

EVA MARIA RODRIGUES COSTA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS AFRICANAS DE FEIJÃO-CAUPI
(*Vigna unguiculata* (L.) WALP.) ATRAVÉS DE CARACTERIZAÇÃO
MORFOAGRONÔMICA E MOLECULAR**

Recife-PE

2010

EVA MARIA RODRIGUES COSTA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS AFRICANAS DE FEIJÃO-CAUPI
(*Vigna unguiculata* (L.) WALP.) ATRAVÉS DE CARACTERIZAÇÃO
MORFOAGRONÔMICA E MOLECULAR**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Melhoramento Genético de Plantas, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Melhoramento Genético de Plantas.

COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:

Professor DSc. Clodoaldo José da Anunciação Filho – Orientador – UFRPE

DSc. Kaesel Jackson Damasceno Silva – Co-orientador – Embrapa Meio-Norte - CPAMN

Professora DSc. Luciane Vilela Resende – Co-orientadora – UFRPE

Recife – PE

2010

EVA MARIA RODRIGUES COSTA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS AFRICANAS DE FEIJÃO-CAUPI
(*Vigna unguiculata* (L.) WALP.) ATRAVÉS DE CARACTERIZAÇÃO
MORFOAGRONÔMICA E MOLECULAR**

Dissertação defendida e aprovada pela Banca Examinadora em: ____/____/____.

ORIENTADOR:

Prof. DSc. Clodoaldo José da Anunciação Filho – UFRPE
Professor Associado, Departamento de Agronomia, Área de Fitotecnia - UFRPE

EXAMINADORES:

DSc. Kaesel Jackson Damasceno Silva
DSc. Pesquisador da Embrapa Meio-Norte – CPAMN

Prof. DSc. Gerson Quirino Bastos
Professor Associado, Departamento de Agronomia, Área de Fitotecnia - UFRPE

DSc. José Nildo Tabosa
DSc. Pesquisador do Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA

Recife – PE

2010

*Aos meus queridos pais, João e Maria, aos meus irmãos José Luiz,
Rafaela e Emanuela e a minha pequena sobrinha Clarinha.*

OFEREÇO

A minha avó Jaci (in memoriam).

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por sempre estar comigo. Por continuamente me guiar pelas veredas da justiça por amor do seu nome.

A Universidade Federal Rural de Pernambuco, pela oferta do curso.

À Embrapa Meio-Norte por todo apoio, estrutura e ajuda na execução deste trabalho.

Ao PROCAD, pelo auxílio financeiro na realização de parte do trabalho em outra instituição.

A Universidade federal de Lavras, pela realização de parte das atividades da dissertação.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico pela concessão da bolsa de estudo;

Ao Prof. DSc. Clodoaldo José da Anunciação Filho, pela orientação, confiança, amizade e gentileza durante o curso;

Ao Pesquisador DSc. Kaesel Jackson Damasceno Silva, pela orientação, paciência e pela grande ajuda que me deu na condução deste trabalho e pela contribuição na análise dos dados;

À Prof. DSc. Luciane Vilela Resende, pela orientação, amizade e ajuda na condução da parte molecular deste trabalho;

À equipe de laboratório do feijão-caupi, e aos funcionários: Manoel Gonçalves da Silva, Agripino Ferreira, Paulo Sérgio Monteiro e Francisco Gregório, pela contribuição na condução do experimento;

Aos colegas e estagiários que contribuíram na execução deste trabalho, em especial: Marcela Carvalho Andrade e Artur Mendes Medeiros;

Aos meus colegas de mestrado Romero, Jaislanny, Marina, Jacqueline, Manuela, Paula, João, Júlio, Isabel e Rômulo, pela troca de experiências e momentos compartilhados durante o curso, assim como a amizade;

A todos os meus amigos, pelos momentos de descontração e amizade;

Ao Onildo, pelos momentos de alegria e cumplicidade, pois mesmo estando longe parecia sempre estar tão perto;

A todos que estiveram presentes e contribuíram para a realização deste trabalho.

LISTA DE TABELAS E FIGURAS

CAPÍTULO II –

Páginas

Tabela 1. Linhagens de feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, 2009.....	58
Tabela 2 Resumo da análise de variância dos sete caracteres quantitativos avaliados entre as 57 linhagens de feijão-caupi, em experimento conduzido em Teresina-PI, 2009.....	59
Tabela 3. Valores médios e resultados da aplicação do teste de Scott-Knott para os caracteres avaliados ⁽¹⁾ entre as 57 linhagens de Feijão-Caupi do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, 200.....	60
Tabela 4. Estimativas do coeficiente de variação genética (CV_g), herdabilidade (h^2_a) e a razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e) correspondentes aos sete caracteres quantitativos, obtidos a partir das esperanças dos quadrados médios da análise de variância. Teresina-PI, 2009.....	61
Tabela 5. Matriz de dissimilaridade entre as 57 linhagens de feijão-caupi gerada a partir dos caracteres quantitativos. Teresina-PI, 2009.....	62
Tabela 6. Agrupamento das 57 linhagens de feijão-caupi por meio do método hierárquico UPGMA, em função da Distância Generalizada de Mahalanobis. Teresina-PI, 2009.....	67
Figura 1. Dendrograma resultante da análise de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA obtido com base na distância de Mahalanobis entre as linhagens de feijão-caupi. Teresina-PI, 2009.....	68
Tabela 7. Contribuição relativa dos caracteres para divergência proposto por SINGH (1981). Teresina-PI, 2009.....	69
Tabela 8. Grupos formados pelas linhagens de Feijão-Caupi estabelecidos pelo método de Tocher, com base na matriz de dissimilaridades com variáveis multicategóricas. Teresina-PI, 2009.....	70
Tabela 9. Distâncias médias entre os onze grupos formados através das características qualitativas avaliadas através do Método de Otimização de Tocher. Teresina-PI, 2009.....	71

LISTA DE TABELAS E FIGURAS

CAPÍTULO III –

Páginas

Tabela 1. Linhagens de feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, 2009.....	89
Tabela 2. Lista dos pares de locos microsátélites utilizados no presente estudo. Teresina-PI, 2009.....	90
Tabela 3. Número de alelos encontrados por meio dos marcadores microssatélites que apresentaram polimorfismo entre as linhagens de feijão – caupi estudadas. Teresina-PI, 2009.....	92
Tabela 4. Matriz de similaridade das 32 linhagens de feijão-caupi gerada pela análise SSR. Teresina-PI, 2009.....	93
Tabela 5. Grupos formados pelo método UPGMA entre as linhagens de feijão-caupi avaliadas por meio da análise de marcadores microssatélites. Teresina-PI, 2009.....	94
Figura 1. Dendrograma baseado nos coeficientes de similaridade de Jaccard entre 32 linhagens de feijão-caupi, construído por análise de agrupamento (UPGMA) com base nos dados de SSR. Teresina-PI, 2009.....	95

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS E FIGURAS.....	Vi
RESUMO.....	X
ABSTRACT.....	Xi
CAPÍTULO I – Introdução geral.....	13
1.Introdução geral.....	14
2.Revisão de literatura.....	15
2.1Feijão-caupi.....	15
2.2 Recursos Genéticos Vegetais e Coleção de Germoplasma.....	16
2.3 Divergência genética.....	18
2.5 Análises multivariadas.....	19
2.4 Caracterização genética.....	22
2.4.1 Marcadores morfológicos.....	22
2.4.2 Marcadores moleculares.....	24
3. Referências bibliográficas.....	27
4. CAPÍTULO II: DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE FEIJÃO- CAUPI ATRAVÉS DE CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA.....	37
4.1 Resumo.....	38
4.2 Abstract.....	39
4.3 Introdução.....	40
4.4 Material e métodos.....	42
4.4.1 Material genético.....	42
4.4.2 Delineamento e condução do experimento.....	42
4.4.3 Caracteres avaliados.....	43
4.4.3.1 Quantitativos.....	43
4.4.3.2 Qualitativos.....	43
4.4.4.Análise estatística.....	44
4.5 Resultados e Discussão.....	45
4.5.1 Caracteres quantitativos.....	45
4.5.2 Caracteres qualitativos.....	50
4.6 Conclusões.....	51
4.7 Referências Bibliográficas.....	53

5. CAPÍTULO III: DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS AFRICANAS DE FEIJÃO-CAUPI ATRAVÉS DE MARCADORES SSR.....	72
5.1 Resumo.....	73
5.2 Abstract.....	74
5.3 Introdução.....	75
5.4 Material e Métodos.....	77
5.5 Resultados e Discussão.....	78
5.6 Conclusões.....	82
5.7 Referências Bibliográficas.....	82
6 Anexos.....	96

RESUMO

A avaliação da divergência genética fornece informações importantes aos programas de melhoramento. Com o objetivo de caracterizar a diversidade genética entre linhagens de feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma (BAG), da Embrapa Meio-Norte, foram caracterizados morfoagronomicamente 57 linhagens. O plantio foi realizado em agosto de 2009. O experimento foi em blocos ao acaso, com três repetições, contendo 57 linhagens. As linhagens foram avaliadas por meio de análise univariada e multivariada, com dissimilaridade obtida por meio da distância de Mahalanobis (D^2), e utilizando o método de agrupamento UPGMA. As distâncias entre os pares formados pelas linhagens, oscilou entre 1,21 a 221,35. A linhagem IT89KD-245 foi considerada a mais divergente entre os genótipos estudados por meio das características quantitativas, podendo ser indicado como parental em programas que envolvem cruzamentos. Foram formados quatro grupos pelo método UPGMA. As características que mais contribuíram para a divergência foram: peso de cem grãos (49,7 %), comprimento da vagem (16,7 %), comprimento do grão (12,0 %) e número de grãos por vagem (9,7 %). As linhagens foram avaliadas através das medidas de dissimilaridade com base em 26 variáveis multicategóricas. As linhagens IT98K-491-4 e IT00K-898-5; IT99K-494-6 e IT98K-131-2; IT99K-718-6 e IT89KD-245; IT99K-494-6 e IT97K-568-14 e IT98K-128-3 e IT99K-718-6 foram as mais similares através dos caracteres qualitativos. Baseado nestas características foram formados onze grupos entre as linhagens estudadas pelo método de Tocher. Através da caracterização morfoagronômica foi possível quantificar a divergência genética presente nas linhagens estudadas. Foram caracterizadas por meio de marcadores SSR 32 linhagens africanas de feijão-caupi, que geraram 24 bandas polimórficas, a partir de 10 locos de microssatélites. Os resultados obtidos foram analisados pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) com o auxílio do programa NTSYs versão 2.1. O dendrograma gerado apresentou oito grupos de linhagens. As linhagens IT00K-1217-2 e IT00K-718-6; IT99K-316-2, IT98K-205-8 e IT98K-506-1; IT98K-1111-1, IT00K-491-7, IT93K-625 e IT96D-610; IT97K-568-18 e T89KD-260; IT99K-1060, IT00K-1263-2 e IT00K-1263-1 apresentaram alta similaridade entre si. O conteúdo de informação polimórfica (PIC) médio para os dez marcadores microssatélites foi de 0,2552, com valores variando entre 0,0587 para o loco VM36 e 0,4188 para o loco VM39. A linhagem IT87D-1627 foi considerada a mais divergente, devendo assim, ser indicada para programas de

hibridação para a obtenção de populações segregantes e, possivelmente, de genótipos superiores. Os resultados dos marcadores SSR, confirmam o seu potencial na caracterização da diversidade genética em germoplasma de feijão-caupi.

Palavras chave: Caupi, banco de germoplasma e análise multivariada.

