

Divergência fenotípica entre genótipos de feijão-caupi com base em descritores quantitativos

Vânia Maria Gomes da Costa Lima¹, Maurisrael de Moura Rocha², Gislanne Brito Barros³,
Claudia Roberta Ribeiro de Oliveira³ Semíramis Rabelo Ramalho Ramos⁴,
Francisco Rodrigues Freire Filho² e Valdenir Queiroz Ribeiro²

Introdução

O feijão-caupi é uma cultura de grande importância sócio-econômica nas regiões Norte e Nordeste do Brasil. Representa a principal fonte de proteína vegetal e um gerador de emprego e renda para a população nordestina (Freire Filho et al. [1]). O desenvolvimento de cultivares para atender a demanda dos produtores é crucial para a sustentabilidade do agronegócio de qualquer cultura. Em programas onde a hibridação é necessária para a geração de variabilidade, a seleção de genitores representa a primeira etapa do programa de melhoramento. A seleção de genitores com caracteres especiais e adaptados às condições de cultivo é fundamental para obtenção de sucesso no melhoramento. Neste sentido, o pré-melhoramento de feijão-caupi objetiva a caracterização morfoagronômica de acessos do Banco Ativo de Germoplasma e a incorporação de genes úteis ou potencialmente úteis em cultivares elites, visando o desenvolvimento de linhagens pré-melhoradas, a serem incorporados como genitores no programa de melhoramento. Estudos sobre caracterização morfoagronômica de acessos de feijão-caupi com base em descritores têm sido conduzidos (Marinho et al.[2], Negri et al.[3]). A avaliação de divergência entre acessos promissores é condição indispensável para obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de transgressivos (Cruz & Carneiro [4]). Neste sentido, estudos visando a avaliação da variabilidade de caracteres (Bezerra et al. [5], Lopes et al.[6], Oliveira et al. [7], Omoigui et al.[8]) e a divergência genética entre genótipos (Oliveira et al.[9], Fall et al.[10]), têm sido conduzidos em feijão-caupi. A distância generalizada de Mahalanobis e o método de Tocher têm sido as metodologias mais comumente utilizadas para analisar a dissimilaridade e o agrupamento, respectivamente, entre genótipos de feijão-caupi, a partir de dados fenotípicos (Oliveira et al. [9], Sonaware & Patil [11]). A divergência entre acessos de feijão-caupi com base em dados moleculares (Fall et al.[10]) também tem sido acessada.

O objetivo do trabalho foi quantificar a divergência fenotípica entre 54 genótipos de feijão-caupi para a seleção de genitores como uma etapa do programa de pré-melhoramento.

Material e Métodos

Foram avaliados 54 genótipos (48 acessos caracterizados morfoagronomicamente e cinco cultivares e uma linhagem elite) do Banco Ativo de Germoplasma e da Coleção de Trabalho de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte. O experimento foi conduzido em condições irrigadas (aspersão) no período de setembro a dezembro de 2006, no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, no município de Teresina, PI. Utilizou-se o delineamento de blocos incompletos com testemunhas comuns e duas repetições. A parcela experimental foi representada por uma fileira de 4m, no espaçamento 1,40 x 0,25 m.

Foram semeadas três sementes por cova e realizada o desbaste para um planta por cova, 15 dias após a germinação. Os tratos culturais consistiram de capinas (manual e química) e de aplicação de inseticida para o controle de pulgões e vaquinhas, quando necessário.

Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de inserção das vagens superiores (AIVS), número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para a maturidade (NDM), comprimento de vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G) e produtividade de grãos (PG).

Foram realizadas análises de variância, visando a verificação de diferenças e do desempenho médio dos genótipos, e multivariada, com a finalidade de acessar a divergência entre os genótipos. Para acessar a diversidade entre genótipos, com base em variáveis quantitativas, utilizou-se o agrupamento de Ward a partir das estimativas de distância euclidiana média padronizada, segundo Cruz &

Carneiro [4], dada por:
$$d_{ij}^2 = \frac{1}{v} \sum_j (Y_{ij} - \bar{t}^j)^2$$

sendo v o número de características estudadas.

