

Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC¹

Genetic divergence among cowpea UFC germplasm bank accessions

Cândida Herminia Campos de Magalhães Bertini^{2*}, Elizita Maria Teófilo³ e Francisco Tiago Cunha Dias⁴

Resumo - O objetivo deste trabalho foi caracterizar a variabilidade genética de caracteres agrônômicos e botânicos e quantificar a divergência genética entre acessos de feijão-caupi por meio de análise multivariada, visando à seleção de parentais superiores. Foram utilizados 16 acessos de feijão-caupi do Banco de Germoplasma do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, incluindo uma testemunha. A parcela experimental foi constituída por cinco plantas em um espaçamento de 1 m x 1m. Foram avaliados o número de dias para o florescimento (F), a duração do ciclo da planta (C), o comprimento da vagem (CVA), o número de vagens por planta (NVP), o número de sementes por vagem (NSV), o peso de cem sementes (P100S), a produção total (P) e a produção por planta (P/PL). Os acessos apresentaram elevada variabilidade genética para a maioria dos caracteres avaliados. Os caracteres CVA, NVP, NSV, PCS, P e P/PL, apresentaram valores de h^2_a acima de 90% indicando a possibilidade de progresso genético com a seleção. Os cruzamentos entre os acessos CE-246 e CE-93, CE-246 e CE-785, CE-246 e CE-873 podem resultar em novas combinações gênicas e retrocruzamentos podem ser efetuados utilizando-se os acessos que foram agrupados em conjunto.

Palavras-chave - *Vigna unguiculata* L. Análise multivariada. Genitores. Seleção.

Abstract - The objective of this study was to characterize the genetic variability of agronomic and botanical traits and to quantify the genetic divergence of cowpea varieties through multivariate analysis, targeting the selection of parental that demonstrate superior characters. We used 16 cowpea varieties of the Ceará Federal University germplasm bank, including a witness in a randomized design, with four replications. The experimental plot consisted of five plants in a spacing of 1 m x 1m. It was evaluated the time to flowering (F), duration of the cycle of the plant (C), length of the pod (CVA), number of pods per plant (NVP), number of seeds per pod (NSV), weight of a hundred seeds (P100S), total production (P) and production in grams per plant (P/PL). The varieties showed high genetic variability for most characters evaluated. The characters CVA, NVP, NSV, PCS, P and P/PL, showed values of h^2_a above 90% indicating the possibility of genetic progress with the selection. The crossings between varieties CE-246 and CE-93, CE-246 and CE-785, CE-246 and CE-873 could result in new genetic combinations and backcrossing can be made using the access grouped together.

Key words - *Vigna unguiculata* L. Multivariate analysis. Parents. Selection.

* Autor para correspondência

¹Recebido para publicação em 17/07/2008; aprovado em 08/12/2008

²Eng. Agrônoma, Dra. Fitotecnia, UFV, MG, pesquisadora Prof^a do Dep. de Fitotecnia, CCA/UFC, Bloco 805, Caixa Postal: 12.168, Campus do Pici, CEP: 60.455-970, Fortaleza-CE, candida@ufc.br

³Eng. Agrônoma, Dra. Agronomia/Fitotecnia, UFPA, MG, pesquisadora do Dep. de Fitotecnia, CCA/UFC; elizita@ufc.br

⁴Eng. Agrônomo, aluno de mestrado em Fitotecnia; CCA/UFC, ftcdias@gmail.com

Introdução

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* L. (Walp.)] é uma leguminosa utilizada como alimento básico, sobretudo na região Nordeste, onde é considerado uma das principais fontes de proteína vegetal. Além de constituir um importante componente da dieta da população do Nordeste, esta cultura é também um importante gerador de emprego e renda para essa região. Na safra 2007/08 a área plantada com feijão na região Nordeste foi de 2.276.700 ha e a produtividade foi de 441 kg ha⁻¹ (CONAB, 2008). Entretanto, essa produtividade não reflete o potencial genético dos cultivares utilizados, pois já foram obtidas, em condições experimentais, produtividades de grãos secos acima de 3 t ha⁻¹ (BEZERRA, 1997).