ABSTRACT

The genetic divergence assessment provides important information for breeding programs. In the present study, the genetic diversity among lines from Embrapa Mid-North's Cowpea Germoplasm Active Bank (BAG) was evaluated morphoagronomically 57 cowpea lines. The experiment was carried out in august/2009. Field plots were arranged in a randomized block design with three replicates containing 57 of cowpea lines. The lines The behaviour of accessions was evaluated by univariate and multivariate analyses, with dissimilarities obtained by the generalized distance of Mahalanobis (D^2) and the grouping technique by the UPGMA method. The genetic distances between pairs of lines ranged from 1.21 to 221.35. The lines IT89KD-245 indicated as the most divergent should through quantitative characteristics be included as parental in intercross programs. Were formed four groups by UPGMA method. The characteristics which most contributed to genetic divergence were total weight of a hundred grain (49.7 %), length of the pod (16.7 %), length of the grain (12.0 %) and number of grains per pod (9.7 %). The lines were studied to verify the efficiency of dissimilarity measures and to discriminate genotypes, based on 26 multicategoric variables. The lines IT98K-491-4 e IT00K-898-5; IT99K-494-6 e IT98K-131-2; IT99K-718-6 e IT89KD-245; IT99K-494-6 e IT97K-568-14 e IT98K-128-3 e IT99K-718-6 confirming these genotypes as the most similar among the evaluated for quality characteristics. Based in these characteristics the lines formed eleven groups by Tocher method. Through analyzing morphoagronomical traits were possible identify genetic divergence among lines studies. Were evaluated by SSR marker 32 african lines cowpea using 10 SSR locos that generating 24 polymorphic bands. The data matrix was analyzed by UPGMA (*Unweighted Pair Group using mathematical averages*) using NTSYs 2.1 program. The accessions were distributed in eight clusters, and the lines IT00K-1217-2 e IT00K-718-6; IT99K-316-2, IT98K-205-8 e IT98K-506-1; IT98K-1111-1, IT00K-491-7,

IT93K-625 e IT96D-610; IT97K-568-18 e T89KD-260; IT99K-1060, IT00K-1263-2 e IT00K-1263-1, presented high similarity to each other. The average polymorphism information content (PIC) was 0.2552, in the range of 0.0587 - 0.4188 for VM36 and VM39 locos. The lines IT87D-1627 was confirmed as the most divergent of all, could be use as parental in crosses for purposes. The SSR results of the underscore their potential in elucidating patterns of germplasm diversity of cowpea from Embrapa Mid-North's BAG.

Key words: Cowpea, germoplasm bank and multivariate analyze.

CAPÍTULO I

INTRODUÇÃO GERAL

1. Introdução geral

O feijão-caupi constitui-se em um dos principais componentes da dieta alimentar na região Nordeste do Brasil, sendo responsável por 94,40% e 87,73% da área e produção de feijão-caupi no país, dados que ressaltam a grande importância sócio-econômica desta cultura na região Nordeste do Brasil (Unifeijão, 2006). O cultivo do feijão-caupi encontra-se em plena expansão, obtendo destaque também na região Norte e alcançado nos últimos anos mercado na região Centro-oeste. No entanto, ainda há predomínio do cultivo de cultivares tradicionais de feijão-caupi, limitando a expressão do real potencial da cultura.

Os programas de melhoramento genético têm disponibilizado ao mercado, cultivares altamente produtivas, resistentes a doenças e pragas e, como consequência a demanda por cultivares melhoradas tem aumentado expressivamente. Para que essa demanda seja atendida é necessário que o melhorista tenha, à sua disposição, suficiente variabilidade genética. Porém, a variabilidade genética está armazenada em bancos de germoplasma, mas, em geral, não tem sido utilizada, em virtude, do não conhecimento do material disponível, da baixa disponibilidade de sementes, adaptação restrita dos acessos e a satisfação dos melhoristas com sua coleção de trabalho (Nass, 2001).

Na busca por genótipos promissores para enfrentar os desafios da cadeia produtiva do feijão-caupi, é destacada a importância dos Bancos de Germoplasma. Para tanto, é preciso conhecê-los e isso só é possível mediante sua correta identificação, caracterização, avaliações preliminares, complementares e genético-molecular através de técnicas biotecnológicas. Uma caracterização cautelosa é o primeiro passo necessário para a conservação e manejo dos acessos (Ghalimi et al., 2009).

Historicamente, a descrição dos acessos tem sido realizada com base em informações morfo-agronômicas e, recentemente, tem se apresentado como uma alternativa, complementar e eficiente, o uso de técnicas moleculares para o estudo da variabilidade (Karp et al., 1997).

Frente ao panorama demonstrado, percebe-se a necessidade de pesquisas que visem o desenvolvimento de estratégias que possibilitem a utilização deste germoplasma, implementando as atividades e beneficiando-se do seu uso (Agrawal et al., 2007). De acordo com Queiroz (2001), os programas de melhoramento na década passada tiveram um significativo aumento no desenvolvimento de variedades

de feijão-caupi e, conseqüente, estreitamento da relação entre os recursos genéticos disponíveis, no intuito da obtenção de cultivares que pudessem satisfazer as necessidades da cadeia produtiva do feijão-caupi.

Objetivou-se com este trabalho, estimar a divergência genética entre linhagens africanas de feijão-caupi pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte por meio de caracterização morfoagronômica e molecular.

2. Revisão de literatura

2.1 Feijão-caupi

O feijão-caupi, também conhecido como feijão-de-corda, feijão fradinho ou feijão-macassar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), pertence ao grupo das leguminosas, da tribo *Phaseoleae*, assim como o feijão comum (*Phaseolus vulgaris*), e a soja (*Glycine max*), considerado um dos mais importantes economicamente para a agricultura (Broughton et al., 2003). Bastante cultivado nos trópicos e sub-trópicos em todo mundo (Chen et al., 2007; Das et al., 2008; Timko et al., 2008).

A Nigéria é o principal país produtor dessa leguminosa, com uma área de aproximadamente 5 milhões de hectares cultivados e produção anual de 1,168 mil toneladas, enquanto o Níger, com 4,491 mil hectares cultivados e produção de 1 milhão de toneladas, ocupa a segunda posição. O Brasil é o terceiro produtor mundial, com 1,286 milhões de hectares cultivados e produção de 411,8 mil toneladas (FAO, 2009). Esta cultura destaca-se na economia brasileira e, especialmente na região Nordeste, sendo esta responsável por 94,40% da área e 87,73% da produção total de feijão-caupi no Brasil (Unifeijão, 2006). Sendo considerado fonte de renda alternativa e alimento básico para sua população (Oliveira et al., 2002).

A produtividade da cultura, no Brasil, é considerada baixa (368 kg.ha⁻¹). Países como Uganda e Estados Unidos (1.000 kg.ha⁻¹), Sri Lanka (808 kg.ha⁻¹) e Haiti (700 kg.ha⁻¹) (Singh et al., 2002) apresentam média de produtividade muito superior à média brasileira, embora alguns estados brasileiros, tais como: Goiás, Amazonas, e Mato Grosso apresentem produtividades médias superiores a 1.000 kg.ha⁻¹ (Unifeijão, 2006). Em condições experimentais foram obtidas produtividades de grãos secos acima de 3.000 kg.ha⁻¹ (Bezerra, 1997), porém a expectativa é que seu potencial genético ultrapasse 6.000 kg ha⁻¹ (Freire Filho et al., 2005).

O feijão-caupi é muito utilizado na alimentação de países como África, Índia e Brasil. Recentemente, foi apontado pela FAO como uma das melhores alternativas para o aumento da oferta de proteínas (Simon, 2002). Por ser considerado superior aos feijões comuns em termos nutricionais e considerando o relativo baixo custo de produção do feijão-caupi, parece extremamente relevante uma maior divulgação de sua importância alimentar (Pereira et al., 1997).

É uma cultura bastante versátil em termos de mercado, podendo ser comercializada na forma de grãos secos, grãos ou vagens verdes, farinha para acarajé e sementes (Rocha et al., 2006). Porém, é predominantemente consumido na forma de grãos secos, apreciado sozinho ou acompanhado por arroz (Mohammed et al., 2010). Também é utilizado na alimentação animal, principalmente na forma de forragem (Sharawy & El-Fiky, 2003).

A cultura do feijão-caupi ainda é pouco explorada quando comparada a outras espécies. Porém, muitas contribuições científicas têm sido feitas em muitas partes do mundo. Melhoristas têm desenvolvido cultivares elites e linhagens melhoradas em trabalhos de melhoramento com esta cultura, principalmente relacionadas ao aumento de produtividade, resistência a pragas e doenças, nematóide, plantas invasoras e tolerância a estresses hídricos e salinos (Ehlers & Hall, 1997). No Brasil, seu melhoramento visa também o aumento da adaptabilidade e estabilidade, obtenção de porte mais ereto e compacto, e melhorias na qualidade nutricional e visual dos grãos de feijão-caupi (Freire Filho et al., 1999).

Atualmente, o feijão-caupi tem atraído atenção de grandes produtores, os quais, em sua maioria, já usam cultivares melhoradas e vêm obtendo ganhos consideráveis de produtividade (Freire Filho et al., 2006).

Comparado a outras culturas, o feijão-caupi tem o seu potencial genético ainda pouco explorado. Desta forma, é necessário oferecer aos melhoristas material genético presente nos bancos de germoplasma para ampliar a variabilidade genética, obter novas cultivares, economicamente vantajosas, melhor adaptadas às condições ecológicas e mais resistentes a doenças e a pragas (Freire et al., 2007).

2.2 Recursos Genéticos Vegetais e Coleção de Germoplasma

As novas demandas de pesquisas no setor agrícola estão associadas à necessidade de se trabalhar os recursos genéticos vegetais sob uma ótica associada à condição brasileira de detentora da maior biodiversidade do planeta.

Porém, parte desta diversidade genética vegetal, está sendo exaurida rapidamente (Guerra et al., 1998).

O fenômeno da erosão genética vem recebendo a atenção de especialistas já há algumas décadas. Menciona-se a perda de genes que, em maior ou menor grau, vem ocorrendo a nível dos próprios bancos de germoplasma. Reconhece-se, igualmente com unanimidade, a grande necessidade de se envidar todos os esforços para preservar a variabilidade ainda disponível, através de coletas constantes e da adequada preservação das amostras assim colhidas (Vencovsky, 1987).

Os recursos genéticos são basicamente os materiais utilizados nos programas de melhoramento, e uma das razões para a sua limitada utilização está relacionada a escassez de informações sobre estes recursos (Li et al., 1998). Segundo Nass (2001), existem alguns aspectos que impedem a maior utilização dos recursos genéticos, principalmente a falta de caracterização e documentação inadequada. Além disto, as atividades relacionadas aos recursos genéticos são caracterizadas pelo alto custo e retorno em longo prazo (Nass & Paterniani, 2000).

Existem diversas formas de conservação e utilização de germoplasma, e os bancos de germoplasma permitem que os melhoristas tenham à sua disposição um reservatório gênico de diversidade (Berthaud, 1997). Os Bancos de Germoplasma possuem a matéria-prima para o melhoramento, são considerados extremamente relevantes na pesquisa agropecuária nacional, tendo produzido resultados que contribuíram significativamente para os principais ganhos qualitativos e quantitativos alcançados pela agricultura brasileira ao longo das últimas décadas (Lopes & Mello, 2008).

Segundo Agrawal et al. (2007), os bancos de germoplasma têm o papel de conservar a agro-biodiversidade. Coleções de germoplasma têm o importante papel de funcionarem como “depósitos genéticos” que procuram assegurar a variabilidade genética de diversas espécies, garantindo assim, sua preservação para usos futuros (Melo et al., 2002).

As coleções de germoplasma se dividem em coleção base, ativa, nuclear e de trabalho. A Coleção base agrupa a variabilidade possível das espécies-alvo, incluindo parentais selvagens, cultivares tradicionais e elites. A coleção ativa faz a conservação a curto e médio prazo, para gestão e distribuição de germoplasma. A coleção nuclear reúne a maior variabilidade genética de uma espécie no menor

número possível de amostras. Por fim, a coleção de trabalho ou do melhorista, fornece material para o melhorista ou para instituições de pesquisa que fazem melhoramento (Bespalhok et al., 1999).

No Brasil, a Embrapa Meio-Norte é o órgão responsável pelo banco ativo de germoplasma de feijão-caupi. A coleção base constituída de aproximadamente 5.000 acessos do gênero *Vigna*, localiza-se na Embrapa Recursos genéticos e Biotecnologia (Wetzel et al., 2005). Desde 1991, a Embrapa Meio-Norte coordena o Programa Nacional de feijão-caupi. Atualmente a rede de pesquisa de feijão-caupi se estende pelas regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste, indo do estado de Roraima ao de Mato Grosso do Sul e do estado de Pernambuco ao de Rondônia (Freire Filho et al., 2009).

A finalidade básica do banco de germoplasma de feijão-caupi é ampliar e manter a variabilidade da espécie para oferecer aos melhoristas material genético para a obtenção de novas cultivares (Freire et al., 1999). Dada sua importância para programas de melhoramento, conservação de recursos e preservação da diversidade genética, os bancos de germoplasma funcionam como um reservatório de alelos, aos quais os melhoristas podem acessar quando precisam resolver problemas específicos (Bespalhok et al., 1999).

2.3 Divergência Genética

A importância da divergência genética para o melhoramento reside no fato de que cruzamentos envolvendo genitores geneticamente diferentes são os mais convenientes por proporcionarem uma maior variabilidade genética em gerações segregantes (Rao et al., 1981). O estudo da diversidade das populações é também de grande valia no contexto da análise e evolução das espécies (Oliveira et al., 2003).