No método de Ward considera-se, para a formação inicial do grupo, aqueles indivíduos que proporcionam a menor

1. Bolsista CNPq da Embrapa Meio-Norte e aluna de Graduação/Agronomia/UFPI, Campus Universitário Ministro Petrônio Portela, Teresina, PI, CEP 64049-550. E-mail:

2. Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, B. Buenos Aires, Teresina, PI, CEP 64006-220. E-mail: mmrocha@cpamn.embrapa.br; freire@cpamn.embrapa.br; valdenir@cpamn.embrapa.br

3. Bolsista FACEPE da Embrapa Meio-Norte. Av. Duque de Caxias, 5650, B. Buenos Aires, Teresina, PI, CEP 64006-220. E-mail: clacentenario@bol.com.br; gislannebio@yahoo.com.br

4. Pesquisadora da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, B. 13 de Julho, Aracaju, SE, CEP 49025-040. E-mail: srrramos@cpatc.embrapa.br

Apoio financeiro: CNPq e EMBRAPA

soma de quadrados dos desvios. O agrupamento é realizado a partir das somas de quadrados dos desvios entre genótipos ou, alternativamente, a partir do quadrado da distância euclidiana. A interpretação da similaridade ou dissimilaridade entre genótipos foi realizada por meio das estimativas de distâncias, auxiliada por dendrograma.

As análises foram realizadas por meio do programa computacional GENES (Cruz [12]).

Resultados e Discussão

As distâncias euclidianas médias entre pares de genótipos são apresentadas na Tabela 1. Observa-se que os genótipos mais similares são 18 e 48, 31 e 41, 3 e 28 e, 16 e 21, pois apresentaram estimativas nulas de distâncias, em termos percentuais. A análise de agrupamento evidenciou a existência de 25 grupos, plotados no dendrograma (Figura 1), com a separação nítida de dois grandes grupos, sendo que, entre esses dois grupos, os genótipos mais divergentes foram 18 e 38. O grupo I foi formado pelos genótipos 18, 6, 11, 12, 13, 18, 24, 25, 26, 27, 31, 32, 34, 37, 39, 40, 41, 44, 45, 46, 47, 48, 50, 52, 53, 54, enquanto que o grupo II, pelos genótipos 1, 2, 3, 4, 5, 7, 8, 9, 10, 14, 15, 16, 17, 19, 20, 21, 22, 23, 28, 29, 30, 33, 35, 36, 38, 42, 43, 49, 51. Com base na premissa de que genótipos mais similares apresentam uma baixa probabilidade de segregação transgressiva, conforme Cruz & Carneiro [4], cruzamentos entre esses pares de genótipos, como genitores, deve ser evitada. Os genótipos mais divergentes entre si, ou seja, que apresentaram maiores estimativas de distâncias foram 1 e 6 (100%), 6 e 13 (90,14%), e 6 e 12 (82,19%). A diversidade fenotípica expressada entre esses genótipos evidencia-os como genitores com potencial para combinações híbridas, que proporcionariam a formação de uma população com ampla base genética e com maior probabilidade de se obter, nas gerações segregantes, novas combinações gênicas, com características para um alto potencial produtivo, conforme relato de Oliveira et al. [9]. Na seleção dentro de grupos de genitores divergentes, deve-se priorizar a seleção daqueles que apresentam maiores médias para as características objeto do melhoramento.