No nordeste do Brasil, vários cultivares de feijão-caupi têm sido desenvolvidos por meio de melhoramento genético clássico, visando predominantemente à incorporação de caracteres agrônômicos desejáveis, tais como elevada produtividade, plantas apresentando arquitetura com porte semi-enramador e resistência às principais pragas (*Aphis* spp., *Chalcoedermus bimaculatus*, *Callosobruchus maculatus* e outras) (FREIRE FILHO, 1988). As informações obtidas a partir da caracterização e avaliação dos materiais provenientes de bancos de germoplasma constituem ferramentas importantes para pesquisadores, principalmente melhoristas. Tradicionalmente, a caracterização de germoplasma tem sido realizada por meio de vários caracteres morfoagronômicos e, mais recentemente, por meio de marcadores moleculares. Apesar de caracteres morfoagronômicos serem influenciados pelo ambiente, alguns trabalhos, como o de Silva et al. (2005), demonstraram que alguns desses caracteres podem apresentar pouco efeito ambiental no comportamento de genitores e concluíram que é possível inferir sobre a divergência genética do material avaliado, tanto em nível molecular quanto por meio desses caracteres.

A avaliação da divergência genética se destina à identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de genótipos transgressivos (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Dessa forma, a divergência genética tem sido estudada em várias culturas, visando à seleção de genitores para formação de híbridos ou mesmo para a formação de novas populações segregantes oriundas do inter cruzamento de genótipos divergentes com características agrônômicas complementares (MACHADO et al., 2002; BARBIERI et al., 2005; BONETT et al., 2006; VIANA et al., 2006; AMORIM et al., 2007 e ARRIEL et al., 2007).

Vários trabalhos avaliando divergência genética em feijão-caupi foram realizados utilizando caracteres

morfoagronômicos (BEZERRA, 1997; OLIVEIRA et al., 2003; PASSOS et al., 2007), marcadores moleculares (MIGNOUMA et al., 1998; BA et al., 2004; XAVIER et al., 2005) e, ambos, morfoagronômicos e marcadores moleculares (SARUTAYOPHAT et al., 2007). 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). Diferentes técnicas de análise multivariada têm sido usadas para estimar a divergência genética (BENIN et al., 2003), dentre elas, os métodos aglomerativos, que dependem fundamentalmente de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, como a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Objetivou-se com esse trabalho caracterizar a variabilidade genética e quantificar a divergência genética de 16 acessos de feijão-caupi por meio de análise multivariada, com a finalidade de auxiliar na seleção e no desenvolvimento de novos cultivares.

Material e métodos

Foram utilizados 16 acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará (CCA/UFC). O experimento foi instalado em agosto de 2006 em um campo experimental do CCA/UFC, em Fortaleza-CE, em uma área de 390 m². O delineamento experimental adotado foi em blocos ao acaso, com quatro repetições, 15 diferentes acessos, cujo potencial é desconhecido, e uma testemunha, Epace-10, cultivar recomendada para plantio no Estado do Ceará. A parcela experimental foi constituída por cinco plantas em um espaçamento de 1 m x 1 m. O espaçamento adotado foi utilizado visando a evitar possíveis cruzamentos entre os diferentes acessos, desde que um dos objetivos do trabalho foi multiplicar sementes de cada material para o banco de germoplasma.

Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o florescimento (F), duração do ciclo da planta em dias (C), comprimento da vagem em centímetros (CVA), número de vagens por planta (NVP), número de sementes por vagem (NSV), peso de cem sementes em gramas (PCS), produção total em gramas (P) e produção por planta em gramas (P/PL). Os dados foram submetidos à análise estatística após a obtenção dos valores médios de cada variável por parcela. Também foram coletados dados referentes a caracteres botânicos, como cor do grão, cor da flor, porte da planta, forma do folíolo e posição da vagem na planta.

Empregou-se a análise de variância univariada para verificar a variabilidade genética existente entre os acessos

em relação às oito variáveis mencionadas anteriormente. Foram obtidos os arquivos de médias e a matriz de variância e covariâncias residuais, sendo as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott. Foram estimados os parâmetros genéticos e ambientais como herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) e coeficientes de variação genético (CVg) e ambiental (CVe). Todas as análises estatísticas foram testadas considerando-se um nível de probabilidade de 1%.