Os estudos sobre a divergência genética existente em bancos de germoplasma permitem além da caracterização de acessos, a identificação de duplicatas (Coimbra et al., 2001), que de acordo com Fonseca & Silva (1999) são repetições, ou seja, amostras diferentes com o mesmo nome, e amostras iguais com nomes diferentes as quais aumentam o trabalho do banco de germoplasma, reduzem o espaço disponível para conservação de outras amostras e não contribuem para o enriquecimento da variabilidade genética e para preservação e avaliação do material.

O estudo de diversidade genética pode ser particularmente usado com sucesso na identificação de linhagens puras ou cultivares com respeito a proteção varietal e manutenção de germoplasma pela remoção de duplicatas existentes entre os acessos (Gupta & Gopalakrishna, 2009).

Informações sobre divergência genética podem ser obtidas durante os trabalhos rotineiros de caracterização de germoplasma, sendo estas informações utilizadas na escolha dos cruzamentos mais promissores. Em um programa de melhoramento genético envolvendo hibridação, uma das etapas fundamentais é a eleição dos genótipos parentais com bom desempenho e ampla base genética (Carpentieri-Pípolo et al., 2000). A necessária obtenção de informações adequadas e o acesso a magnitude da variabilidade genética existente são fundamentais para o sucesso de um programa de melhoramento (Rao et al., 2008).

A variabilidade genética só pode ser eficientemente utilizada se for devidamente avaliada e quantificada, sendo a descrição das introduções ou acessos fundamentais para a manutenção e exploração do potencial das coleções; tal caracterização pode ser feita por meio de marcadores morfológicos e/ou moleculares (Singh, 2001).

2.4 Análises Multivariadas

O termo análise multivariada refere-se à análise conjunta de diversas características simultaneamente, permitindo a abordagem das características em conjunto, possibilitando integrar as múltiplas informações extraídas das avaliações experimentais. Embora as análises de agrupamento e de variáveis canônicas tenham sido propostas no início dos anos 50, somente a partir do final da década de 80 é que a utilização destes procedimentos alcançou maior intensidade, em decorrência da evolução dos recursos computacionais (Amaral Júnior, 1999).

A seleção de genitores com base em características individuais não é tão interessante quanto a seleção baseada em um conjunto de características. Assim, torna-se mais conveniente caracterizar os acessos com base em um complexo de variáveis, ou seja, utilizando-se os métodos multivariados (Abreu et al., 2004).

Diferentes métodos multivariados podem ser utilizados na quantificação da divergência genética, entre eles, a análise por componentes principais que permite transformar um conjunto de variáveis originais, intercorrelacionadas, em um novo conjunto de variáveis não correlacionadas; As variáveis canônicas onde se busca a

máxima correlação entre dois conjuntos de variáveis e as análises através de métodos aglomerativos que tem por objetivo proporcionar uma ou várias partições na massa de dados, em grupos, por algum critério de classificação (Peixoto et al., 2002).

A distância genética com base em caracteres morfológicos é um dos procedimentos estatísticos mais utilizados para estimar a divergência genética. Entre elas, destaca-se a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis D^2 que possui a vantagem de permitir análises de correlação, mas, necessita de delineamentos experimentais que envolvem repetições. De posse das distâncias estimadas entre cada par de genótipos estudados, os dados são apresentados em uma matriz simétrica, e a partir desta, a visualização e interpretação das distâncias pode ser facilitada pela utilização de um método de agrupamento e/ou dispersão gráfica (Cruz & Regazzi, 2001).

Diversos trabalhos sobre divergência genética, com o objetivo de estimar a distância entre genótipos, apontando possíveis combinações híbridas promissoras para a obtenção de populações segregantes com elevado potencial e ampla variabilidade tem sido realizados (Machado et al., 2002; Karasawa et al., 2005; Bonett et al., 2006 Amorim et al., 2007).

Bertini et al. (2009), avaliando a divergência genética entre dezesseis acessos de feijão-caupi do Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Ceará, por meio de técnicas multivariadas, concluiu que 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 agrônômicas desejáveis.

Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos. Dentre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas (Bertan et al., 2006).

As técnicas de partição ou otimização permitem uma realocação dos elementos aos grupos, objetivando obter uma otimização do critério de agrupamento aplicado, enquanto que nas técnicas de hierarquização os indivíduos são agrupados mediante processo repetitivo em diferentes níveis até a formação de uma árvore, ou dendograma (Costa, 2006).

Segundo Peeters & Martinelli (1989), a análise de agrupamento hierárquico pode ser usada para avaliar a relação e a distância de qualquer tipo de amostra, caracterizada por qualquer tipo de descritor. Desta forma, pode ser utilizada para avaliar tanto a similaridade quanto a dissimilaridade em coleções de germoplasma, podendo ser empregada também na escolha de parentais para cruzamentos.

Segundo Cargnelutti Filho et al., (2009), as medidas de dissimilaridade e o método de agrupamento utilizado devem garantir ao melhorista segurança na seleção de genitores para os cruzamentos.

A análise de agrupamento pode ser complementada com a análise de componentes principais, cujo objetivo é tentar explicar a estrutura de variância e co-variância das variáveis originais, construindo, mediante processo matemático, um conjunto menor de combinações lineares das variáveis originais que preserve a maior parte da informação fornecida por essas variáveis (Martel, 2002). A análise multivariada através de variáveis canônicas semelhantemente, quanto ao aspecto funcional, à análise de componentes principais, objetiva a simplificação estrutural nos dados amostrais (Cruz, 1990).

De acordo com Arriel et al. (2006), como o emprego de técnicas multivariadas no reconhecimento da diversidade genética impõe certo grau de estrutura nos dados, é importante que diferentes critérios de agrupamento sejam utilizados, e que se considere como correta a estrutura resultante da maior parte deles, para se assegurar que o resultado obtido não seja um artefato da técnica utilizada.

Na caracterização de bancos de germoplasma, geralmente, avaliam-se descritores qualitativos que apresentam várias classes, ou seja, multicategóricos. Segundo Coimbra (2001), uma alternativa para análise destas variáveis é a utilização de matrizes de dissimilaridade a partir de dados multicategóricos com posterior análise de agrupamento para se avaliar divergência genética.

De acordo com Sudré et al., (2006), a caracterização multicategórica e o estudo da divergência baseada nesses dados são alternativas viáveis para se estudar bancos e coleções de germoplasma que têm poucos recursos humanos e financeiros. A coleta de dados multicategóricos é prática, econômica e demanda menor tempo comparado a dados quantitativos e dados moleculares. Porém, cada um tem sua importância singular, sendo preferível que uma coleção de germoplasma seja o mais amplamente estudada para dar maior suporte a pesquisas e ao banco de dados da coleção

2.5 Caracterização genética

2.5.1 Marcadores morfológicos

A caracterização, segundo Valls (1988), consiste idealmente na anotação de caracteres botânicos de alta herdabilidade, facilmente visíveis ou mensuráveis e que se expressam em todos os ambientes. Fixa-se, basicamente, em aspectos morfológicos e fenológicos observados de forma sistemática nos acessos, através do uso de descritores, os quais devem ser bem definidos, levando em consideração os seus diferentes usos, assim como a diversidade genética.

De acordo com a Lei de Proteção de Cultivares de nº 9.456, sancionada em 25 de abril de 1997, descritor é “a característica morfológica, fisiológica, bioquímica ou molecular que seja herdada geneticamente, utilizada na identificação da cultivar”. A caracterização morfológica e avaliação a campo seguem uma lista mínima de descritores pré-estabelecidos e considerados preliminares, tais como: nome comum, código de registro no Banco Ativo de Germoplasma, emergência, floração inicial, floração média, cor da flor, forma do folíolo central, distribuição das vagens na copa da planta, hábito de crescimento, porte da planta, ciclo e cor da semente (Araújo et al., 1984). Portanto, disponibiliza uma série de informações a respeito da variabilidade genética de cada acesso estudado. Esta é, normalmente, a forma mais acessível de quantificar a diversidade genética e tem sido bastante utilizada em bancos de germoplasma (Singh et al., 1991) e de disponibilizar, a maioria das informações sobre caracterização dos acessos de feijão-caupi (Nkongolo, 2003).

Para o melhoramento de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.], o conhecimento de algumas características fenotípicas é importante, por constituírem indicadores de seleção de plantas visando o desenvolvimento de novas cultivares (Oliveira et al., 2003). Variedades crioulas de feijão-caupi, são materiais que possuem uma grande variabilidade genética, e como consequência disto, diversos trabalhos têm sido desenvolvidos, de forma estratégica para conservação e caracterização destes materiais (Uguru, 1998; Negri et al., 2000; Tolera et al., 2008).

Por meio de caracterização morfológica, Oliveira et al. (2002), identificaram linhagens e cultivares de feijão-caupi quanto a adaptação edafoclimática, produtividade e características de vagens satisfatórias, oferecendo ao produtor, alternativas, inclusive a maior possibilidade de lucro. Torres et al. (2008), avaliaram a morfologia e a produtividade de dez acessos de feijão-caupi que foram obtidas

junto a pequenos produtores e feiras livres de diversos municípios do estado do Rio Grande do Norte. Neste trabalho, o acesso Amapá foi indicado como a melhor alternativa ao produtor, por ser mais precoce, possuir maior número de vagens por planta e maior produtividade, seguido de BRS Potiguar e Casca-de-seda.

Lopes et al. (2001), estudando a variabilidade e o potencial genético de vinte e oito linhagens de feijão-caupi através de caracteres agronômicos, observaram uma razoável variabilidade genética, notadamente na produtividade.

Hegde & Mishra (2009), caracterizando vinte e quatro variedades crioulas de feijão-caupi através de caracteres morfológicos e agronômicos, encontraram uma ampla variação genética nas variedades estudadas para os caracteres economicamente importantes, destacando a utilização destes materiais em pesquisas futuras para a melhoria do potencial genético de rendimento de grãos na cultura.

A caracterização completa e a conservação de cultivares pouco exploradas são de grande importância para o melhoramento (Rodrigues et al., 2008), pois, acredita-se na existência de materiais genéticos que ao longo do tempo podem ter acumulado modificações genéticas as quais contribuíram para sua adaptação às condições locais. Muitas características importantes poderão estar presentes neste tipo de germoplasma e serem utilizadas em programas de melhoramento voltadas para condições específicas, constituindo-se, portanto, em um verdadeiro patrimônio genético (Marinho et al., 2001).

Segundo Coelho et al. (2007), os recursos genéticos devem ser devidamente caracterizados para permitir ganhos genéticos mais promissores no melhoramento e também para potencializar o uso destes recursos pelo próprio agricultor.

De acordo com Karp et al. (1997), a caracterização morfológica está sujeita a algumas limitações, como por exemplo as influências ambientais e a difícil medição dos caracteres avaliados. Estas limitações resultaram na implantação de técnicas bioquímicas, tais como isoenzimas, eletroforese de proteínas e marcadores moleculares. Porém, a caracterização morfológica, não pode, no entanto, ser substituída por qualquer uma destas técnicas, devendo estas serem consideradas como complementares.

Segundo Bretting & Widrelechner (1995), os marcadores mais antigos e amplamente difundidos, são os que têm como base características morfológicas.

Estes ainda continuam sendo aplicados com eficiência e suas principais vantagens residem no fato de serem simples, rápidos e com baixo custo de análise.

2.5.2 Marcadores moleculares

A introdução de técnicas de genética molecular, no início da década de 80, permitiu que os estudos de identificação, caracterização e mapeamento genético passassem a ser realizados com maior segurança, rapidez e eficiência, possibilitando inclusive a avaliação da variabilidade genética entre os acessos (Xavier et al., 2005; Bernardo, 2008; Lu et al., 2009).

Tradicionalmente os melhoristas têm utilizado descritores morfológicos para o registro e lançamento de novas variedades. Ainda que a caracterização de cultivares feita desta forma continue sendo predominante, as limitações deste tipo de descritor têm gerado a necessidade de busca de outras alternativas. Mais recentemente, os descritores de DNA, baseados no genótipo do indivíduo, têm recebido maior atenção, especialmente pelo seu potencial de distinção entre genótipos morfológicamente similares e geneticamente aparentados (Millach, 1998).

De acordo com Oliveira et al. (2007), marcadores de DNA são caracterizados pela detecção de variação natural nas seqüências de DNA entre indivíduos e são herdados geneticamente. Os diferentes tipos de marcadores moleculares disponíveis diferenciam-se pela tecnologia utilizada para revelar a variabilidade ao nível do DNA. Esses marcadores distinguem-se ainda quanto à capacidade de gerar diferenças entre indivíduos (polimorfismo), custo, facilidade de uso, consistência e repetibilidade. Os principais marcadores de DNA podem ser classificados em dois tipos: marcadores baseados na hibridização com sondas específicas e aqueles com base na amplificação do DNA via reação de polimerização em cadeia (PCR - Polymerase Chain Reaction).

