos e cinco sementes, por vaso. Após a germinação, foram coletados dados sobre a taxa (%) de germinação de cada acesso e, logo após, foi feito desbaste deixando-se

¹ Estudante de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Bolsista CNPQ, Embrapa Arroz e Feijão, Banco Ativo de Germoplasma. E-mail: gabrielufg@gmail.com

² Engenheiro Agrônomo, Professor Adjunto, Universidade Federal de Goiás, Goiânia/Go. E-mail: Ichaves@agro.ufg.br

³ Engenheiro Agrônomo, Pesquisador A, Embrapa Arroz e Feijão, Banco Ativo de Germoplasma, Stº. Antônio de Goiás/GO. E-mail: jaison@cnpaf.embrapa.br

apenas duas plantas por vaso, para evitar concorrência. Semanalmente até antes da floração foram feitas pulverizações contra mosca branca com o inseticida Actara, também ocorreu uma única aplicação de fungicida Belate 500, para combater fungos de solo. Durante o desenvolvimento do feijoeiro foram feitas aplicações de adubo foliar (NPK e micronutrientes) semanalmente e coletados dados de descritores morfológicos, como intervalo de floração (IF) e cor da flor. Após a colheita foram tomados dados das variáveis número médio de vagens por acesso (NMV), número médio de sementes por acesso (NMS) e peso de 100 sementes (P100S). Foram estimados coeficientes de correlação fenotípica entre médias das variáveis, para os caracteres quantitativos. A partir das médias dos mesmos caracteres foi realizada análise de agrupamento dos acessos utilizando-se o método de Ward (WARD, 1963). Este método de agrupamento possibilita a formação de grupos de maneira a atingir sempre a menor diversidade dentro de grupos e a maior diversidade entre grupos.

RESULTADOS E DISCUSSÕES: Foi observada uma forte correlação entre as variáveis NMS (Número médio de sementes) e NMV (Número médio de vagens). Essa associação era esperada, uma vez que NMV é componente de NMS. A variável peso de 100 sementes (P100S) e negativa com NMV e NMS. O Intervalo de floração (IF) teve correlação significativa apenas com o P100S, dados encontrados na Tabela 1. Analisando a alta correlação entre NMS e NMV, observa-se uma certa redundância, uma vez que elas geram informações similares de variabilidade de acessos. Os descritores P100S tem uma correlação negativa com o descritor NMS, isso implica que quanto maior a quantidade de sementes que a planta produzir, maior terá que ser o metabolismo de enchimento das sementes. O IF apresentou correlação significativa com P100S, indicando que plantas mais tardia estão associadas a maior peso de sementes. A variação das médias entre os 50 acessos para as variáveis avaliadas está representada na Figura 1. Com relação ao NMS o maior valor médio (66,80) foi observado no acesso A001 que teve também o menor P100S (19,57g), por outro lado o maior p100s (37,83g) foi observado no acesso A005 que teve o menor NMS (19,10) e o maior IF (36 dias). O dendrograma representativo do agrupamento pelo método de Ward mostra a formação de seis grupos, com nível de corte definido pelo critério da correlação semi-parcial ao quadrado (SPRSQ), em relação aos passos de algoritmo de agrupamento (Figura 2). Verifica-se que o grupo 3 (G3) reuniu a maioria dos acessos equivalendo a 44% do total. Nesse grupo estão incluídos acessos coletados em diferentes unidades federativas de quatro regiões ecogeográficas como Nordeste, Sudeste, Centro-Oeste e Sul. O agrupamento obtido mostra que o local de coleta não reflete, necessariamente, a divergência genética, pois acessos de diferentes regiões foram incluídos dentro de um mesmo grupo. Observa-se que o acesso A005 é o mais divergente de todos seguido do A001. Alguns acessos são tão similares que parecem ser redundantes como o caso do acesso A017 e do A033. De uma maneira geral, observa-se um alto grau de similaridade entre a maioria dos acessos estudados. Dentre os 50 acessos utilizados para a análise de dados, 15 são materiais da coleção nuclear da Embrapa Arroz e Feijão, portanto espera-se que estes sejam materiais mais contrastantes entre si. Os demais 35 acessos são oriundos de coletas em diferentes unidades federativas do Brasil. E não foram previamente caracterizados quanto à sua diversidade genética quantitativa.

Tabela 1. Coeficientes de correlação fenotípica entre médias de acessos para as variáveis intervalo de florescimento (IF), número médio de vagens (NMV), número médio de sementes (NMS) e peso de 100 sementes (P100S).

Matriz de Correlação			
	MNV	NMS	P100S
IF	0,01	-0,15	0,37**
NMV		0,92**	-0,29*
NMS			-0,48**

*, **, significativos aos níveis de 5% e 1%, respectivamente.

