



Bragantia

ISSN: 0006-8705

editor@iac.sp.gov.br

Instituto Agronômico de Campinas

Brasil

Rodrigues Passos, Adriana; Alves Silva, Simone; Cruz, Pedro Jacinto; de Moura Rocha, Maurisrael;
de Oliveira Cruz, Elizangela Mércia; Chaves da Rocha, Moema Angélica; Fortes Bahia, Henrique;
Brito Saldanha, Rodrigo
Divergência genética em feijão-caupi
Bragantia, vol. 66, núm. 4, 2007, pp. 379-386
Instituto Agronômico de Campinas
Campinas, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=90866407>

- ▶ Como citar este artigo
- ▶ Número completo
- ▶ Mais artigos
- ▶ Home da revista no Redalyc

 redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM FEIJÃO-CAUPI⁽¹⁾

ADRIANA RODRIGUES PASSOS⁽²⁾; SIMONE ALVES SILVA^(3*); PEDRO JACINTO CRUZ⁽³⁾;
MAURISRAEL DE MOURA ROCHA⁽⁴⁾; ELIZANGELA MÉRCIA DE OLIVEIRA CRUZ⁽²⁾;
MOEMA ANGÉLICA CHAVES DA ROCHA⁽²⁾; HENRIQUE FORTES BAHIA⁽⁵⁾;
RODRIGO BRITO SALDANHA⁽⁵⁾

RESUMO

Este trabalho objetivou avaliar a divergência genética entre genótipos de feijão-caupi, visando à seleção dos mais divergentes e de maior potencial produtivo para indicar como genitores em cruzamentos genéticos para futura recomendação de cultivares aos agricultores do Recôncavo Baiano. Os experimentos foram desenvolvidos na Escola de Agronomia da Universidade Federal da Bahia, Cruz das Almas (BA), utilizando-se 22 genótipos do tipo prostrado e 20 do tipo semi-ereto, dispostos em delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. Foram analisados os caracteres altura da planta, comprimento de vagem, massa de vagens, massa de grãos por vagem, número de grãos por vagem, massa de cem grãos, índice de grãos, produtividade de vagem e de grãos. A divergência genética foi obtida através da distância generalizada de Mahalanobis. Novas combinações gênicas promissoras podem surgir nos cruzamentos entre os genótipos TE97-309G-1, TE97-367G-3, TE97-367G-11 e TE97-430G-12 do tipo prostrado e TE97-321G-4 e TE97-404-1E-1 do tipo semi-ereto. A seleção dos genótipos TE93-244-23F-1, TE97-299G-10 e BR 17-Gurguéia tipo prostrado e os genótipos TE97-321G-4, TE97-406-2E, TE96-282-22G e EV x 91-2E-1 tipo semi-ereto demonstram superioridade para a produtividade de grãos. Os caracteres comprimento de vagem, massa de grãos por vagem e produtividade de vagens são os que mais contribuem para a divergência genética.

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

ABSTRACT

GENETIC DIVERGENCE AMONG COWPEA

This work aimed to evaluate the genetic divergence among cowpea genotypes, for selection of most divergent genotypes and of highest yield potential as parents in crossings as well as for future recommendation of cultivars in the reconcave region in Bahia, Brazil. The experiment was carried out Agronomy School of Universidade Federal da Bahia, Cruz das Almas, State of Bahia, using twenty two erect cowpea and twenty semi-erect cowpea genotypes, in a randomized design, with four replications. The following characters were analyzed: plant height, pod length, pod weight, grain weight for pod, number of grains for pod, weight of hundred grains, grain index, pod yield and grain yield. The genetic divergence was obtained by means of the Mahalanobis generalized distance. New genetic combinations can appear in the crossings among the TE97-309G-1, TE97-367G-3, TE97-367G-11 climbing genotype and TE97-430G-12 and TE97-321G-4 and TE97-404-1E-1 semi-erect genotypes. The selection of the climbing genotypes TE93-244-23F-1, TE97-299G-10 and BR 17-Gurguéia and the TE97-321G-4, TE97-406-2E, TE96-282-22G and EV x 91-2E-1 semi-erect genotypes demonstrated superiority for grain yield. Pod length, weight and yield characters are ones that contribute most to the genetic divergence.

Key words: *Vigna unguiculata*, dissimilarity, genetic variability, selection.