O desenvolvimento de marcadores de DNA proporcionou um grande impulso para a determinação da variabilidade genética dentro e entre espécies de um mesmo gênero, determinação da conservação e ordem de genes em espécies de gêneros diferentes (sintenia) e em estudos genômicos mais elaborados, como a identificação de genes específicos (Brondani et al., 2003).

Os marcadores moleculares podem incrementar a eficiência no melhoramento de plantas, como não são influenciados pelo ambiente, a variância de ambiente e da interação genótipos por ambientes pode ser eliminada (Amorim, 2005; Asfaw et al.,

2009). Marcadores moleculares revelam polimorfismo em nível de DNA, e tem sido considerada uma poderosa ferramenta utilizada na caracterização e diversidade genética (Hamza et al., 2004).

Resultados obtidos a partir do uso de marcadores moleculares permitem acessar a variabilidade existente entre indivíduos. Ghalmi et al. (2009), avaliando por meio de marcadores moleculares variedades crioulas de feijão-caupi, em geral, observaram uma baixa variabilidade entre os materiais estudados. Enfatizando desta forma, sobre a importância de se preservar estes materiais tradicionais, devido a sua grande importância para maximizar o uso dos recursos genéticos.

Diversas técnicas de biologia molecular estão hoje disponíveis para a detecção de variabilidade genética em nível de DNA (Ferreira & Gratapaglia, 1998). Vários marcadores moleculares têm sido utilizados em estudos genéticos com feijão-caupi, entre eles: RAPD - *Random Amplified Polymorphic DNA* (Badiane et al., 2004); RFLP - *Restriction Fragment Length Polymorphism* (Fatokun et al., 1993); DAF - *DNA Amplification Fingerprinting* (Spencer et al., 2000); AFLP - *Amplified Fragments Length Polymorphism* (Fatokun et al., 1997); ISSR - *Inter Simple Sequence Repeats* (Muthusamy et al., 2008) e SSR - *Simple Sequence Repeats* (Li et al., 2001; Tosti & Negri, 2005; Onofre, 2008).

É consenso na literatura científica que todas estas técnicas apresentam vantagens e limitações e, mais importante que a técnica, em primeiro lugar deve-se pensar no problema que se deseja resolver e, posteriormente, decidir com base na disponibilidade de recursos e pessoal qualificado, qual delas adotar (Borges, 2006).

Os métodos para avaliação da diversidade genética em feijão-caupi tiveram uma grande evolução, fazendo uso de caracteres morfológicos, bioquímicos e mais recentemente da avaliação por meio de marcadores moleculares (Ndiaye et al., 2004).

Wang et al. (2008), avaliando a relação filogenética e a diversidade genética entre quarenta e oito acessos de espécies do gênero *Vigna* usando marcadores derivados de genes, verificaram a grande eficiência destes marcadores em revelar a relação filogenética e acessar polimorfismo entre e dentro das espécies. Foi encontrada uma baixa variabilidade dentro das espécies estudadas, sugerindo assim, a incorporação de novos materiais na coleção de germoplasma para ampliar a base genética dos acessos.

Souframanien & Gopalakrishna (2004), usando marcadores moleculares RAPD e ISSR, acessaram a variabilidade genética entre espécies do gênero *Vigna*, de diferentes regiões da Índia, encontrando uma grande variabilidade entre os genótipos estudados. Segundo os autores, através destes estudos podem-se obter informações importantes para o melhoramento, por permitirem a identificação de parentais mais contrastantes que proporcionem uma maior variabilidade genética em gerações segregantes.

Dikshit et al. (2007), avaliando a diversidade genética entre setenta genótipos de espécies de *Vigna*, através de marcadores RAPD e SSR, obtiveram uma maior eficiência na detecção da variabilidade entre as espécies analisadas através dos marcadores microssatélites.

Microssatélites são marcadores codominantes, altamente informativos e fáceis de serem analisados. A desvantagem principal dos marcadores microssatélites é o grande custo inicial envolvido na obtenção da sequência dos locos. Porém, as muitas vantagens deste marcador podem exceder em valor o investimento inicial. Podem fornecer uma fonte rica de polimorfismo que pode ser usada para o mapeamento genômico e *fingerprinting* (Yu et al., 1999).

A análise de marcadores microssatélites é baseada na PCR, que é uma análise considerada muito mais simples de ser realizada do que a técnica de RFLP, envolvendo a amplificação de sequências de DNA, onde geralmente são necessários dois conjuntos de oligonucleotídeos. Esta técnica é bastante útil nos casos em que se requer alta sensibilidade e especificidade (Amer et al., 2001).

Os marcadores SSR são muito freqüentes e distribuídos aleatoriamente ao longo do genoma, permitindo a cobertura completa dos cromossomos de uma dada espécie. Além do seu emprego para mapeamento de genomas, os microssatélites são ideais para estudos de genética de populações, identificação e caracterização de genótipos (Pereira, 2006).

3. Referências Bibliográficas

- ABREU, F.B.; LEAL, N.R.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SILVA, D.J.H. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.22, n.3, p.547-552, 2004.
- AGRAWAL, R.C.; BEHERA, D. E SAXENA, J. Genebank Information Management System (GBIMS). **Computers and Electronics in Agriculture**, 2007.
- AMARAL JÚNIOR, A.T. do. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, p. 03-06, 1999.
- AMER, I.M.B.; BÖRNER, A. e RÖDER, M.S. Detection of genetic diversity in Libyan wheat genotypes using wheat microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**. Vol. 48, p. 579–585, 2001.
- AMORIM, E. P.; RAMOS, N. P.; UNGARO, M. R. G. e KIIHL, T. A. M. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência Agrotecnologia**, v. 31, n. 06, p. 1637-1644, 2007.
- AMORIM, E.P. **Produtividade de híbridos de milho, derivados de populações s0, e associação com distância genética baseada em microssatélites**. 2005, 108 p. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Lavras – UFLA.
- ARAÚJO, J.P.P. de; RIOS, G.P.; WATT, E.E.; NEVES, B. P. de; FAGERIA, N.K.; OLIVIERA, I. P. de; GUIMARÃES, C.M.; SILVIERA FILHO, A. **A cultura do caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp.:** descrição e recomendações técnicas de cultivo. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1984. 82 p. (EMBRAPA-CNPAP. Circular Técnica, 18).
- ARRIEL, N.H.C.; DI MAURO, A.O.; DI MAURO, S.M.Z.; OLAF ANDREAS BAKKE, O.A.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M.; CAPELOTO, A. e CORRADO, A.R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.5, p.801-809, 2006.
- ASFAW, A.; BLAIR, M.W. and ALMEKINDERS, C. Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from the East African highlands. **Theoretical and Applied Genetics**. Vol.120, p. 1–12, 2009.
- BADIANE, F.A.; DIOUF, D.; SANÉ, D.; DIOUF, O.; GOUDIABY, V. e DIALLO, N. Screening cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] varieties by inducing water deficit and RAPD analyses. **African Journal of Biotechnology**. Vol. 3 (3), pp. 174-178, 2004.

BERNARDO, R. Molecular Markers and Selection for Complex Traits in Plants: Learning from the Last 20 Years. **Crop Science**. Vol. 48, p.1649–1664, 2008.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, A.C. de; VIEIRA, E.A.; HARTWIG, I.; SILVA, J.A.G. da; SHIMIDT, D.A.M.; VALÉRIO, I.P.; BUSATO, C.C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de grupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira Agrociência**, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.

BERTHAUD, J. Strategies for conservation of genetic resources in relation with their utilization. **Euphytica**, v. 96, 1-12, 1997.

BERTINI, C. H. C. M. ; TEOFILO, E. M. ; DIAS, F.T.C. . Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, p. 99-105, 2009.

BESPALHOK FILHO, J. C.; GUERRA e OLIVEIRA. Uso e conservação do germoplasma. In: DESTRO D, MONTALVAN R. (Org.). **Melhoramento Genético de Plantas**. LONDRINA, PR: UEL, 1999, v. , p. 21 - 28.

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. 105p. Dissertação de Mestrado - Universidade Federal Rural de Pernambuco, PE.

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.

BORGES, W.S. **Análise da variabilidade genética e avaliação da fixação biológica de nitrogênio entre acessos de amendoim (*Arachis Hypogaea* L.)**, 2006. 58 p. Dissertação de mestrado. Universidade federal Rural do Rio de Janeiro – UFRJ.

BRETTING, P. K. and WIDRLECHENER, M. P. Genetic markers and horticultural germplasm management. **HortScience**, v. 30, n. 7, p. 1349-1355, 1995.

BRONDANI, C.; BRONDANI, R.P.V. e RANGEL, P.H.N. Utilização de Marcadores Moleculares em Programas de Ampliação da Base Genética de Espécies Cultivadas. Embrapa Arroz e Feijão, 2003. 36 p. – (Documentos / Embrapa Arroz e Feijão, ISSN 1678-9644 ; 155).

BROUGHTON, W.J.; HERNÁNDEZ, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S.; GEPTS, P e VANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus* spp.) – model food legumes. **Plant and Soil**. Vol. 252, p. 55–128, 2003.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C.; GONZALES, M. G. N.; POPPER, I.; ZANATTA, S. e SILVA, F. A. M. da. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1613-1619, 2000.

CHEN, X.; LAUDEMAN, T.W.; RUSHTON, P.J.; SPRAGGINS, T.A. and TIMKO, M.P. CGKB: an annotation knowledge base for cowpea (*Vigna unguiculata* L.) methylation filtered genomic genespace sequences. **BMC Bioinformatics**, 8:129, 2007.

COELHO, C.M.M.; COIMBRA, J.L.M.; ARRUDA, C.S.; BOGO, A. e GUIDOLIN, A.F. Diversidade Genética em acessos de feijão (*PHASEOLUS VULGARIS* L.). **Ciência Rural**, vol. 37, n. 4, p. 1241-1247. 2007.

COIMBRA, R.R.; MIRANDA, G.V.; MOREIRA, G.R.; SILVA, D.J.H.; CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; MARCASSO, R.C.; CANIATO, F.F. Divergência genética de cultivares de milho baseada em descritores qualitativos. **Anais...III SIRGEALC**, p. 266-268. 2001.

COSTA, M. N. **Análise dialéctica das capacidades geral e específica de combinação utilizando técnicas uni e multivariadas de divergência genética em mamoneira (*Ricinus communis* L.)**. 2006, 132 p. Tese de Doutorado. Universidade Federal da Paraíba - UFPB.

CRUZ, C. D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990, 188 p. Tese de Doutorado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, 2001. 390p.

DAS, S.; BHAT, P.R.; SUDHAKAR, C.; EHLERS, J.D.; WANAMAKER, S.; ROBERTS, P.A.; CUI, X. and CLOSE, T.J. Detection and validation of single feature polymorphisms in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) using a soybean genome array. **BMC Genomics**, 9:107, 2008.

DIEGUES, A. C. Etnoconservação, novos rumos para a proteção da natureza nos trópicos. São Paulo: **Hucitec**, 2000.

DIKSHIT, H.K.; JHANG, T.; SINGH, N.K.; KOUNDAL, K.R.; BANSAL, K.C.; CHANDRA, N.; TICKOO, J.L. and SHARMA, T.R. Genetic differentiation of *Vigna*

species by RAPD, URP and SSR markers. **Biologia Plantarum**. Vol. 51, (3): p. 451-457, 2007.

EHLERS, J. D. e HALL, A.E. Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Field Crops Research**, vol. 53, 187-204, 1997.

FAO. FAOSTAT. Crops. Cow peas, dry. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#anchor>. Acesso em: 04 de outubro de 2009.

FATOKUN C.A., DANESH D. and YOUNG N.D. Molecular taxonomic relationships in the genus *Vigna* based on RFLP analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, vol. 86, p. 97-104, 1993.

FATOKUN C.A.; YOUNG N.D.; MYERS, G.O. Molecular markers and genome mapping in cowpea. In: **Advances in cowpea research**, Co-publication of International Institute of Tropical Agriculture (IITA) and Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS), Ibadan, Nigeria. P. 352–360, 1997.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3 Ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEM, 1998. 220p.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D. e JOST, E. Número necessário de experimentos para a análise de agrupamento de cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v.39, n.2, p371-378, 2009.

FONSECA, J.R. e SILVA, H.T. da. Identificação de duplicidades de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.3, p.409-414, 1999.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARRETO, P. D.; SANTOS, C. A. F. **Melhoramento genético de caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] na região do Nordeste**. Disponível em: <<http://www.cpatsa.embrapa.br>>. Acesso em: 10 de janeiro de 2006.

FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q.; BARRETO, P.D.; SANTOS, A.A. Melhoramento genético. In: FREIRE FILHO, F.R.; LIMA, J.A.A.; RIBEIRO, V.Q. (Ed.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p. 27-92, 2005.

FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q.; BARRETO, P.D.; SANTOS, C.A.F. Melhoramento genético de caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) na região Nordeste. In: Queiróz, M . A. de; GEODERT, C. O.; RAMOS, S.R.R., Ed. **Recursos Genético**

e Melhoramento de Plantas para o Nordeste brasileiro. (on line). Versão 1.0. Petrolina-PE: Embrapa Semi-Árido / Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Nov. 1999.

FREIRE FILHO, F.R.; ROCHA, M.M.; DAMASCENO-SILVA, K.J.; RIBEIRO, V.Q. e NOGUEIRA, M.S.R. FEIJÃO-CAUPI: MELHORAMENTO GENÉTICO, RESULTADOS E PERSPECTIVAS. **I Simpósio Nordestino de Genética e Melhoramento de Plantas.** Fortaleza-CE. Pag. 25-59, 28 e 29 de maio de 2009.

FREIRE, M.S.; WETZEL, M.M.V.S.; FAIAD, M.G.; FREIRE, A.B. Germoplasma de caupi: coleção ativa e de base. **Recursos Genéticos e Melhoramento de plantas para o Nordeste Brasileiro.** Disponível em:<www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livroorg/caupicolbase.pdf>. Acesso em: 10 mar. 2007.

GHALMI, N.; MALICE, M.; JACQUEMIN, J.M.; OUNANE, S.M.; MEKLIICHE, L. and BAUDOIN, J.P. Morphological and molecular diversity within Algerian cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) landraces. **Genetic Resources and Crop Evolution.** DOI 10.1007/s10722-009-9476-5. 2009.

GUERRA, M.P.; NODARI, R.O.; REIS, M.S. dos e ORTH, A.I. A DIVERSIDADE DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS E A NOVA PESQUISA AGRÍCOLA. **Ciência Rural**, v. 28, n. 3, p. 521-528, 1998.

GUPTA, S.K. and GOPALAKRISHNA, T. Genetic diversity in blackgram (*Vigna Mungo* (L.) Hepper) using AFLP and transferable microsatellite markers from azuki bean (*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi). **Genome**, vol. 52, p. 120-128, 2009.

HAMZA, S.; HAMIDA, W.B.; AHMED REBAÏ, A. e HARRABI, M. SSR-based genetic diversity assessment among Tunisian winter barley and relationship with morphological traits. **Euphytica**, vol. 135, p. 107–118, 2004.

HEGDE, V.S. and MISHRA, S.K. Landraces of cowpea, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., as potential sources of genes for unique characters in breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution.** Vol. 56, p. 615–627, 2009.

KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C.P.; SILVA, M.P.; RIVA, E.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, v.23, n.4, p.1000-1005, 2005.

KARP, A.; KROSORICH, S.; BHAT, K.V.; AYOD, I.V.G. and HODGIN, T. Molecular tools in plant genetics resources conservation: **A guide to technologies**. Technical Bulletin no. 2, p. 13–29, 1997

LI, C. D.; FATOKUN, C. A.; UBI, SINGH, B. B.; SCOLES, G. J. Determining genetic similarities and relationships among cowpea breeding lines and cultivars by microsatellite markers. **Crop Science**, v. 41, p. 189-197, 2001.

LI, Y.; WANG, J.; CAO, Y.; GAO, W.; FANG, J. e LOU, X. The use of genetic resources in crop improvement: Lessons from China. **Genetic Resources and Crop Evolution**. Vol. 45, p. 181–186, 1998.

LOPES, A.C.A.; FREIRE FILHO, F.R.; SILVA, R.B.Q.; CAMPOS, FF.L. e ROCHA, M.M. Variabilidade e correlações entre caracteres agrônômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 36, n. 3, p. 515-520, mar. 2001.

LOPES, M. A. e MELLO, S. C. M. Estratégias para Melhoria, Manutenção e Dinamização do Uso dos Bancos de Germoplasma Relevantes para a Agricultura Brasileira. Acessado em agosto de 2008:

<http://www.cria.org.br/cgee/documentos/DinamizacaoAgronegocio.doc>

LU, Y.; YAN, J.; GUIMARÃES, C.T.; TABA, S.; HAO, Z.; GAO, S.; CHEN, S.; LI, J.; ZHANG, S.; VIVEK, B.S.; MAGOROKOSHO, C.; MUGO, S.; MAKUMBI, D.; PARENTONI, S.N.; SHAH, T.; RONG, T.; CROUCH, J.H. and XU, Y. Molecular characterization of global maize breeding germplasm based on genome-wide single nucleotide polymorphisms. **Theoretical and Applied Genetics**. Vol. 115, p. 120:93, 2009.

MACHADO, C. de F.; NUNES, G.H. de S.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. dos. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, vol. 32, n.2, p.251-258, 2002.

MARINHO, J. T. de S.; PEREIRA, R. de C. A. e COSTA, J. G. da. Caracterização de cultivares de caupi (*Vigna unguiculata* (L) Walp), em plantios no Acre. Rio Branco: Embrapa Acre. **Boletim de Pesquisa**. ISSN 0101 – 5516. 2001.

MARTEL, J. H. I. **Caracterização de germoplasma de pupunha (*bactris gasipaes kunth*) por descritores morfológicos**. 2002, 107 p. Tese de Doutorado. Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP.

MELO, L.A.M.P. de; BURLE, M.L. e NORONHA, S.E. de. Sistema de Informação Geográfica Aplicado a Recursos Genéticos. **Documentos**. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 39 p. Brasília, Dez. 2002.

- MILLACH, S.C.K. **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre. 1998. 141p.
- MOHAMMED, M.S.; RUSSOM, Z. and ABDUL, S.D. Inheritance of hairiness and pod shattering, heritability and correlation studies in crosses between cultivated cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) and its wild (var. pubescens) relative. **Euphytica**. Vol. 171, p. 397–407, 2010.
- MUTHUSAMY, S.; KANAGARAJAN, S. e PONNUSAMY, S. Efficiency of RAPD and ISSR markers system in accessing genetic variation of rice bean (*Vigna umbellata*) landraces. **Electronic Journal of Biotechnology**, vol.11 n.3, 2008.
- NASS, L.L. & PATERNIANI, E. PRE-BREEDING: A LINK BETWEEN GENETIC RESOURCES AND MAIZE BREEDING. **Scientia Agricola**, vol.57, n.3, p.581-587, 2000.
- NASS, L.L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I. S. de, VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 30-55.
- NDIAYE, M. A. F.; DIOUF, D.; NDIAYE, M.; SPENCER, M.M. and GUEYE, M. DNA and di-nitrogen fixation polymorphism among cowpea [*Vigna Unguiculata* (l.) walp.] varieties grown in field conditions. **Journal des Sciences**, vol. 4, n. 1, 2004.
- NEGRI, V.; TOSTI, N.; FALCINELLI, M. & VERONESI, F. Characterization of thirteen cowpea landraces from Umbria (Italy). Strategy for their conservation and promotion. **Genetic Resources and Crop Evolution**, vol. 47, p. 141–146, 2000.
- NKONGOLO, K.K. Genetic characterization of Malawian cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) landraces: diversity and gene flow among accessions. **Euphytica**, vol. 129, p. 219–228, 2003.
- OLIVEIRA, A.C.B. de; CAIXETA, E.T.; ZAMBOLIM, E.M.; ZAMBOLIM, L. e SAKIYAMA, N.S. Aplicação técnica de marcadores moleculares no melhoramento de plantas.. Campinas: Centro de Comunicação e Transferência do Conhecimento do Instituto Agrônômico, 2007. (Série Documentos IAC 81).
- OLIVEIRA, A.P.; TAVARES SOBRINHO, J.; NASCIMENTO, J.T; ALVES, A.U; ALBUQUERQUE, I.C.; BRUNO, G.B. Avaliação de linhagens e cultivares de feijão-caupi, em Areia, PB. **Horticultura Brasileira**, Brasília, vol. 20, n. 2, p. 180-182, junho 2002.

OLIVEIRA, J. O. de; ANUNCIÇÃO FILHO, C.J.; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. dos e TEÓFILO, E. M. Caracteres agronômicos aplicados na seleção de cultivares de caupi. **Revista Ciência Agronômica**, vol. 34, n.1 – 2003.

ONOFRE, A. V. C. **Diversidade genética e avaliação de genótipos de feijão-caupi contrastantes para resistência aos estresses bióticos e abióticos com marcadores SSR, DAF e ISSR**. Dissertação de mestrado. 2008, 78 p. Universidade Federal de Pernambuco - UFPE.

PEETERS, J.P. and MARTINELLI, J.A. Hierarchical cluster analysis as a tool to manage variation in germplasm collections. **Theoretical and Applied Genetics**, vol. 78, p.42-48, 1989.

PEIXOTO, N.; BRAZ, L.T.; BANZATTO, D.A.; MORAES, E.A.; MOREIRA, F.M. Características agronômicas, produtividade, qualidade de vagens e divergência genética em feijão-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura brasileira**, v. 20, n. 3, p.447-451, 2002.

PEREIRA, H.S. **Seleção assistida por marcadores microssatélites para produtividade de grãos em feijoeiro**. 2006. 149p. Tese de doutorado. Universidade Federal de Lavras – UFLA.

PEREIRA, R. de C.A.; MARINHO, J.T. de S.; COSTA, J.G. da. Caracterização botânica, morfológica e agronômica de cultivares de caupi coletadas do Estado do Acre. Rio Branco: **Boletim de Pesquisa**. n. 17, Embrapa-CPAF/AC, 1997. 12p.

Queiroz, M. A. Melhoramento genético no Brasil: Realizações e perspectivas. In: Nass LL, Valois ACC, Melo IS and Valadares-Ingles MCE (eds.) **Recursos Genéticos e Melhoramento – Plantas**. Fundação MT, Rondonópolis, p. 2-28, 2001.

RAO, G. R.; KORWAR, G. R.; SHANKER, A. S. e RAMAKRISHNA, Y. S. Genetic associations, variability and diversity in seed characters, growth, reproductive phenology and yield in *Jatropha curcas* (L.) accessions. **Trees**. Vol. 22, p. 697–709, 2008.

RAO, A.V.; PRASAD, A.S.R.; SAI KRISHNA, T.; SECHU, D.V.; SRINIVASAN, T.E. Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. **The Indian Journal of Genetic Plant Breeding**, v.41, n.2, p.179-185. 1981.

RAO, V.R. & HODGKIN, T. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic Resources. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**. Vol. 68, p. 1–19, 2002.

ROCHA, M. de M.; FREIRE-FILHO, F.R.; RAMOS, S.S.R.; RIBEIRO, V.Q.; ANDRADE, F.N. e GOMES, R.L.F. Avaliação agronômica de genótipos de feijão-

caupi para produção de grãos verdes. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento** **67**. Outubro, 2006.

RODRIGUES, L. C.; MORALES, M.R.; FERNANDES, A.J.B.; ORTIZ, J.M. Morphological characterization of sweet and sour cherry cultivars in a germplasm bank at Portugal. **Genetic Resource Crop Evolution**. Vol. 55, p. 593–601, 2008.

SHARAWY, W.M. and EL-FIKY, Z.A. Characterization of cowpea (*Vigna unguiculata* L.) genotypes based on yield traits and RAPD-PCR analyses. Arab J. **Biotech**. Vol. 6, No.1, p. 67-78, 2003.

SIMON, M. V. **Uso de Marcadores Moleculares em *Phaseolus vulgaris***. 2002. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Pernambuco - UFPE.

SINGH, B. B.; EHLERS, J. D.; SHARMA, B.; FREIRE FILHO, F. R. Recent progress in cowpea breeding. In: FATOKUN, C. A.; TARAWALI, S. A.; SINGH, B. B.; KORMAWA, P. M.; TAMÒ, M. (Eds.). **Challenges and opportunities for enhancing sustainable cowpea production**. Ibadan: IITA, 2002. p. 22-40.

SINGH, S. P. Broadening the genetic base of common bean cultivars: A Review. **Crop Science**, Madison, v.41, n.6, p.1659-1675, 2001.

SINGH, S.P.; GUTIERREZ, J.A.; MOLINA, A.; URREA, C. Genetic diversity in cultivated common bean: II. Marker based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Science**, v. 31, p. 23-29, 1991.

SOUFRAMANIEN, J. and GOPALAKRISHNA, T. A comparative analysis of genetic diversity in blackgram genotypes using RAPD and ISSR markers. **Theoretical and Applied Genetics**. Vol. 109, p. 1687–1693, 2004.