Na análise da diversidade genética foram empregados métodos multivariados, onde foram aplicadas técnicas de agrupamento e de variáveis canônicas. Na técnica de agrupamento, foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade a partir da qual se realizou o agrupamento dos diferentes acessos por meio do método de otimização de Tocher e método hierárquico UPGMA. Na análise de variáveis canônicas, a divergência genética foi evidenciada por meio de gráficos cartesianos de dispersão dos escores, sendo os eixos representados pelas primeiras variáveis canônicas. Todas as análises foram realizadas utilizando-se o programa computacional GENES (CRUZ, 2001).

Resultados e discussão

A caracterização botânica realizada nos 16 acessos de feijão-caupi mostrou uma grande variabilidade quanto aos caracteres relacionados ao tipo de porte da planta e forma de folíolo (Tabela 1). Dos dezesseis acessos, quatro apresentaram porte ereto, sete semi-erectos e cinco, enramador. Existem interesses diferentes por parte dos agricultores cearenses quanto ao tipo de porte no feijão-caupi. Enquanto os produtores que não utilizam a irrigação preferem os tipos enramador ou semi-enramador, os agricultores que irrigam, têm estabelecido demanda pelo porte ereto (moita) (BARRETO, 2006), sendo importante a obtenção de cultivares que possam atender as duas demandas.

Os resultados do teste F detectaram diferenças significativas entre os acessos, para todos os caracteres avaliados, evidenciando-se, portanto, a presença de variabilidade genética entre os acessos estudados (dados não mostrados). Os valores médios e os resultados da aplicação do teste de Scott-Knott são apresentados na Tabela 2. Os tratamentos diferiram significativamente para todos os caracteres quantitativos avaliados. O coeficiente de variação para os oito caracteres oscilou entre 4,89% a 38,91% para comprimento de vagem e produção por planta, respectivamente. Sendo, portanto, considerados valores de baixo a médio, indicando boa precisão experimental.

Os acessos apresentaram grande variação para a maioria dos caracteres quantitativos avaliados. Os valores médios de comprimento de vagem variaram entre

11,95 cm e 46,46 cm, para os acessos CE-232 e CE-172, respectivamente. O acesso CE-172 é um cultigrupo da subespécie unguiculata, denominado sesquipedalis ou vulgarmente conhecido como “feijão-de-metro” por apresentar vagens com maior comprimento que os demais acessos, podendo ser comercializado como vagem.

Os valores médios da produção e produção por planta apresentaram uma variação de 35,65 g a 328,15 g e 8,41 g a 76,16 g, respectivamente. As médias estimadas para peso de 100 sementes variaram de 7,26 g a 24,69 g, sendo todas essas diferenças significativas. O acesso que apresentou maior produção foi o CE-871 com 328,15 g, sendo um valor aproximado ao obtido para a testemunha (EPACE-10). No entanto, o acesso CE-246 que apresentou maior P/PL (76,16 g), também apresentou o maior NVP (90,04). Esses valores foram superiores aos encontrados para a testemunha (P/PL = 64,60 g e NVP = 21,50). Oliveira et al. (2003), avaliando 16 acessos do banco de germoplasma da UFC, obtiveram uma média para produção de grãos por planta de 30,63 g, sendo o maior valor detectado para o acesso S-288 igual a 42,33 g. O valor médio encontrado no presente trabalho para essa característica foi de 43,26 g.

Na Tabela 3 encontram-se as estimativas dos parâmetros genéticos para as diferentes características avaliadas. Os caracteres P/PL (51,89%) e PCS (35,01%) foram os que apresentaram os mais altos coeficientes de variação genética, seguidos do NSV (18,25%), NVP (17,37%), P (14,37%), CVA (11,50%), F (6,99%) e C (5,94%). Sawant (1994) observou valores de coeficientes de variação genética elevados para P/PL e PCS em feijão-caupi. A relação entre o coeficiente de variação genética (CVg) e o coeficiente de variação ambiental (CVe) mostrou valores elevados para a maioria dos caracteres, acima de 1,0, excetuando-se F (0,85) e C (0,84). As estimativas da herdabilidade foram expressas para todos os caracteres avaliados, variando de 74,19% para C a 99,38% para CVA. Isso sugere a possibilidade de progresso genético com a seleção desses caracteres.