⁽¹⁾ Recebido para publicação em 16 de fevereiro de 2006 e aceito em 9 de maio de 2007.

⁽²⁾ Estudante de Mestrado em Ciências Agrárias. Universidade Federal da Bahia (UFBA), Escola de Agronomia, Campus Universitário, 44380-000. Cruz das Almas (BA). E-mail: adrianarpassos@yahoo.com.br; elizangelacruz@hotmail.com; moemachaves@yahoo.com.br

⁽³⁾ Departamento de Fitotecnia, UFBA, Escola de Agronomia. E-mail: sas@ufba.br (*) Autora para correspondência; cruzpj@ufba.br

⁽⁴⁾ Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, Caixa Postal 01, Bairro Buenos Aires, 64006-220. Teresina (PI). E-mail: mmrocha@cpamn.embrapa.br

⁽⁵⁾ Estudante de Graduação em Agronomia. Universidade Federal da Bahia, Cruz das Almas, BA. E-mail: bahiahf@hotmail.com, saldanharodrigo@ig.com.br

1. INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma leguminosa granífera, muito utilizado na alimentação humana, agindo como excelente fonte de proteínas e aminoácidos essenciais. É uma cultura extremamente rústica, pouco exigente em fertilidade de solos, tolerante a altas temperaturas e à seca. Temperaturas entre 18 °C a 34 °C são consideradas ideais para seu desenvolvimento. Originada provavelmente do continente africano, foi introduzida no Brasil pelos colonizadores portugueses e espanhóis, na Bahia, disseminando-se por todas as regiões do País (ARAÚJO e WATT, 1988).

Comparada a outras culturas, o feijão-caupi tem seu potencial genético pouco explorado, entretanto, já foram obtidas, em condições experimentais, produtividades 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.

Diante da importância que esta cultura assume no Recôncavo Baiano, é necessário que estudos sejam feitos para avaliar a divergência genética, visando à seleção de genótipos mais divergentes e de maior potencial produtivo para futuros trabalhos de melhoramento, a fim de obter cultivares mais produtivas para serem recomendadas aos agricultores locais.

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. Desse modo, o estudo da diversidade das populações fornece as bases para a identificação de indivíduos divergentes, auxiliando o melhorista na seleção de combinações mais promissoras e favoráveis aos cruzamentos (FALCONER, 1989).

Na quantificação da divergência genética entre os parentais, têm sido utilizadas as técnicas de aglomeração com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), proposta por MAHALANOBIS (1936), e de agrupamento pelo método de Tocher (RAO, 1952). Desse modo, na seleção de parentais, deve-se utilizar tanto o maior desempenho dos genótipos quanto das divergências genéticas entre estes (MIRANDA et al., 1988; CRUZ, 1990; RANGEL et al., 1991).

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

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 22 genótipos de feijão-caupi de porte prostrado e 20 de porte semi-ereto, em um ciclo de produção. Os experimentos foram instalados no Campo Experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal da Bahia - AGRUFBA, localizada no Município de Cruz das Almas (BA), com solo classificado como Latossolo Amarelo distrófico A - moderado de textura franco-argilo-arenosa. O clima da região, segundo a classificação de Köppen, é uma transição entre as zonas Am e Aw, do tipo C1, seco e subúmido.

Os genótipos de porte prostrado foram: TE97-299G-10, TE97-299G-24, TE97-303G-12, TE97-304G-4, TE97-304G-8, TE97-304G-12, TE97-309G-1, TE97-309G-24, TE97-319G-6, TE97-367G-3, TE97-367G-11, TE97-391G-2, TE97-430G-12, TE96-290-6G, TE96-290-12G, TE93-244-23F, Canapuzinho, TE93-244-23F-1, BR 17-Gurguéia, CNC X 409-11F-P2, Costela de vaca e Coruja.

Os genótipos de porte semi-ereto foram: TE97-321G-4, TE97-404-1E-1, TE97-404-9E-1-1, TE97-406-2E, TE97-406-2F-28-1, TE97-406-2F-28-2, TE97-411-1F-9, TE97-411-1F-16, TE97-413-1E-10, TE97-413-1F-2, TE97-413-6F-2-5, TE97-367G-12-2, TE97-369G-4, TE96-282-22G, EV x 47-6E, EV x 63-10E, EV x 91-2E-1, EV x 91-2E-2, EV x 92-49E e Vita-7.