SPENCER M.M., NDIAYE M.A., GUEYE M., DIOUF D., NDIAYE M. and GRESSHOFF P.M. DNA-based relatedness of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] genotypes using DNA amplification fingerprinting. **Physiology and Plant Molecular Biology**. Vol. 6, p. 81-88, 2000.

SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SILVA, D. J. H. e PEREIRA, T. N. S. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, vol. 24, p. 88-93, 2006.

TIMKO, M.P.; RUSHTON, P.J.; LAUDEMAN, T.W.; BOKOWIEC, M.T.; CHIPUMURO, E.; CHEUNG, F.; TOWN, C.D. and CHEN, X. Sequencing and analysis of the gene-rich space of cowpea. **BMC Genomics**, vol. 9, 2008.

TOLERA, T.; KARLOVSKY, P. and MAASS, B.L. Genetic diversity in tropical legumes: cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) and lablab (*Lablab purpureus* (L.) Sweet). **Proceedings of the 14th Australian Agronomy Conference**. 2008.

TORRES, S.B.; OLIVEIRA, F.N.; OLIVEIRA, R.C. e FERNANDES, J.B. Produtividade e morfologia de acessos de caupi, em Mossoró, RN. **Horticultura Brasileira**. Vol.26 no. 4, 2008.

TOSTI, N. and NEGRI, V. On-going on-farm micro evolutionary processes in neighboring cowpea landraces revealed by molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**. Vol. 110, p. 1275-1283, 2005.

UGURU, M.I. Traditional conservation of vegetable cowpea in Nigeria. **Genetic Resources and Crop Evolution**. Vol. 45, p. 135–138, 1998.

UNIFEIJÃO. **A produção de feijão no Brasil**. Disponível em: http://www.unifeijao.com.br/feijao_do_brasil/feijao_dobrasil.thm. Acesso em: 24 agosto de 2006.

VALLS, F. J. M. Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica de germoplasma vegetal. In: ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENÉTICOS, 1., 1988, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: UNESP, 1988. p.106-128.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **IPEF**, n.35, p.79-84, abr.1987.

WANG, M.L.; BARKLEY, N.A.; GILLASPIE, G.A. and PEDERSON, G.A. Phylogenetic relationships and genetic diversity of the USDA *Vigna* germplasm collection revealed by gene-derived markers and sequencing. **Genetic Resources Cambridge**, vol. 90, p. 467–480, 2008.

WETZEL, M.M.V.S.; FREIRE, M.S.; FAIAD, M.G.; FREIRE, A. de B. Recursos genéticos: Coleção Ativa e de Base. In: Freire-Filho, F.R; Lima, J. A. de A. (Ed.) Feijão-caupi: **Avanços tecnológicos**. 1 ed. Brasília, DF: Embrapa, Informação Tecnológicas, p. 159-190, 2005.

XAVIER, G.R.; MARTINS, L.M.V.; RUMJANEK, N.G. e FREIRE FILHO, F.R. Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, n.4, p.353-359, abr. 2005.

YU, K.; PARK, S. J. e POYSA, V. Abundance and variation of microsatellite DNA sequences in beans (*Phaseolus* and *Vigna*). **Genome**, vol. 42: p. 27–34, 1999.

CAPÍTULO II

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI ATRAVÉS DE CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI ATRAVÉS DE CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA¹

Eva Maria Rodrigues Costa⁽²⁾, Clodoaldo José da Anunciação Filho⁽³⁾, Kaesel Jackson Damasceno-Silva⁽⁴⁾, Luciane Vilela Resende⁽⁵⁾ e Artur Mendes Medeiros⁽⁶⁾.

¹Trabalho extraído da dissertação apresentada à Universidade federal Rural de Pernambuco pelo primeiro autor;

² Aluna do curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia “Melhoramento Genético em Plantas” (PPGAMGP) da UFRPE. Rua Dom Manoel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, Recife, PE, CEP: 52171-900. Recife-PE, E-mail: evamrc_9@hotmail.com;

³ Professor Associado, Departamento de Agronomia da UFRPE, Rua Dom Manoel de Medeiros s/n, Dois Irmãos. Recife-PE, CEP: 52171-900. E-mail: cjoseufrpe@yahoo.com.br;

⁴ Professora, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Agricultura, CEP 37,200-000 Lavras – MG. E-mail: luciane.vilela@ufla.br;

⁵ Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, Av, Duque de Caxias, 5650, B, Buenos Aires, CEP 64006-220. Teresina-PI. E-mail: kaesel@cpamn.embrapa.br;

⁶ Aluno do curso de graduação em Agronomia da Universidade Federal do Piauí, Departamento de Fitotecnia. Teresina – PI. E-mail: arturmedeiros_eln@hotmail.com;

4.1 Resumo - A divergência genética entre as linhagens de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte foi avaliada através de caracteres morfoagronômicos. O plantio foi realizado em agosto de 2009. O experimento foi em blocos ao acaso, com três repetições, contendo 57 linhagens de feijão-caupi. As linhagens foram avaliadas por meio de análise univariada e multivariada, com dissimilaridade obtida por meio da distância de Mahalanobis (D^2), e utilizando o método de agrupamento UPGMA. As distâncias entre os pares formados pelas linhagens, oscilou entre 1,21 a 221,35. A linhagem IT89KD-245 foi considerada a mais divergente entre os genótipos estudados por meio das características quantitativas, podendo ser indicado como

parental em programas que envolvem cruzamentos. Foram formados quatro grupos pelo método UPGMA. As características que mais contribuíram para a divergência foram: peso de cem grãos (49,7 %), comprimento da vagem (16,7 %), comprimento do grão (12,0 %) e número de grãos por vagem (9,7 %). As linhagens foram avaliadas através das medidas de dissimilaridade com base em 26 variáveis multicategóricas. As linhagens IT98K-491-4 e IT00K-898-5; IT99K-494-6 e IT98K-131-2; IT99K-718-6 e IT89KD-245; IT99K-494-6 e IT97K-568-14 e IT98K-128-3 e IT99K-718-6 foram as mais similares através dos caracteres qualitativos. Baseado nestas características foram formados onze grupos entre as linhagens estudadas pelo método de Tocher. Através da caracterização morfoagronômica foi possível quantificar a divergência genética presente nas linhagens estudadas.

Palavras chave: Multivariada, agrupamento e variáveis multicategóricas,

GENETIC DIVERGENCE AMONG COWPEA LINES BY MORPHOAGRONOMIC CHARACTERIZATION

4.2 Abstract - The genetic divergence among cowpea lines of the Germoplasm Bank of the Embrapa Mid-North, Brazil, was evaluated, by analyzing morphoagronomical traits. Seeds were sowed in august/2009. Field plots were arranged in a randomized block design with three replicates containing 57 of cowpea lines. The lines were evaluated by univariate and multivariate analyses, with dissimilarities obtained by the generalized distance of Mahalanobis (D^2) and the grouping technique by the UPGMA method. The genetic distances between pairs of lines ranged from 1.21 to 221.35, The lines IT89KD-245 was the most divergent by quantitative traits estimates, could be included as parental in breeding programs. Were formed four groups by UPGMA method. The traits that most contributed to genetic divergence were: 100 grains weight (49.7 %), length of the pod (16.7 %), length of the grain

(12.0 %) and number of grains per pod (9.7 %). The lines were evaluated by 26 multicategoric variables. These traits evidence that IT98K-491-4 e IT00K-898-5; IT99K-494-6 e IT98K-131-2; IT99K-718-6 e IT89KD-245; IT99K-494-6 e IT97K-568-14 e IT98K-128-3 e IT99K-718-6 lines were the most similar. With basis in these characteristics were formed eleven groups by Tocher method. Through analyzing morphoagronomical traits were possible identify genetic divergence among lines studies.

Key words: Multivariate, cluster and multicategoric variables.

4.3 Introdução

O feijão-caupi, também conhecido como feijão-de-corda, feijão fradinho ou feijão-macassar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), é uma das culturas mais importantes utilizada no consumo humano. É cultivada em todas as regiões tropicais, em pelo menos 12, 5 milhões de hectares, com uma produção anual acima de três milhões de toneladas alcançada mundialmente (Feleke et al., 2006). No cenário mundial o continente africano é o maior produtor de feijão-caupi, principalmente Nigéria e Niger detendo 59,62 % da produção e o Brasil destaca-se neste cenário ocupando o terceiro lugar, com 11,32 % da produção, os quais representam 70,94 % da produção mundial (FAO, 2009).

Segundo dados da Unifeijão (2006), a produtividade da cultura no Brasil ainda é considerada baixa (368 kg.ha⁻¹). Em condições experimentais já foram obtidas produtividades de grãos secos acima de 3.000 kg.ha⁻¹ (Bezerra, 1997), porém a expectativa é que seu potencial genético ultrapasse 6.000 kg ha⁻¹ (Freire Filho et al., 2005).

Destaca-se na região Nordeste do Brasil, onde é considerado uma das principais fontes de proteína vegetal para a sua população (Bertini et al., 2009). Entre os estados da região Nordeste com maior destaque na produção de feijão-caupi, estão a Paraíba com 64.672 e o Piauí com 38.420 toneladas. É uma cultura bastante versátil em termos de mercado, podendo

ser comercializada na forma de grãos secos, grãos ou vagens verdes, farinha para acarajé e sementes (Rocha et al., 2006). Porém, é predominantemente consumido na forma de grãos secos, apreciado sozinho ou acompanhado por arroz (Mohammed et al., 2010). Também é utilizado na alimentação animal, principalmente na forma de forragem (Sharawy & El-Fiky, 2003).

Atualmente, o feijão-caupi tem atraído atenção de grandes produtores, os quais, em sua maioria, já usam cultivares melhoradas e vêm obtendo ganhos consideráveis de produtividade (Freire Filho et al., 2006). Melhoristas têm desenvolvido cultivares elites e linhagens melhoradas em trabalhos de melhoramento com esta cultura, principalmente relacionadas ao aumento de produtividade, resistência a pragas e doenças, nematóide, plantas invasoras e tolerância a estresses hídricos e salinos (Ehlers & Hall, 1997).

Os Bancos de Germoplasma possuem a matéria-prima para o melhoramento, tendo produzido resultados que contribuíram significativamente para os principais ganhos qualitativos e quantitativos alcançados pela agricultura brasileira ao longo das últimas décadas (Lopes & Mello, 2008). No Brasil, a Embrapa Meio-Norte, é o órgão responsável pelo banco ativo de germoplasma de feijão-caupi. A coleção base, atualmente constituída de aproximadamente 5.000 acessos do gênero *Vigna*, localiza-se na Embrapa Recursos genéticos e Biotecnologia (Wetzel et al., 2005). Atualmente a rede de pesquisa de feijão-caupi se estende pelas regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste, indo do estado de Roraima ao de Mato Grosso do Sul e do estado de Pernambuco ao de Rondônia (Freire Filho et al., 2009).

A necessária obtenção de informações adequadas e o acesso a magnitude da variabilidade genética existente entre os acessos de um banco de germoplasma são fundamentais para o sucesso de um programa de melhoramento (Rao et al., 2008). Os estudos sobre divergência genética disponibilizam informações importantes através da caracterização dos acessos, possibilitando a identificação de duplicatas, a proteção varietal e a seleção de genitores (Coimbra et al., 2001; Gupta & Gopalakrishna, 2009).

A variabilidade genética pode ser acessada por meio de marcadores morfológicos e/ou moleculares (Singh, 2001). A maioria das informações obtidas sobre acessos de feijão-caupi em bancos de germoplasma são baseadas em caracteres morfológicos (Nkongolo, 2003). Vários trabalhos sobre caracterização de feijão-caupi foram realizados utilizando caracteres morfoagronômicos (Passos et al., 2007; Vural & Karasu, 2007; Hegde & Mishra, 2009), moleculares (Feleke et al., 2006; Aremu et al., 2007; Simon et al., 2007;) e utilizando os dois métodos (Ghalmi et al., 2009).

Este trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre linhagens de feijão-caupi pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte por meio de caracterização morfoagronômica.

4.4 Material e Métodos

4.4.1 Material genético

Foram caracterizadas morfoagronomicamente 57 linhagens de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, sendo 53 adquiridas por meio de intercâmbio com o Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA), uma linhagem da Califórnia (CB-27), uma cultivar do Peru (Vaina Blanca), TVx 5058 - 09C (linhagem Africana) e uma linhagem do Programa de Melhoramento de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte (Tabela 1).