A utilização do método de Otimização de Tocher possibilitou a distribuição das variedades estudadas em dez grupos distintos (Tabela 4). Os grupos II (S-35 e Hot 7909-Purple) e I (V-52 Texa Purple Hull e Manteguinha) apresentaram as maiores medidas de dissimilaridade (195,06 e 124,44), enquanto os grupos IV (2000 e TVu-2380) e V (CE-61, Mississipi V-60 e TVx 6-4H) as menores (28,74 e 41,61). Valores mínimos de D^2 foram obtidos entre os grupos IV e V (43,04), VII e X (50,16), I e IV (60,07), evidenciando que o inter cruzamento dos genótipos componentes destes respectivos pares de grupos pode não ser muito indicado para a obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes. As maiores distâncias médias foram obtidas entre o grupo IX

Tabela 1 - Discriminação dos acessos de feijão-caupi, registro no CCA/UFC, nome de origem e caracteres botânicos. Fortaleza, CE. 2006

| Registros CCA/ UFC (N°) | Nome de origem | Características Botânicas | | | | |
|-------------------------------|--------------------------|---------------------------|-------------|------------|---------------------|---------------------|
| | | Cor do Grão* | Cor da flor | Porte | Forma do folíolo | Posição da vagem |
| CE-61 (1) | - | Vn | violeta | semi-ereto | globoso | acima |
| CE-79 (2) | S-35 | Bma | branca | enramador | globoso | acima |
| CE-93 (3) | Lot-7417- 3BE-38 | Ma | violeta | semi-ereto | globoso | acima |
| CE-115 (4) | Hot 7909- Purple | Bvn | branca | semi-ereto | semi- lanceolado | no meio |
| CE-172 (5) | 4280 | P | violeta | enramador | lanceolado | abaixo |
| CE-179 (6) | Mississippi V-60 | Ma | violeta | ereto | semi- lanceolado | no meio |
| CE-224 (7) | V-52 Texa Purple Hull | Cr | branca | ereto | lanceolado | no meio |
| CE-232 (8) | Top Set | Cr | branca | semi-ereto | semi- lanceolado | acima |
| CE-234 (9) | Manteguinha | Cr | branca | enramador | globoso | acima |
| CE-246 (10) | 62-P1 | Ma | branca | enramador | lanceolado | no meio |
| CE-313 (11) | 2000 | Ma | violeta | semi-ereto | semi- lanceolado | no meio |
| CE-510 (12) | TVx 6-4H | Bp | violeta | ereto | semi- lanceolado | no meio |
| CE-785 (13) | L 1101 (IPA) | Ma | violeta | ereto | globoso | acima |
| CE-787 (14) | L 1041 (IPA) | Ma | violeta | enramador | globoso | acima |
| CE-871 (15) | TVu-2380 | Ma | branca | semi-ereto | semi- lanceolado | acima |
| CE-873 (16) | Epace-10 | Ma | violeta | semi-ereto | semi- lanceolado | acima |

* Cores dos grãos (Vn – vinagre; Cr – creme; Bvn – branco com o halo cor vinagre; Bma – branco com o halo cor marrom; Bp – branco com o halo cor preta; Ma – marrom e P – preta)

e os demais grupos (I, II, III, IV, V, VI, VII, VIII, e X), correspondendo às maiores divergências entre grupos e indicando provavelmente as melhores combinações para cruzamentos.