Utilizou-se uma adubação de cobertura de 40 kg.ha⁻¹ de P₂O₅, 20 kg.ha⁻¹ de K₂O e 20 kg.ha⁻¹ de N₂ aplicados 15 dias após emergência das plantas. O controle de ervas daninhas foi realizado com herbicida antes da instalação do experimento e com capina manual após a instalação. Utilizou-se irrigação suplementar por aspersão com turno de rega de 30 minutos e lâmina de água aplicada de 6 mm.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. No experimento de genótipos de porte prostrado, cada parcela teve as dimensões 3,0 m x 5,0 m e constou de quatro fileiras de 5,0 m. O espaçamento entre fileiras foi de 0,75 m e dentro da fileira, entre covas, de 0,25 m. No experimento de genótipos de porte semi-ereto, cada parcela teve as dimensões 2,0 m x 5,0 m e constou de quatro fileiras de 5,0 m. O espaçamento entre fileiras foi de 0,50 m e dentro da fileira, entre covas, de 0,25 m. Para ambos, a área útil foi representada pelas duas fileiras centrais, resultando em 20 covas por fileira, onde foram colocadas quatro sementes por cova. Após o desbaste deixaram-se duas plantas por cova.

Foram avaliados os seguintes caracteres: altura da planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), massa de vagens (MV), massa de grãos por vagem (MGV), número de grãos por vagem (NGV), massa de

cem grãos (M100G), índice de grãos (IDG), produtividade de vagens (PV) e produtividade de grãos (PG).

O M100G foi calculado usando a fórmula:

$$M100G = \{(MGV/5)/(NGV/5)*100\}$$

- onde MGV refere-se à massa de grãos de cinco vagens e o NGV, o número de grãos de cinco vagens.

O IDG foi dimensionado com a fórmula:

$$IDG = \{(MGV/5)/(MV/5)*100\}$$

- sendo MV a massa de cinco vagens.

Realizou-se a análise da divergência genética empregando-se as técnicas multivariadas (CRUZ e REGAZZI, 1997). Na aplicação da técnica de agrupamento dos genótipos, adotou-se a distância generalizada de Mahalanobis (MAHALANOBIS, 1936), como medida de dissimilaridade, levando em consideração o grau de dependência entre as variáveis estudadas.

Com relação ao estabelecimento de grupos similares, foi aplicado o método hierárquico aglomerativo de otimização proposto por Tocher (RAO, 1952), cujos cálculos foram igualmente embasados na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), admitindo-se que a média das distâncias intragrupo deve ser menor que as distâncias intergrupo (CRUZ e REGAZZI, 1997). 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 de divergência genética, utilizou-se o programa GENES (CRUZ, 2001).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A utilização do método de otimização de Tocher, fundamentado na matriz de dissimilaridade, expressa pelas distâncias de Mahalanobis (D^2), possibilitou a distribuição dos genótipos estudados em nove grupos distintos entre os genótipos de porte prostrado e oito grupos distintos entre os genótipos de porte semi-ereto. Nas figuras 1 e 2, observam-se os gráficos de dispersão, sendo importante salientar que os genótipos classificados são homogêneos dentro do grupo, mas heterogêneos entre os grupos.

Os grupos formados para prostrado foram: I) 7, 10, 11 e 13; II) 8 e 22; III) 19; IV) 2, 3, 6, 14, 15, 17, 20 e 21; V) 9 e 12; VI) 18; VII) 5 e 16; VIII) 4; IX) 1

(Figura 1). Na Figura 2 os grupos formados para ereto foram: I) 2; II) 3, 5, 7, 8, 9, 10 e 11; III) 6, 13 e 20; IV) 15, 16, 17 e 18; V) 1; VI) 4 e 14; VII) 12; VIII) 19.