Considerando-se que o objetivo deste trabalho é seleção de genitores para o pré-melhoramento e que os genótipos 49, 50, 51, 52 e 53, representam elites, com alta produtividade de grãos, e que os genótipos de número 1 a 48 representam acessos com média a baixa produtividade de grãos, de acordo com o agrupamento de Ward visualizado pelo dendrograma (Figura 1), boas combinações híbridas seriam os cruzamentos entre: 1) cultivares x cultivares: 49 (BRS-Marataoã) x 50 (Canapuzinho), 49 (BRS-Marataoã) x 52 (BRS Guariba),

49 (BRS-Marataoã) x 53 (BRS Milênio), 49 (BRS-Marataoã) x 54 (Pretinho/PA), 51(MNC99-510F-18) x 50 (Canapuzinho), 51 (MNC99-510F-18) x 52 (BRS-Guariba), 51 (MNC99-510F-18) x 53 (BRS-Milênio), 51 (MNC99-510F-18) x 54 (Pretinho/PA); 2) cultivares x acessos com boas médias e mais divergentes em relação às cultivares..

Agradecimentos

Os autores agradecem ao CNPq, pela concessão de bolsa de iniciação científica; à EMBRAPA pelo auxílio financeiro, infra-estrutura e recursos humanos; e à UFPI pelo auxílio de alunos de graduação na condução dos experimentos.

Referências

- [1] FREIRE FILHO, F.R.; LIMA, J.A.A.; RIBEIRO, V.Q. 2005. Feijão-caupi: avanços tecnológicos. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 519p.
- [2] MARINHO, J.T.S.; PEREIRA, R.C.A.; COSTA, J.G. 2001. Caracterização de cultivares de caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), em plantios no Acre. Rio: Embrapa Acre. 13p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento. Embrapa Acre, 31).
- [3] NEGRI, V.; TOSTIO, N.; FALCINELLI, M.; VERONESI, F. 2000. Characterization of thirteen cowpea landraces from Úmbria (Italy). Strategy for their conservation and promotion. Genetic Resources and Crop Evolution, v.47, p.141-146.
- [4] CRUZ, C.D. & CARNEIRO, P.C.S. 2003. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v.2. Viçosa: Editora UFV. 585p.
- [5] BEZERRA, A.A.C.; ANUNCIACÃO FILHO, C.J.; FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q. 2001. Inter-relação entre caracteres de caupi de porte ereto e crescimento determinado. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.36, n.1, p.137-142.
- [6] LOPES, A.C.A.; FREIRE FILHO, F.R.; SILVA, R.B.Q.; CAMPOS, F.L.; ROCHA, M.M. 2001. Variabilidade e correlações entre caracteres agrônômicos em caupi. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.36, n.3, p.515-520.
- [7] OLIVEIRA, F.J.; ANUNCIACÃO FILHO, C.J.; BASTOS, G.Q.; REIS, O.V.; TEÓFILO, E.M. 2003. Caracteres agrônômicos aplicados na seleção de cultivares de caupi. Revista Ciência Agronômica, v.34, n.1, p.44-50.
- [8] OMOIGUI, L.O.; ISHIYAKU, M.F.; KAMARA, A.Y.; ALABI, S.O.; MOHAMMED, S.G. 2006. Genetic variability and heritability studies of some reproductive traits in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). African Journal of Biotechnology, v.5, n.3, p.1191-1195.
- [9] OLIVEIRA, F.J.; ANUNCIACÃO FILHO, C.J.; BASTOS, G.Q.; REIS, O.V. 2003. Divergência genética entre cultivares de caupi. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.38, n.5, p.055-611.
- [10] FALL, L.; DIOUF, D.; FALL-NDIAYE, M.A.; BADIANE, F.A.; GUEYE, M. 2003. Genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) varieties determined by ARA and RAPD techniques. African Journal of Biotechnology, v.2, n.2, p.48-50.
- [11] SONAWARE, M.N. & PATIL, F.B. 1991. Genetic divergence in forage cowpea. Journal of Maharashtra Agricultural Universities, v.16, n.2, p.167-169.
- [12] CRUZ, C.D. 2001. Genes: programa para análise e processamento de dados em modelos de genética e estatística experimental. Viçosa: Editora UFV. 648p.

Figura 1. Dendrograma resultante da análise de agrupamento de 54 genótipos de feijão-caupi, com base no método de Wardde.