Os valores máximos de divergência genética, calculados com base na distância de Mahalanobis, foram obtidos para os pares CE-232 e CE-172 ($D^2 = 2239,30$) e CE-234 e CE-172 ($D^2 = 2117,83$), enquanto os menores valores de D^2 foram apresentados pelos pares CE-224 e CE-179 ($D^2 = 4,34$), CE-115 e CE-179 ($D^2 = 5,66$), CE-93 e CE-79 ($D^2 = 6,19$), CE-224 e CE-115 ($D^2 = 7,96$) e CE-313 e CE-61 ($D^2 = 8,64$). A grande amplitude de D^2 indica a grande variabilidade genética existente no grupo de acessos avaliados, apesar da maioria desses acessos ser proveniente do Norte e Nordeste. Resultado semelhante foi obtido por Oliveira et al. (2003) ao realizar estudos

sobre divergência genética entre cultivares de feijão-caupi. Xavier et al. (2005), avaliando a variabilidade genética em acessos de feijão-caupi analisados por meio de marcadores RAPD, encontraram uma similaridade acima de 80%, mesmo quando os acessos eram oriundos de diferentes áreas geográficas (Brasil, Nigéria e EUA).

Com relação à distância máxima de D^2 obtida entre todas as possíveis combinações de cada um dos acessos estudados, observou-se que todos os acessos apresentaram suas respectivas D^2 máximas quando combinados com o acesso CE-172, indicando esse acesso como o mais divergente no grupo de germoplasma avaliado. Esse mesmo resultado foi verificado com o agrupamento realizado com base no método UPGMA (Figura 1) obtido com base nas distâncias Euclidianas. Esse fato pode ser justificado pelo fato do acesso CE-172 pertencer a um

Tabela 2 - Valores médios de cinco plantas avaliadas em 16 acessos de feijão-caupi e resultados da aplicação do teste de Scott-Knott para oito caracteres estudados, floração (F), ciclo (C), comprimento da vagem (CVA), número de vagem por planta (NVP), número de sementes por vagem (NSV), peso de cem sementes (PCS), produção em gramas (P) e produção por planta (P/PL). Fortaleza, CE. 2006 ⁽¹⁾

| Acessos | F | C | CVA (2) | NVP (2) | NSV | PCS | P (2) | P/PL |
|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|----------|---------|
| CE-61 | 43,75 b | 63,25 b | 16,32 f | 36,16 b | 14,45 b | 11,31 f | 196,31 b | 49,43 a |
| CE-79 | 56,00 a | 76,25 a | 24,11 c | 17,70 c | 15,35 b | 24,12 a | 312,29 a | 71,90 a |
| CE-93 | 51,25 a | 71,50 a | 26,01 b | 25,40 c | 16,51 a | 24,69 a | 292,73 a | 73,33 a |
| CE-115 | 47,75 a | 66,00 b | 16,66 f | 18,86 c | 11,90 c | 15,08 e | 84,25 c | 21,11 b |
| CE-172 | 48,00 a | 66,00 b | 46,46 a | 15,56 c | 11,57 c | 14,15 e | 65,92 c | 20,20 b |
| CE-179 | 44,25 b | 66,50 b | 16,30 f | 15,03 c | 12,55 b | 16,73 d | 58,28 c | 21,93 b |
| CE-224 | 45,00 b | 64,50 b | 16,79 f | 18,72 c | 13,15 b | 16,81 d | 49,42 c | 35,81 b |
| CE-232 | 52,00 a | 76,25 a | 11,95 g | 34,57 b | 14,33 b | 8,25 g | 119,61 b | 25,16 b |
| CE-234 | 49,25 a | 73,00 a | 12,29 g | 33,86 b | 13,15 b | 7,26 g | 101,54 c | 28,39 b |
| CE-246 | 47,50 a | 69,75 a | 16,50 f | 90,04 a | 15,48 a | 11,31 f | 173,59 b | 76,16 a |
| CE-313 | 48,00 a | 66,50 b | 16,43 f | 16,62 c | 14,07 b | 12,38 f | 127,64 b | 30,06 b |
| CE-510 | 40,75 b | 62,50 b | 12,55 g | 31,00 b | 9,25 d | 14,11 e | 59,08 c | 31,74 b |
| CE-785 | 48,25 a | 73,00 a | 22,77 d | 18,75 c | 15,17 a | 22,09 b | 185,98 b | 63,02 a |
| CE-787 | 46,00 b | 66,75 b | 18,80 e | 7,76 c | 7,32 d | 22,73 b | 35,65 c | 8,41 b |
| CE-871 | 43,75 b | 63,25 b | 19,10 e | 50,89 b | 16,12 a | 11,79 f | 328,15 a | 70,82 a |
| CE-873 | 43,25 b | 62,75 b | 21,93 d | 21,50 c | 15,97 a | 20,59 c | 323,03 a | 64,60 a |
| Médias | 47,17 | 67,98 | 19,69 | 28,27 | 13,52 | 15,84 | 157,09 | 43,26 |
| CV(%) | 8,22 | 7,01 | 4,89 | 35,92 | 9,60 | 6,10 | 38,91 | 26,53 |