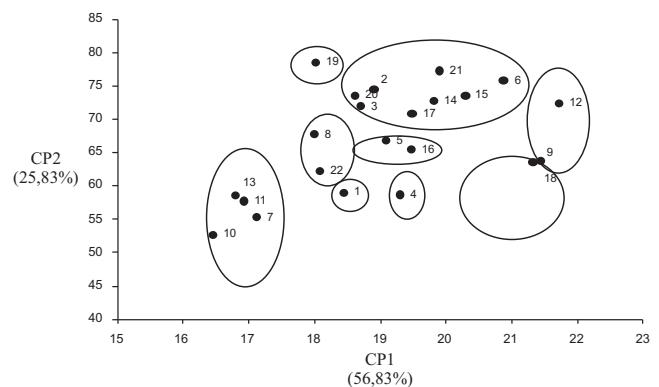


Figura 1. Gráfico de dispersão de 22 genótipos de porte prostrado de feijão caupi em relação aos escores do primeiro (CP₁) e segundo componentes principais (CP₂). Cruz das Almas (BA), 2005.

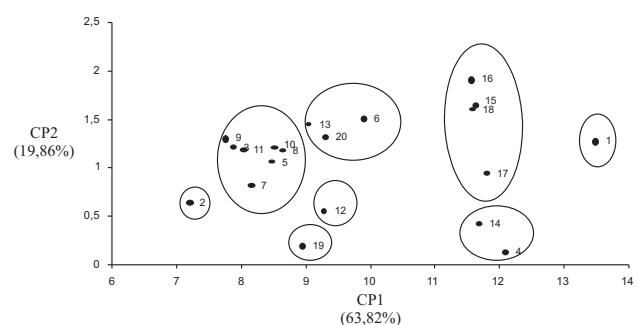


Figura 2. Gráfico de dispersão de 20 genótipos de porte semi-ereto de feijão caupi em relação aos escores do primeiro (CP₁) e segundo componentes principais (CP₂). Cruz das Almas (BA), 2005.

Analizando os distintos grupos (Figuras 1 e 2) com suas respectivas (D^2) (Tabelas 1 e 2) é possível identificar as melhores combinações visando a cruzamentos genéticos. No porte prostrado, os genótipos integrantes do grupo I e VI tiveram as maiores medidas de dissimilaridade, correspondendo à maior distância média (23,7). Valores mínimos de D^2 foram obtidos entre os grupos II e IV (0,3), IV e VII (0,3) e VII e VIII (0,6). Entre os genótipos de porte semi-ereto, a maior medida de dissimilaridade foi apresentada pelo grupo I e V (32,6), indicando ser este o mais favorável nos intercruzamentos. Por outro lado, as maiores medidas de similaridade podem ser observadas entre o grupo II e III (0,6), sendo este o menos indicado para obtenção de êxitos em programas de melhoramento.

Tabela 1. Estimativas das distâncias de Mahalanobis (D²) relativos a 22 genótipos de porte prostrado. Cruz das Almas (BA), 2005

Genótipos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
1	-	3,2	2,1	2,3	2,4	3,6	1,5	1,6	5,0	11,8	11,0	5,2	3,4	2,1	2,5	2,0	2,4	4,0	6,2	11,1	11,3	6,0
2	-	-	0,2	4,7	1,6	2,3	4,0	0,7	7,8	12,0	9,8	5,0	3,7	0,8	1,3	2,2	0,8	8,5	1,2	5,5	5,4	4,8
3	-	-	-	4,8	2,0	2,1	3,4	0,3	7,8	13,1	11,1	5,3	3,7	0,6	1,2	2,4	1,1	7,3	1,3	7,5	7,5	5,8
4	-	-	-	-	1,1	4,9	2,4	4,7	2,1	6,7	6,0	3,3	3,4	3,5	3,6	0,6	2,0	5,3	10,3	6,5	6,0	2,4
5	-	-	-	-	-	3,2	2,2	2,2	3,9	6,7	5,3	3,2	2,2	1,6	1,9	0,2	0,3	6,9	5,2	3,5	3,3	1,5
6	-	-	-	-	-	-	7,6	3,4	3,8	19,1	16,6	1,4	9,0	0,5	0,2	2,7	1,7	3,0	5,3	10,7	8,4	9,0
7	-	-	-	-	-	-	-	2,2	8,1	5,6	5,4	8,8	0,6	4,5	5,5	2,5	3,2	9,6	6,7	7,6	9,3	2,9
8	-	-	-	-	-	-	-	-	8,8	11,7	10,2	6,9	2,6	1,4	2,2	2,7	1,7	8,1	1,6	8,1	8,8	5,5
9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	15,3	13,9	0,9	10,3	4,5	3,7	2,5	4,0	2,3	14,9	11,8	8,9	7,7
10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,3	17,2	3,6	14,5	15,8	7,8	9,5	23,7	16,7	4,7	7,6	2,0	
11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	14,9	3,1	12,4	13,5	6,4	7,6	22,2	14,1	2,7	5,2	1,1	
12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	10,4	2,4	1,6	2,2	2,5	2,6	10,6	10,0	6,9	7,9	
13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5,4	6,6	3,0	3,3	13,3	5,9	4,8	7,1	1,7	
14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,1	1,5	0,6	4,3	3,2	8,0	6,8	6,2		
15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1,6	0,9	3,4	4,2	8,7	7,0	6,9		
16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,4	5,2	6,5	4,8	4,1	2,2		
17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6,1	3,9	4,4	3,7	2,9		
18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	13,9	19,5	16,4	13,8		
19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8,8	9,6	9,1		
20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,7	1,7		
21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2,7		
22	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		