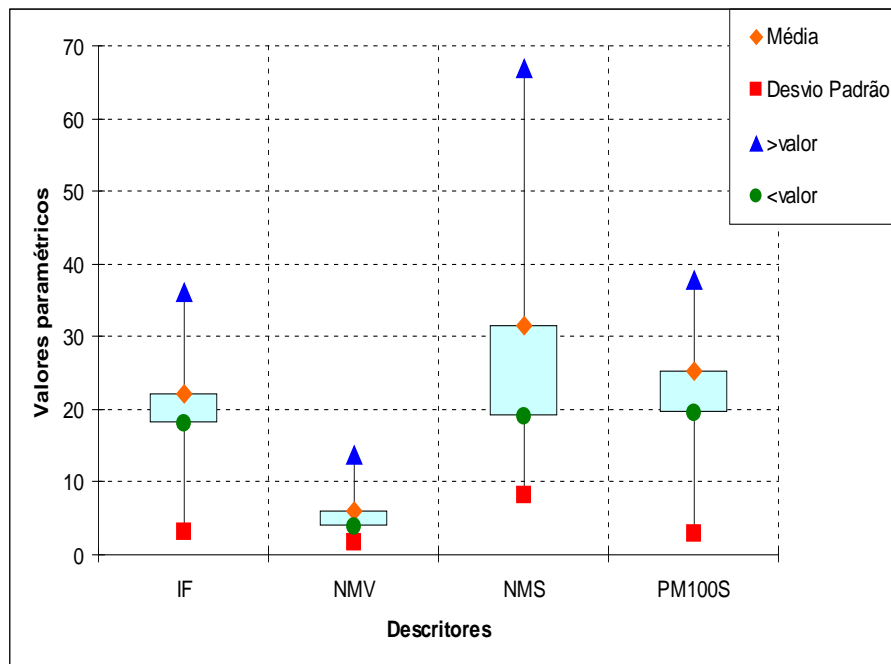


Figura 1. Variabilidade fenotípica em 50 acessos tradicionais de feijão carioca.

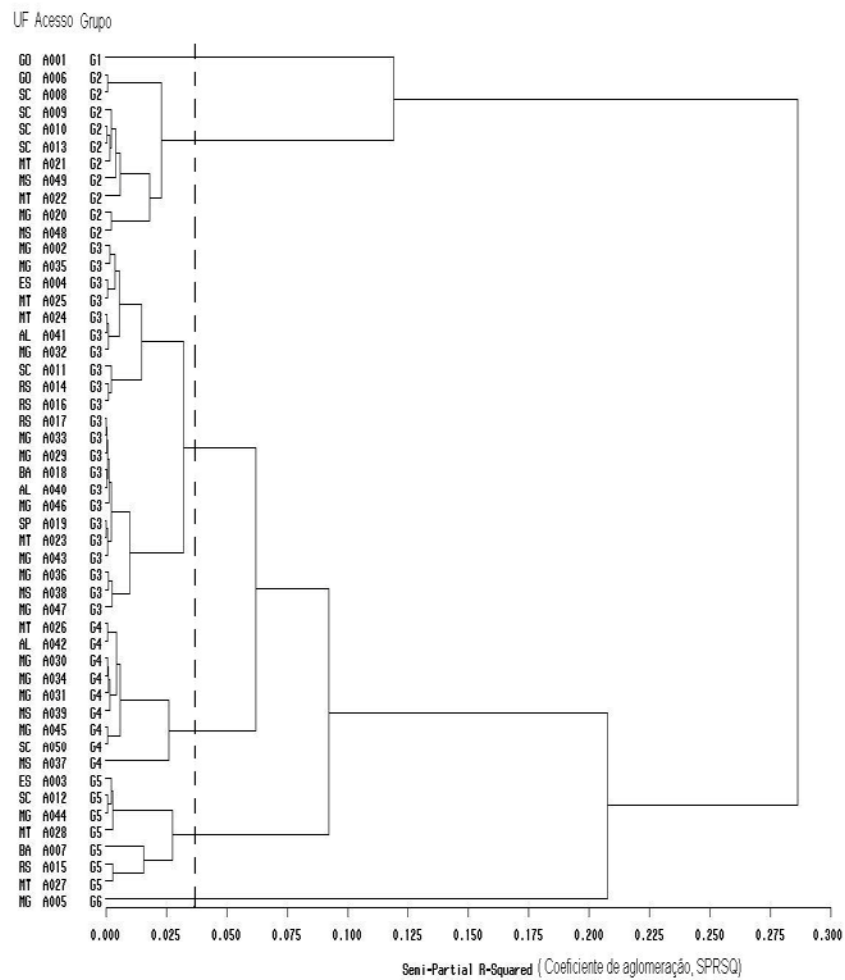


Figura 2. Agrupamento de 50 acessos tradicionais de feijão do grupo comercial carioca pelo método de Ward.

CONCLUSÕES: De maneira geral pode-se concluir que a maioria dos acessos tradicionais de feijão carioca mostrou considerável grau de similaridade fenotípica, e os acessos A005 e A001 foram os que apresentaram maior divergência fenotípica.

REFERÊNCIAS

CHIORATO, A. F. Divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do banco de germoplasma do Instituto Agrônomo –IAC. 2004. 85 f. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Vegetal) Curso de Pós-Graduação do Instituto Agrônomo-IAC, Campinas, 2004.

DEBOUCK, D.G. Diversity in *Phaseolus* species in relation to the common bean. In: SING, S. P. (Ed). Common bean improvement in the twenty-first century. Dordrecht: Kluwer, 1999. p. 25-52.

FOSCHIANI, A.; MICELI, F.; VISCHI, M. Assessing diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions at phenotype and molecular level: a preliminary approach. Genetic Resources Crop Evolution. v.56, p. 445-453, 2009.

OSPINA, H. F.; HIDALGO, R.; SONG, L.; GEPTS, P. Diversidad genética de las especies cultivadas del género *Phaseolus*. Cali, Colômbia. Centro Internacional de Agricultura Tropical. (Guia de estudos). 1980. 52p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. p. 415-436.