Tabela 3 - Estimativas do coeficiente de variação genética (CVg), herdabilidade (h^2_a) e a razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CVg/Cve) correspondentes aos oito caracteres da planta, obtidos a partir das esperanças dos quadrados médios da análise de variância. Fortaleza, CE. 2006

| Caráter | CVg (%) | CVg/Cve | h^2_a (%) |
|---------|---------|---------|-------------|
| F | 6,99 | 0,85 | 74,35 |
| C | 5,94 | 0,84 | 74,19 |
| CVA* | 11,50 | 6,32 | 99,38 |
| NVP* | 17,38 | 1,90 | 93,52 |
| NSV | 18,25 | 1,90 | 93,53 |
| PCS | 35,01 | 5,73 | 99,24 |
| P* | 14,38 | 1,87 | 93,33 |
| P/PL | 51,89 | 1,95 | 93,86 |

* Análises realizadas com dados transformados para ln

cultigrupo da subespécie unguiculata (sesquipedalis), diferenciando-se mais dos outros acessos que não apresentam tal classificação.

Os resultados obtidos por meio da avaliação por variáveis canônicas são apresentados na Figura 2.

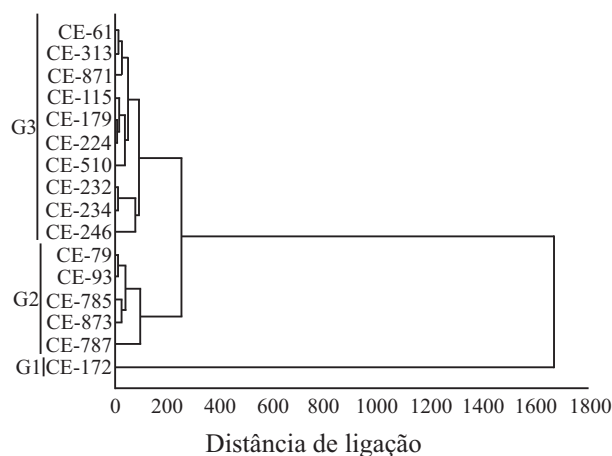


Figura 1 - Dendrograma resultante da análise de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA obtido com base na distância euclidiana. Os traços indicam os três grupos formados

Nesta figura observa-se que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram 92,72% da variação total. Dessa forma, conforme critério adotado por Cruz e Regazzi (2001), pôde ser realizado o estudo da dissimilaridade genética no espaço bidimensional. Na avaliação dos grupos formados por meio da técnica de agrupamento

Tabela 4 - Agrupamento dos 16 variedades de feijão-caupi por meio do método de Otimização de Tocher, em função da Distância Generalizada de Mahalanobis. Fortaleza, CE. 2006

| Grupos | Variedades | Quantidades de variedades | Distâncias médias |
|--------|-------------------------------------|---------------------------|-------------------|
| I | V-52 Texa Purple Hull e Manteguinha | 2 | 124,44 |
| II | S-35 e Hot 7909-Purple | 2 | 195,06 |
| III | L 1101 (IPA) e L 1041 (IPA) | 2 | 70,80 |
| IV | 2000 e TVu-2380 | 2 | 28,74 |
| V | CE-61, Mississipi V-60 e TVx 6-4H | 3 | 41,61 |
| VI | 62-P1 | 1 | - |
| VII | Epace-10 | 1 | - |
| VIII | Top Set | 1 | - |
| IX | 4280 | 1 | - |
| X | Lot-7417-3BE-38 | 1 | - |

hierárquico UPGMA, observou-se a formação de três grupos. Portanto, os dezesseis acessos foram separados em três grupos de acordo com o método hierárquico UPGMA e variáveis canônicas (Figuras 1 e 2).