4.4.2 Delineamento e condução do experimento

O experimento foi instalado em Agosto de 2009 em uma área experimental da Embrapa Meio-Norte, em Teresina-PI, situado a uma altitude de 72 m, latitude de 5° 5'12" S e longitude de 42° 48'42" W. De acordo com a classificação climática de Köpen, o clima Teresinense recebe a denominação de AW, o clima tropical, com inverno seco e verão chuvoso, sendo similar ao Cerrado do Brasil Central.

O delineamento experimental adotado foi em blocos ao acaso, com três repetições e contendo 57 tratamentos. A parcela experimental foi constituída de uma linha de quatro metros, em um espaçamento de 0,25 m entre plantas e 1,00 m entre linhas totalizando 16 plantas.

Após 15 dias do plantio, foi realizada a operação de desbaste, mantendo-se apenas uma planta por cova. O sistema de irrigação utilizado foi por gotejamento, com emissores espaçados a cada 1,0 m, mantendo uma lâmina de água de 6 mm. Os tratos culturais consistiram do uso de herbicida e capina complementar para o controle de ervas daninhas. Quando necessário foi aplicado inseticida para controle de insetos mastigadores (vaquinhas e lagartas) e sugadores (pulgões, percevejos e tripses) e os demais tratos culturais de acordo com o recomendado para a cultura do feijão-caupi.

4.4.3 Caracteres avaliados

Foram tomados dados de caracteres qualitativos e quantitativos de todas as linhagens em estudo, de acordo com descritores propostos pelo IPGRI (1983) com modificações.

4.4.3.1 Quantitativos

Foram mensurados: o número de vagens por pedúnculo (NVP), número de grãos por vagem (NGV), comprimento de vagem (COMPV) em cm, comprimento do grão (COMPG) e largura do grão (LARGG) em mm medidos com o auxílio de um paquímetro digital, peso de cem grãos (P100G) e produção (PROD) em gramas.

4.4.3.2 Qualitativos

Foram avaliados os seguintes caracteres: Forma da folha (FF), hábito de crescimento (HC), porte da planta (PP), pigmentação do pedúnculo da inflorescência (PPI), desfolhamento na maturidade (GSFM), cor da flor – uniformidade (CFU), cor da flor (CF), cor do cálice (CCAL), cor da asa (CASA), cor da quilha (CQUI), cor do estandarte (CEST), tipo de inflorescência (TI), cor da vagem (CV), cor da vagem imatura (CVI), cor da vagem madura (CVM), distribuição das vagens na copa da planta (DVCP), forma da vagem (FV), cor do

grão (CG), classes e subclasses comercial (CSC), cor do cotilédone (CCOT), tipo de tegumento (TT), cor do anel do hilo (CHIL), cor do halo (CHAL), halo da semente (HS), forma do grão (FG) e ciclo da cultura (CC).

4.4.4 Análise estatística

Para os dados quantitativos empregou-se a análise de variância univariada para verificar a variabilidade genética existente entre as linhagens estudadas, de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + l_i + b_j + e_{ij}$$

em que,

Y_{ij} : é a observação associada a i -ésima linhagem do j -ésimo bloco;

m : é a média geral;

l_i : é o efeito da i -ésima linhagem;

b_j : efeito do j -ésimo bloco;

e_{ij} : erro experimental.

As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-knott a 5% de probabilidade. Utilizou-se o programa estatístico de sistema de análise de variância SISVAR versão 4.0 (Ferreira, 2000) para o processamento destes dados. Foram estimados os parâmetros genéticos e ambientais como herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) e coeficientes de variação genético (CV_g) e ambiental (CV_e).

Para o agrupamento dos genótipos foi utilizado o método hierárquico UPGMA, adotando como medida de dissimilaridade a distância generalizada (D^2) de Mahalanobis (Cruz, 1990; Fonseca, 1993 e Ribeiro 1993).

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

Em que:

$D_{ii'}^2$: é a distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

δ : $[d_1 d_2 \dots d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : é a média do i-ésimo genótipo em relação a j-ésima variável.

Além de possibilitar o estudo da divergência genética, é possível, por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis, quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética utilizando o critério proposto por Singh (1981). Neste caso, considera-se que:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta = \sum_{j=1}^n \sum_{j'=1}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

em que $\omega_{jj'}$ é o elemento da j-ésima linha e j'-ésima coluna da inversa da matriz em de variâncias e covariâncias residuais.

A análise dos caracteres qualitativos consistiu na obtenção da matriz de dissimilaridades a partir de variáveis multicategóricas. Para obtenção da matriz de dissimilaridade foi utilizada a moda de cada variável por acesso, sem repetição. Posteriormente, foi realizada a análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher, citado por Rao (1952). As análises foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES v. 2007.0.0 (Cruz, 2006).

4.5 Resultados e Discussão

4.5.1 Caracteres quantitativos

Os quadrados médios obtidos das análises de variância para os sete caracteres quantitativos analisados são apresentados na Tabela 2. Diferenças significativas pelo teste F ($p < 0,05$) foram observadas entre as médias das linhagens de feijão-caupi para todos os caracteres avaliados, o que evidencia variabilidade genética entre as mesmas.

O coeficiente de variação oscilou entre 5,83 % para peso de cem grãos (P100G) e 31,28 % para produção (PROD), sendo considerados valores de baixo a médio, demonstrando

existir boa precisão experimental na análise de todos os caracteres considerados, mesmo aquelas relacionados à produção, que são complexos e mais suscetíveis à variação ambiental (Allard, 1971). De fato, para caracteres quantitativos esperam-se magnitudes de CV próximas às obtidas, concordando com as encontradas na literatura, para feijão-caupi.

Lopes et al. (2001), estudando a variabilidade entre caracteres agronômicos em feijão-caupi, encontraram valores de 11,00 % e 33,56 % para os coeficientes de variação dos caracteres peso de 100 grãos e produção de grãos.

A análise univariada mostrou a existência de variabilidade entre as linhagens estudadas por meio dos descritores quantitativos avaliados. As médias dos caracteres são apresentadas na Tabela 3. Para o número de vagens por pedúnculo foi encontrado uma variação entre 1,3 para a linhagem IT98K-1101-5 e 3,0 para a linhagem IT99K-1060. O comprimento da vagem variou de 11,80 a 20,92 cm para as linhagens IT98K-1092-1 e IT82D-889, alcançando uma média de 16,36 cm entre as linhagens avaliadas. De acordo com Souza et al. (2006), no caso do mercado de feijão-caupi para consumo de grãos imaturos, a comercialização é feita na forma de molhos de vagens, o que torna relevantes determinadas características externas das mesmas, destacando-se o comprimento e o diâmetro transversal da vagem, que são indicativos do rendimento e do tamanho dos grãos verdes.

O número de grãos por vagem oscilou de 7,63 a 14,77 para as linhagens IT98K-1101-5 e IT97K-568-14, com um número médio de 11,71 grãos por vagem entre as linhagens. Foi observado que os valores do comprimento do grão (COMPG) variaram de 6,29 a 9,83 mm para as linhagens IT98K-1101-5 e IT98K-1092-1 respectivamente. Foi obtida uma média de 5,60 mm de largura dos grãos entre as linhagens estudadas. Observou-se que as linhagens que apresentaram os grãos com comprimento e largura maiores, também obtiveram maior peso, o que refletiu na característica peso de cem grãos. A variação de peso de cem grãos foi entre 12,43 e 25,93g para as linhagens IT85F -1380 e IT89KD-245, sendo que, a linhagem IT98K-

1092-1 que exibiu o maior valor de comprimento de grão (9,83 cm), apresentou também um dos maiores peso de cem grãos observados (22,43g), entre as linhagens analisadas.

Mishili et al. (2009), avaliando a preferência do consumidor em relação as características e valor dos grãos de feijão-caupi em mercados da Nigéria, Ghana e Mali na África, identificaram que estes consumidores preferem grãos maiores, inclusive, se dispõem a pagar mais caro por grãos com estas características.

Outros trabalhos envolvendo feijão-caupi mostraram resultados similares aos obtidos no presente estudo para o peso de cem grãos. Torres et al. (2008), avaliando a produtividade e caracterizando a morfologia de dez acessos de feijão-caupi nas condições edafoclimáticas do município de Mossoró-RN, observaram que o peso médio de cem grãos variou de 15,86 g (Pingo-de-ouro) a 23,47 g (Costela-de-vaca). Oliveira et al. (2003), avaliando acessos de feijão-caupi, obtiveram valores para peso de cem grãos variando entre 9,57 a 22,84g para as cultivares TVx-337-3F e S-388, respectivamente.

Os valores encontrados para produção oscilaram entre 102,70 e 388,07g compreendendo as linhagens IT84S-2135 e IT87D-697-2. Outras linhagens também apresentaram valores acima de 300g, entre elas, IT85F -1380 (301,30g), IT99K-1122 (305,90g), IT96D-618 (310,30g), IT89KD-245 (315,37), IT00K-1263-1 (350,13g), IT93K-93-10 (358,40g), IT98K-503-1 (358,80g), IT96D-610 (365,50g), IT87D-697-2 (388,07g).

Bertini et al. (2009), avaliando 16 acessos de feijão-caupi do Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Ceará, encontraram uma variação para produção de grãos de 35,65 g a 328,15 g sendo o maior valor detectado para o acesso CE-871, outros acessos também exibiram altos valores para produção, entre eles, CE-79 (312,29g), CE-93 (292,73) e CE-873 (323,03g). Segundo Lal et al. (2007), programas de melhoramento envolvendo a seleção de parentais selecionados com base na divergência genética de componentes de produtividade podem produzir segregantes transgressivos com potencial produtivo.

As estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres avaliados encontram-se na Tabela 4. Os caracteres PROD (19,77 %) e P100G (16,33 %) foram os que apresentaram os maiores valores para o coeficiente de variação genético (CV_g). A relação entre o coeficiente de variação genética (CV_g) e o coeficiente de variação ambiental (CV_e) apresentou valores elevados para a maioria dos caracteres, acima de 1,0, exceto para LARGG (0,69), NVP (0,45) e PROD (0,63). As estimativas da herdabilidade oscilaram entre 37,38 % e 95,92 % para NVP e P100G, respectivamente. A herdabilidade para a maioria dos caracteres apresentou valores acima de 50 %, o que sugere a possibilidade de progresso genético com a seleção desses caracteres, inclusive para produção (PROD) com 54,52 %. Bertini et al. (2009), observaram valores de herdabilidade elevados para comprimento da vagem, peso de cem sementes e produção em feijão-caupi.

Lopes et al. (2001), avaliando 28 linhagens de feijão-caupi através de caracteres agronômicos, obtiveram valores de herdabilidade relativamente altos para os caracteres COMPV (75,66 %) e P100G (81,74 %), e intermediários para PROD (34,15 %). Embora a herdabilidade para o caráter PROD, ter apresentado um valor intermediário, os autores afirmam que isso não deixa de ser importante, pois tal caráter é muito influenciado por fatores ambientais.

As distâncias generalizadas de Mahalanobis, que medem o grau de dissimilaridade (D^2) entre os pares formados pelas linhagens, encontram-se na Tabela 5. Os pares formados pelas linhagens IT82D-889 e IT89KD-245 (221,35), IT85F -1380 e IT89KD-245 (206,04) e IT89KD-245 e IT98K-1092-1 com 200,51 apresentaram as maiores medidas de dissimilaridade. Percebe-se que as maiores distâncias estão relacionadas com a linhagem IT89KD-245 indicando-a, assim, como a mais divergente entre as linhagens estudadas.

As menores distâncias de dissimilaridade foram encontradas para as linhagens IT98K-128-4 e IT97K-1042-3 (1,21), IT97K-1069-6 e IT98K-506-1(1,39), IT97K-1069-6 IT97K-499-35 (1,41), IT97K-499-35 e IT00K-901-5-1 (1,65) e IT97K-499-35 e IT98K-506-1 (1,91),

com base nos caracteres agronômicos. Segundo Bertini et al. (2009), grupos similares evidenciam que o intercruzamento entre os mesmos, pode não ser muito indicado para a obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes.

A utilização do método hierárquico de otimização UPGMA, possibilitou a distribuição das linhagens em quatro grupos distintos (Tabela 6), os quais podem ser visualizados no dendrograma (Figura 1). O grupo I, foi constituído pelas linhagens CB – 27, Vaina Blanca e MNC 03 – 720C – 11, IT98K-503-1, IT99K-573-2-1, IT98K-491-4, IT96D-618, IT00K-1263-2, IT00K-1263-1, IT98K-1101-5, IT99K-529-2 e IT89KD-245. As linhagens IT98K-1092-1 e IT99K-1122 formaram o grupo II. Já o grupo III, foi composto pelas linhagens IT82D-889 e IT91K-118-2. O maioria das linhagens compuseram o quarto grupo, contendo 71 % dos genótipos estudados.