1 - TE97-299G-10; 2 - TE97-299G-24; 3 - TE97-303G-12; 4 - TE97-304G-8; 5 - TE97-304G-12; 6 - TE97-304G-12; 7 - TE97-304G-12; 8 - TE97-309G-24; 9 - TE97-319G-6; 10 - TE97-367G-3; 11 - TE97-367G-11; 12 - TE97-391G-2; 13 - TE97-430G-12; 14 - TE96-290-6G; 15 - TE96-290-12G; 16 - TE93-244-23F; 17 - Canapuzinho; 18 - TE93-244-23F-1; 19 - BR 17 - Gunguéia; 20 - CNC X 409-11F-P2; 21 - Costela de vaca e 22 - Coruja.

Tabela 2. Estimativas das distâncias de Mahalanobis (D^2) relativos a 20 genótipos de porte semi-ereto. Cruz das Almas (BA), 2005

Genótipos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	-	32,1	26,6	6,3	23,2	12,9	22,8	20,8	28,2	26,7	24,8	12,9	22,4	5,8	4,8	5,8	2,3	4,4	16,5	17,8
2	-	-	3,4	27,0	1,4	5,3	3,3	3,7	2,5	2,4	3,1	7,4	3,1	24,4	15,1	17,8	20,7	16,6	3,9	9,5
3	-	-	-	24,9	3,8	4,8	2,6	3,6	0,1	8,0	0,4	4,1	6,4	25,4	12,8	9,9	14,7	10,4	6,8	6,1
4	-	-	-	-	18,6	14,9	24,9	24,5	26,5	24,6	25,2	14,1	19,1	3,0	11,7	11,2	5,9	7,6	11,3	26,0
5	-	-	-	-	-	2,3	4,4	3,9	3,1	1,5	3,7	6,2	0,6	18,2	9,7	11,9	14,8	10,5	2,1	9,4
6	-	-	-	-	-	-	3,4	2,1	4,6	3,5	3,7	3,3	2,3	13,3	2,8	5,0	7,4	4,4	3,1	4,4
7	-	-	-	-	-	-	-	0,4	2,6	5,8	1,1	2,3	6,6	20,1	8,7	10,6	12,6	10,7	5,0	1,8
8	-	-	-	-	-	-	-	-	3,3	4,3	1,7	3,0	5,1	19,6	6,6	9,6	12,2	9,8	5,0	1,5
9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6,6	0,4	5,0	5,4	26,7	13,1	11,1	16,3	11,5	6,7	6,4
10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6,8	9,9	0,9	21,1	10,5	16,8	19,5	15,1	4,0	10,4	
11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3,0	6,1	23,7	10,6	9,4	13,5	10,0	6,1	3,7	
12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8,7	11,4	5,4	5,0	4,9	4,7	4,0	2,9	
13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	18,8	8,8	12,5	15,8	10,8	3,3	11,1	
14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2,1	0,4	10,9	7,7
15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3,2	3,3	2,6	7,5	5,9	
16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1,3	9,6	9,9	
18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8,5	8,8	
19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	9,3	
20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	

1 - TE97-321G-4; 2 - TE97-404-1E-1; 3 - TE97-404-9E-1-1; 4 - TE97-406-2E-28-1; 5 - TE97-406-2E-28-2; 6 - TE97-411-1E-9; 8 - TE97-411-1E-16; 9 - TE97-413-1E-10; 10 - TE97-413-1E-2; 11 - TE97-413-6E-2-5; 12 - TE97-367G-4; 14 - TE97-369G-4; 15 - EV x 47-6E; 16 - EV x 63-10E; 17 - EV x 63-10E; 18 - EV x 91-2E-2; 19 - EV x 91-2E-1; 20 - EV x 92-49E e 20 - Vila-7.