O primeiro grupo foi constituído pelo acesso CE-172, ficando este isolado dos demais; o segundo grupo foi constituído pelos acessos CE-79, CE-93, CE-785, CE-873 e CE-787 e o terceiro grupo pelos acessos CE-61, CE-313, CE-871, CE-115, CE-179, CE-224, CE-510, CE-232, CE-234 e CE-246. Observando-se algumas características botânicas e quantitativas de cada um desses acessos verificou-se que os acessos do grupo dois apresentaram características semelhantes, como grãos de cor marrom, flor de cor violeta, folíolo globoso e vagens localizadas acima

da planta. No grupo três as características predominantes entre os acessos foram: grãos de cor variando de creme a marrom, flores de cor branca, porte semi-ereto, folíolo semi-lanceolado e vagens localizadas no meio da planta. O grupo um, constituído pelo acesso CE-172 foi o único a apresentar grão de cor preta. Esses resultados indicam que os descritores utilizados foram eficientes em discriminar os diferentes acessos. A separação dos grupos em função da cor dos grãos também foi verificada por Xavier et al. (2005) que apresentaram o mesmo perfil eletroforético quando analisados com marcadores RAPD. Por outro lado, Mignouma et al. (1998) observaram perfis distintos entre acessos de feijão-caupi com coloração do tegumento da semente similar, quando analisados por RAPD.

Em relação às características CVA, PCS e P/PL também foi verificada uma tendência para o agrupamento de acessos. Os resultados apresentados mostram que o agrupamento foi coerente com as características morfoagronômicas avaliadas em cada acesso. Dessa forma, os pares de acessos que foram mais divergentes podem ser utilizados em cruzamentos e os menos divergentes, ou seja, mais similares, em programas de retrocruzamento. Considerando tanto o aspecto de aceitação comercial como a obtenção de cultivares mais produtivos, as recombinações entre o acesso CE-246, o mais produtivo, e os acessos CE-93, CE-785 e CE-873, podem resultar em novas combinações gênicas e, posteriormente, novas cultivares que atendam as expectativas tanto do produtor como da população.

Considerando apenas os 16 acessos estudados neste trabalho, os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética foram o comprimento de vagem (69,04%) e o peso de cem sementes (19,94%). Os caracteres que menos contribuíram para a divergência genética detectada nesse germoplasma foram P/PL

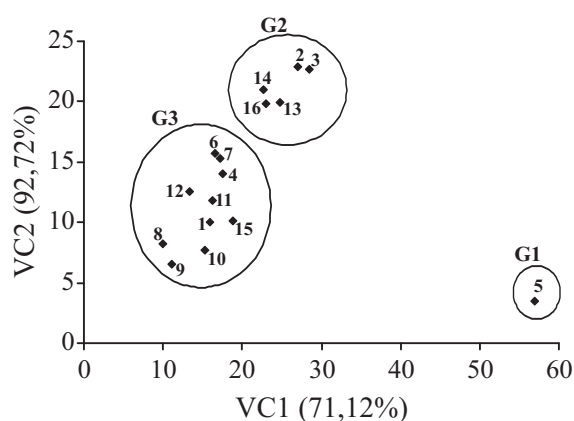


Figura 2 - Dispersão de escores de 16 acessos de feijão-caupi em relação a duas variáveis canônicas (VC1 e VC2) e variância acumulada (%), tendo como base a avaliação de características morfoagronômicas. (G1, indica o grupo 1, G2 o grupo 2 e G3, o grupo 3)

(1,34%), P (2,12%), NVP (2,70%) e NSV (2,72%). Resultados semelhantes foram observados por Oliveira et al. (2003), analisando a divergência genética entre cultivares de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC (Bengala, Pitiúba, Branquinho, José do Santo, CE-525, Sempre Verde, Carrapicho, TVu 4369, V-4 Alagoas, V-6 Jaguaribe, V-11 Rubi, TVu 476-P2, TVu 2331, TVx-337-3F, Vita 4 e S-388). Os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética no trabalho realizado por Passos et al. (2007) foram produtividade de vagens (43,91%), para os genótipos de porte prostrado, e produtividade de vagens (35,92%), comprimento de vagem (28,56%) e massa de grãos por vagem (28,14%), para os genótipos de porte semi-ereto. Segundo Oliveira et al. (2003), os estudos de divergência genética aplicada em feijão-caupi têm mostrado resultados discordantes quanto à contribuição de cada componente para a diversidade.

Conclusões

1. Os caracteres CVA, NVP, NSV, PCS, P e P/PL apresentaram valores de herdabilidade acima de 90%, indicando a possibilidade de progresso genético com a seleção desses caracteres.
2. Os cruzamentos entre os acessos CE-246 e CE-93, CE-246 e CE-785, CE-246 e CE-873 podem resultar em novas combinações gênicas por serem divergentes e reunirem características agrônomicas desejáveis.
3. Retrocruzamentos podem ser efetuados utilizando-se os acessos agrupados em conjunto, permitindo maior rapidez na recuperação dos alelos dos genitores recorrentes.

Referências

- AMORIM, E. P. et al. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência Agrotecnologia**, v. 31, n. 06, p. 1637-1644, 2007.
- ARRIEL, N. H. C. et al. Genetic divergence in sesame based on morphological and agronomic traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p.253-261, 2007.
- BA, F. S. et al. Genetic diversity in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] as revealed by RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 51, p. 539-550, 2004.
- 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.
- BARRETO, P. D. **Recursos genéticos e programa de melhoramento de feijão-de-corda no Ceará**: avanços e perspectivas. 2006. Disponível em: <<http://www.cpatas.embrapa.br/catalogo/livro/rgcaupinordeste.pdf>>. Acesso em: 10 jun. 2006.
- BEZERRA, A. A. de C. **Variabilidade e diversidade genética em caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] precoce, de crescimento determinado e porte ereto e semi-ereto**. 1997. 105f. Dissertação (Mestrado em Botânica), Universidade Federal Rural de Pernambuco de Recife, Pernambuco.
- BENIN, G. et al. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, v. 33, n. 04, p. 657-662, 2003.
- BONETT, L. P. et al. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 27, n. 4, p. 547-560, 2006.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Avaliação da safra agrícola 2007/2008**: quarto levantamento. 2008.
- CRUZ, C. D. **Programa genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2001. 648p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG : UFV. 2003. 585p. 2 v.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390p. 1 v.
- FREIRE FILHO, F. R. Origem, evolução e domesticação do caupi. In: ARAÚJO, J. P. P. de; WATT, E. E. (eds) **O caupi no Brasil**. Brasília: IITA/Embrapa, 1988. cap.1, p. 27-46.
- MACHADO, C. F. et al. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, v. 32, n. 02, p. 251-258, 2002.
- MIGNOUMA, H. D. et al. Genetic diversity in cowpea as revealed by random amplified polymorphic DNA. **Journal of genetics & Breeding**, v. 53, p. 151-159, 1998.
- OLIVEIRA, F. J. et al. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 05, p. 605-611, 2003.
- PASSOS, A. R. et al. Divergência genética em feijão-caupi. **Bragantia**, v. 66, n. 04, p. 579-586, 2007.
- SARUTAYOPHAT, T. et al. Characterization and genetic relatedness among 37 yardlong bean and cowpea accessions based on morphological characters and RAPD analysis. **Songklanakarin Journal Science Technology**, v. 29, n. 03, 2007.
- SAWANT, D. S. Association and path analysis in cowpea. **Annals of Agricultural Research**, v. 15, n. 02, p. 134-139, 1994.
- SILVA M. P. et al. Diversidade genética e identificação de híbridos por marcadores RAPD em feijão-de-vagem. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 27, n. 03, p.531-539, 2005.
- VIANA, A. P. et al. Genetic diversity in yellow passion fruit populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 6, p. 87-94, 2006.
- XAVIER, G. R. et al. Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 04, p. 353-359, 2005.