O máximo valor da divergência genética (D^2) foi obtido para a combinação dos genótipos TE97-367G-3 com TE93-244-23F-1 de porte prostrado e TE97-321G-4 com TE97-404-1E-1 de porte semi-ereto, com valor de 23,7 e 32,1, respectivamente, significando menor similaridade entre os caracteres considerados. Maior similaridade foi detectada entre os genótipos TE96-290-6G com TE96-290-12G de porte prostrado e entre os genótipos TE97-404-9E-1-1 com TE97-413-1E-10 de porte semi-ereto, com os menores valores de D^2 (Tabela 1).

A distância máxima de D^2 obtida entre todas as possíveis combinações de cada um dos genótipos estudados é apresentado nas tabelas 1 e 2. Observa-se que a maioria apresentou suas respectivas D^2 maiores, quando combinadas com os genótipos TE97-367G-3, TE93-244-23F-1, BR 17-Gurguéia e CNC X 409-11F-P2 de porte prostrado e TE96-282-22G, EV X 63-10E e EV X 91-2E-1 de porte semi-ereto. Esse fato revela que esses genótipos são os mais divergentes no grupo.

Outras combinações também obtiveram valores elevados de D^2 , tais como TE97-367G-11 com TE93-244-23F-1, TE97-304G-12 com TE97-367G-3 e TE93-244-23F-1 com BR 17-Gurguéia para o grupo prostrado; e TE97-321G-4 com TE97-413-1E-10, TE97-404-1E-1 com TE97-406-2E e TE97-321G-4 com TE97-404-9E-1-1 para o grupo semi-ereto. Essas combinações também merecem considerável atenção na seleção de genótipos para hibridação, podendo apresentar maior eficiência se combinados e possibilitando a produção de híbridos de maior efeito heterótico e portanto, superiores aos parentais (Tabelas 1 e 2).

Os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética foram a produtividade de vagens para os genótipos de porte prostrado e a produtividade de vagens, comprimento de vagem e a massa de grãos por vagem para os genótipos de porte semi-ereto (Tabela 3). Estes resultados indicam a existência de variabilidade genética significativa para estes caracteres nos genótipos estudados. THIYAGARAJAN et al. (1988), em trabalhos com feijão-caupi, destacaram a massa de cem sementes como um dos caracteres que mais contribuíram para a divergência; RENGANAYAKI e SREE RENGASAMY (1991) destacaram a massa de cem sementes, o comprimento da vagem e a produção de grãos por planta.

As análises de divergência genética visam à identificação de genitores para a formação de populações com variabilidade genética e consequente ganho genético em ciclos sucessivos de seleção. Como a divergência genética pode estar associada à heterose, as análises de divergência genética podem ser úteis

para a predição preliminar de cruzamentos que otimizem a heterose (MIRANDA et al., 2003).

Tabela 3. Contribuição relativa dos caracteres para divergência nos genótipos de porte prostrado e semi-ereto. Cruz das Almas (BA), 2005

Variável	Prostrado		Ereto	
	Valor	%	Valor	%
CPV	36,64		CPV	28,56
NGV	19,43		MGV	28,14
PV	43,91		PV	35,92
-	-		NGV	7,37

CPV: comprimento de vagem; NGV: número de grãos por vagem; MGV: massa de grãos por vagem e PV: produtividade de vagens.

Tabela 4. Estimativas dos autovalores dos caracteres quantitativos de feijão-caupi de porte prostrado (P) e semi-ereto (E). Cruz das Almas (BA), 2005

Componentes principais	Estimativa de autovalores					
	Variância		Variância		Acumulada	
	P	E	P	E	P	E
%						
CP ₁	1.60	3.06	56.83	63.62	56.83	63.62
CP ₂	0.71	0.95	25.83	19.86	82.24	83.49
CP ₃	0.50	0.42	17.75	8.83	100.00	92.33
CP ₄	-	0.36	-	7.66	-	100.00

Os dois primeiros componentes principais (CP₁ e CP₂) (Tabela 4), referentes aos caracteres de rendimento de genótipos de caupi viabilizam a construção de uma dispersão, devido aos dois componentes terem explicado mais de 80% da variância total contida no conjunto de caracteres analisados da variância total acumulada (82,24% para o porte prostrado e 83,49% para o porte semi-ereto), explicando a diversidade entre os genótipos avaliados.

A média dos genótipos do tipo prostrado para os caracteres avaliados é apresentada na Tabela 5. A maior produtividade de vagens e de grãos foi alcançada pelos genótipos TE93-244-23F-1, TE97-299G-10 e BR 17-Gurguéia, do tipo prostrado. Esses genótipos são os mais indicados nas combinações híbridas, nas etapas iniciais de um programa de melhoramento, de maneira a elevar as chances de combinações gênicas favoráveis que permitam a seleção de genótipos superiores.

Tabela 5. Médias de altura da planta (ALT), comprimento de vagem (CPV), massa de vagens (MV), massa de grãos (M100G), índice de grãos (IDG), produtividade de vagens (PV) e produtividade de grãos (PG) em genótipos de feijão-caupi de porte prostrado e semi-ereto, respectivamente. Cruz das Almas (BA), 2005

Genótipos	Prostrado						Ereto						
	ALT	CPV	MV	M100G	IDG	PV	PG	Genótipos					
								—cm—	—g—	um	g	%	—kg.ha ⁻¹ —
TE97-299G-10	33,6	18,5	13,6	11,4	59,0	18,6	83,8	1600,0	1137,5	TE97-321G-4	26,1	20,8	17,7
TE97-299G-24	30,2	18,9	15,0	12,0	74,5	16,1	80,7	1362,5	1025,0	TE97-404-1E-1	34,6	15,6	7,9
TE97-303G-12	27,4	18,7	16,2	13,6	72,0	18,8	83,5	1537,5	1200,0	TE97-404-9E-1-1	39,4	15,2	8,6
TE97-304G-4	26,2	19,3	14,5	11,8	58,8	20,4	81,1	975,0	737,5	TE97-406-2E	33,4	20,9	15,7
TE97-304G-8	32,2	19,1	15,6	12,4	66,8	18,9	78,6	1012,5	737,5	TE97-406-2F-28-1	39,0	17,2	9,5
TE97-304G-12	30,8	20,9	17,8	15,0	75,8	19,8	84,7	1587,5	1075,0	TE97-406-2F-28-232,3	17,8	12,0	8,5
TE97-309G-1	27,8	17,1	11,8	9,1	55,3	16,6	77,1	1225,0	900,0	TE97-411-1F-9	44,9	15,1	7,8
TE97-309G-24	26,5	18,0	13,3	9,6	67,8	14,0	73,5	1562,5	987,5	TE97-411-1F-16	35,9	15,8	8,7
TE97-319G-6	29,5	21,4	15,7	15,2	63,8	26,1	106,2	1125,0	787,5	TE97-413-1E-10	36,4	15,3	9,2
TE97-367G-3	29,9	16,4	11,1	8,3	52,8	16,0	76,5	195,0	142,5	TE97-413-1F-2	29,4	17,5	9,6
TE97-367G-11	28,9	16,9	12,2	11,5	57,8	20,0	97,0	212,5	157,5	TE97-413-6F-2-5	39,0	15,1	9,9
TE97-391G-2	29,0	21,7	15,9	11,4	72,5	15,9	70,2	1225,0	875,0	TE97-367G-12-2	30,9	16,1	10,5
TE97-430G-12	24,3	16,8	9,6	9,2	58,5	15,8	97,9	1000,0	662,5	TE97-369G-4	36,1	18,2	10,2
TE96-290-6G	29,0	19,8	15,3	13,5	72,8	18,5	87,7	1500,0	1037,5	TE96-282-22G	37,9	19,9	12,1
TE96-290-12G	28,8	20,3	14,9	14,2	73,5	19,5	96,0	1500,0	1012,5	EV x 47-6E	33,4	19,0	15,6
TE93-244-23F	27,2	19,5	16,6	12,9	65,5	20,7	80,5	1062,5	1075,0	EV x 63-10E	40,4	18,5	16,0
Canapuzinho	33,2	19,5	15,9	15,0	70,8	21,4	94,2	1162,5	775,0	EV x 91-2E-1	32,1	18,8	15,6
TE93-244-23F-1	28,9	21,3	17,1	13,0	63,5	20,8	76,0	1800,0	1225,0	EV x 91-2E-2	35,1	19,0	16,3
BR 17-Gurguéia	31,5	18,0	12,9	10,2	78,5	13,1	79,7	1600,0	1137,5	EV x 92-49E	39,6	17,5	9,9
CNC x 409-11F-P2	33,4	18,6	12,2	11,0	73,5	15,2	93,8	325,0	232,5	VITA-7	31,5	15,4	11,0
Costela de vaca	29,5	19,9	19,1	14,0	77,3	18,4	75,3	362,5	275,0			7,3	59,8
Coruja	31,9	18,1	16,1	13,7	62,3	22,8	82,3	550,0	387,5				12,3
Média	29,5	19,0	14,6	12,2	67,0	18,5	84,4	1118,0	803,0		35,4	17,4	11,7
DP	5,6	1,9	3,3	3,1	11,0	5,3	17,8	613,3	475,9		6,8	2,2	3,7
M + DP	35,0	20,9	17,9	15,3	78,0	23,8	102,2	1713,3	1278,9		42,2	19,6	15,4
											11,5	70,1	18,3
											80,3	939,8	687,7
											66,9	587,5	362,5

Entre os genótipos de porte semi-ereto, o destaque para maior produtividade de vagens e de grãos foi para os genótipos TE97-321G-4, TE97-406-2E-1 e TE96-282-22G, demonstrando ser esses os prioritários para cruzamentos, coincidindo, também, em maior divergência genética (Tabela 5).

Na identificação dos parentais mais divergentes, sugere-se que sejam selecionados, dentro dos grupos, os parentais com maiores médias em relação aos caracteres que se deseja melhorar, objetivando, desse modo, a máxima concentração de alelos favoráveis, conforme os objetivos da seleção. Desse modo, DHARMALINGAM e KADAMBAVANASUNDARAM (1989) afirmaram que a seleção de parentais dos grupos mais divergentes pode ser feita com base nas médias dos caracteres que tenham maior influência na produção de campo.

4. CONCLUSÕES

1. Os cruzamentos entre os genótipos TE97-309G-1, TE97-367G-3, TE97-367G-11 e TE97-430G-12 para o porte prostrado e o cruzamento entre o genótipo TE97-321G-4 com TE97-404-1E-1 do porte semi-ereto, viabilizam novas combinações gênicas promissoras.

2. Os caracteres comprimento de vagem, massa de grãos por vagem e produtividade de vagens são os principais determinantes na quantificação da divergência genética entre os genótipos de feijão-caupi.

REFERÊNCIAS

ARAÚJO, J.P.P.; WATT, E.E. **O caupi no Brasil**. Brasília: Embrapa-CNPAF, 1988. 722p.

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**. Recife, 1997. 105f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, 1997.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba, 1990. 188f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 1990.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: MG, UFV, 2001. 442 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1997. 390 p.

DHARMALINGAM, V.; KADAMBAVANASUNDARAM, M. Genetic divergence in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Madras Agricultural Journal**, Coimbatore, v.76, n.7, p.394-399, 1989.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3.ed. New York: Longman, 1989. 489p.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Sciences of India**, New Delhi, v.2, p.49-55, 1936.

MIRANDA, G.V.; COIMBRA, R.R.; GODOY, C.L.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L. J.M.; MELO, A.V. Potencial de melhoramento e divergência genética de genótipos de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.6, p.681-688, 2003.

MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D.; COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos e pimentão (*Capsicum annuum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, p.929-937, 1988.

RANGEL, P.H.N.; CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; FERREIRA, R.P. Selection of local lowland rice cultivars based on multivariate genetic divergence. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.14, n.2, p.437-453, 1991.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, 1952. 330p.

RENGANAYAKI, K.; SREE RENGASAMY, S.R. Genetic divergence in vigna species. **Indian Journal of Pulses Research**, New Delhi, v.4, n.2, p.159-164, 1991.

THIYAGARAJAN, K.; RATHINASWAMY, R.; RAJASEKARAM, S. Genetic divergence in cowpea. **Madras Agricultural Journal**, Pudukottai, v.75, n.3/4, p.125-128, 1988.