As características que apresentaram maior contribuição relativa para a divergência (Tabela 7) segundo o critério proposto por Singh (1981), foram: P100G (49,7 %), COMPV (16,7 %), COMPG (12,0 %) e NGV (9,7 %) que, juntos, representaram 88,1 % da variabilidade existente entre as linhagens avaliadas. Dias et al. (2009), avaliando a divergência genética entre vinte e oito linhagens de feijão-caupi do Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Ceará, por meio de oito caracteres agronômicos, identificaram o peso de 100 grãos entre os quatro caracteres mais importantes na contribuição relativa para a divergência genética. Oliveira et al. (2003), avaliando a influência de nove caracteres fenotípicos sobre a produção de grãos/planta através de correlação genotípica, identificaram o número médio de vagens por planta, seguido do peso de 100 grãos como os caracteres mais importantes na seleção para produtividade de grãos em feijão-caupi.

4.5.2 Caracteres qualitativos

As linhagens foram avaliadas com base em 26 caracteres qualitativos, sendo que alguns não foram capazes de diferenciar as linhagens estudadas, entre eles: cor da quilha (branca), tipo de inflorescência (simples) e cor do cotilédone (branca).

A cor do grão (CG) apresentou variação entre as linhagens estudadas. Foram observadas as seguintes cores de grão: Branca, marrom clara, marrom escura, marrom avermelhada, preta, vermelha escura e esverdeada. O acesso IT92KD-279-3 foi o único a apresentar o padrão de cor dos grãos esverdeada. O consumo de feijão-caupi na forma de feijão-verde é bastante apreciado na região Nordeste, apresentando um grande potencial para a expansão do consumo, como também para processamento industrial (Freire Filho et al., 2005).

As diferenças visuais exibidas pelos grãos são de extrema importância quando se trata da preferência dos consumidores, pois, a variação pode ser muito grande de uma região para outra, e desta forma, é necessário que o melhorista tenha à sua disposição genótipos com as mais diferentes características para que possa atender a todas as demandas. Segundo Langyintuo et al. (2003), os programas de melhoramento devem dar enfoque em desenvolver variedades de feijão-caupi que possam refletir a diversidade de preferências regionais quanto às características dos grãos.

As distâncias médias entre os onze grupos formados através das características qualitativas avaliadas encontram-se na Tabela 8. As maiores distâncias foram encontradas entre os grupos VI e X (0,73), IX e X (0,67), evidenciando a maior distância genética do grupo X em relação aos demais. Passos et al. (2007), sugerem que durante a escolha de genitores para a obtenção de genótipos superiores, além de serem selecionados os mais divergentes dentro dos grupos, que também sejam selecionados por possuírem as maiores médias em relação aos caracteres que se deseja melhorar, objetivando, desse modo, a máxima concentração de alelos favoráveis, conforme os objetivos da seleção.

As linhagens IT98K-491-4 e IT00K-898-5; IT99K-494-6 e IT98K-131-2; IT99K-718-6 e IT89KD-245; IT99K-494-6 e IT97K-568-14 e IT98K-128-3 e IT99K-718-6, possuem os maiores valores de concordância, entre os caracteres avaliados. Diante da caracterização, mostraram possuir as mesmas características, concordando algumas com 24 e outras com até 25 descritores do total de 26 analisados. Da mesma forma, foi possível identificar linhagens que mostraram diferenças para a maioria dos descritores utilizados, entre elas, IT93K-452-1 e IT91K-118-2; IT93K-452-1 e IT82D-889; IT96D-610 e IT98K-1101-5; IT97K-1042-3 e CB – 27; IT98K-205-8 e IT93K-93-10; IT99K-1122 e IT91K-118-2; IT98K-1092-1 e TVx 5058 - 09C e IT82D-889 e CB – 27, apresentaram discordância entre 19 e 20 dos caracteres avaliados.

Através do Método de Otimização de Tocher, foram formados onze grupos a partir da análise dos caracteres qualitativos (Tabela 9). As linhagens IT93K-452-1 e IT99K-1122 compuseram os grupos X e XI, respectivamente. A linhagem IT93K-452-1 diferenciou-se das demais através das características de pigmentação do pedúnculo da inflorescência, cor da vagem e cor do grão. A linhagem IT99K-1122 apresentou características relacionadas à cor da vagem, cor do hilo e forma do grão que a diferenciaram. O grupo IX foi formado pelas linhagens IT91K-118-2 e MNC 03 720C – 11, mostrando características similares para a maior parte dos caracteres avaliados.

4.6 Conclusões

1. A caracterização morfoagronômica mostrou-se eficiente em quantificar a divergência genética entre as linhagens estudadas;
2. As características de maior importância para a divergência genética são: Peso de 100 grãos (P100G), comprimento da vagem (COMPV) e comprimento do grão (COMPG);
3. Os cruzamentos entre as linhagens IT82D-889 e IT89KD-245; IT85F -1380 e IT89KD-245; IT89KD-245 e IT98K-1092-1, podem ser indicados aos programas de

melhoramento da cultura, pois poderão resultar em novas combinações gênicas, além de reunirem características agronômicas desejáveis. eficientes em estimar a variabilidade genética em linhagens africanas de feijão-caupi;

4.7 Referências Bibliográficas

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. Rio de Janeiro: USAID, 1971. 331P.

AREMU, C. O.; ADEBAYO, M. A.; ARIYO, O. J. and ADEWALE B. B. Classification of genetic diversity and choice of parents for hybridization in cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp for humid savanna ecology. **African Journal of Biotechnology**, vol. 6, n. 20, p. 2333-2339, 2007.

BERTINI, C. H. C. M. ; TEOFILO, E. M. ; DIAS, F. T. C. . Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, p. 99-105, 2009.

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. 105p. Dissertação de Mestrado - Universidade Federal Rural de Pernambuco, PE.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; MOREIRA, G. R.; SILVA, D. J. H.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MARCASSO, R. C.; CANIATO, F. F. Divergência genética de cultivares de milho baseada em descritores qualitativos. **Anais...III SIRGEALC**, p. 266-268. 2001.

CRUZ, C. D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese de Doutorado – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulação**. Editora UFV. Viçosa (MG). 175p. 2006.

EHLERS, J.D.e HALL, A.E. Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Field Crops Research**. Vol. 53, 187-204, 1997.

FAO (2004) FAO statistical databases. Disponível em: <http://faostat.fao.org/faostat/default.jsp>. Acessado em: 1 Janeiro de 2010.

FELEKE, Y.; PASQUET, R.S. and GEPTS, P. Development of PCR-based chloroplast DNA markers that characterize domesticated cowpea (*Vigna unguiculata* ssp. *unguiculata* var. *unguiculata*) and highlight its crop-weed complex. **Plant Systematics and Evolution**, vol. 262, p. 75–87, 2006.

FERREIRA, D.F. **Análises estatísticas por meio do Sisvar para Windows versão 4.0**. In...45^a Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade internacional de Biometria. UFSCar, São Carlos, SP, Julho de 2000. p.255-258.

FONSECA, J.R. **Emprego da análise multivariada na caracterização de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Tese de Doutorado. Universidade federal de Lavras – UFLA, Lavras, 1993. 123p.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARRETO, P. D.; SANTOS, C. A. F. **Melhoramento genético de caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] na região do Nordeste**. Disponível em: <<http://www.cpatsa.embrapa.br>>. Data de acesso em: 10 de jan. 2006.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, Q.; BARRETO, P. D.; SANTOIA, A. dos Melhoramento genético. FEIJÃO-CAUPI: **Avanços tecnológicos**. In: FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; LIMA, J. A. A. 2005. p. 29-92.

FREIRE FILHO, F.R.; ROCHA, M.M.; DAMASCENO-SILVA, K.J.; RIBEIRO, V.Q. e NOGUEIRA, M.S.R. FEIJÃO-CAUPI: MELHORAMENTO GENÉTICO, RESULTADOS E PERSPECTIVAS. **I SIMPÓSIO NORDESTINO DE GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS**. Fortaleza-CE. Pag. 25-59, 28 e 29 de maio de 2009.

GHALMI, N.; MALICE, M.; JACQUEMIN, J.M.; OUNANE, S.M.; MEKLCHE, L. and BAUDOIN, J.P. Morphological and molecular diversity within Algerian cowpea (*Vigna*

unguiculata (L.) Walp.) landraces. **Genetic Resources and Crop Evolution**. DOI 10.1007/s10722-009-9476-5. 2009.

GUPTA, S.K. and GOPALAKRISHNA, T. Genetic diversity in blackgram (*Vigna Mungo* (L.) Hepper) using AFLP and transferable microsatellite markers from azuki bean (*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi). **Genome**, vol. 52, p. 120-128, 2009.

HEGDE, V.S. and MISHRA, S.K. Landraces of cowpea, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., as potential sources of genes for unique characters in breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**. Vol. 56, p. 615–627, 2009.

INTERNATIONAL BOARD FOR PLANT GENETIC RESOURCES. **Cowpea descriptors**. Rome: IBPGR Secretariat, 1983. 30p.

LAL, H.; RAI, M.; KARAN, S.; VERMA, A. and RAM, D. Multivariate Hierarchical Clustering of Cowpea Germplasm (*Vigna unguiculata* (L.) Walp. **Acta Hort.** 752, ISHS, 2007.

LANGYINTUO, A. S.; LOWENBERG-DEBOER, J.; FAYE, M.; LAMBERT, D.; IBRO, G.; MOUSSA, B.; KERGA, A.; KUSHWAHA, S.; MUSA, S. and NTOUKAM, G. Cowpea supply and demand in West Africa. **Field Crops Research**, vol. 82, p. 215–231, 2003.

LOPES, A.C.A.; FREIRE FILHO, F.R.; SILVA, R.B.Q.; CAMPOS, F.F.L. e ROCHA, M.M. Variabilidade e correlações entre caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 36, n. 3, p. 515-520, mar. 2001.

LOPES, M.A. e MELLO, S.C.M. Estratégias para Melhoria, Manutenção e Dinamização do Uso dos Bancos de Germoplasma Relevantes para a Agricultura Brasileira. Disponível em: <http://www.cria.org.br/cgee/documentos/DinamizacaoAgronegocio.doc> Acessado em agosto de 2008.

MISHILI, F. J.; FULTON, J.; SHEHU, M.; KUSHWAHA, S.; MARFO, K.; JAMAL, M.; KERGA, A. and LOWENBERG-DEBOER, J. Consumer Preferences for Quality

Characteristics Along the Cowpea Value Chain in Nigeria, Ghana, and Mali. **Agribusiness**, vol. 25, n. 1, p. 16–35, 2009.

MOHAMMED, M.S.; RUSSOM, Z. and ABDUL, S.D. Inheritance of hairiness and pod shattering, heritability and correlation studies in crosses between cultivated cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) and its wild (var. *pubescens*) relative. **Euphytica**. Vol. 171, p. 397–407, 2010.

NKONGOLO, K.K. Genetic characterization of Malawian cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) landraces: diversity and gene flow among accessions. **Euphytica**, vol. 129, p. 219–228, 2003.

OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J; BASTOS, G. Q. and REIS, O. V. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, vol. 5, p. 605-611, 2003.

OLIVEIRA, J. O. de; ANUNCIÇÃO FILHO, C.J.; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. dos e TEÒFILO, E. M. Caracteres agronômicos aplicados na seleção de cultivares de caupi. **Revista Ciência Agronômica**, Vol. 34, N.1 – 2003.

PASSOS, A.R.; SILVA, S.A.; CRUZ, P.J.; ROCHA, M.M.; CRUZ, E.M.O.; ROCHA, M.A.C.; BAHIA, H.F. e SALDANHA, R.B. DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM FEIJÃO-CAUPI. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.4, p.579-586, 2007.

RAO, G. R.; KORWAR, G. R.; SHANKER, A. S. e RAMAKRISHNA, Y. S. Genetic associations, variability and diversity in seed characters, growth, reproductive phenology and yield in *Jatropha curcas* (L.) accessions. **Trees**. Vol. 22, p. 697–709, 2008.

RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometrics research**. New York: John Willey, 1952. 390p.

RIBEIRO, F. E. **Divergência genética entre populações de coqueiro gigante (*Cocos nucifera* L.) do Brasil**. Dissertação de Mestrado. 1993. 84p. Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras - MG.

COSTA, E.M.R. Divergência genética entre linhagens africanas de feijão – caupi...

ROCHA, M. de M.; FREIRE-FILHO, F.R.; RAMOS, S.S.R.; RIBEIRO, V.Q.; ANDRADE, F.N. e GOMES, R.L.F. Avaliação agronômica de genótipos de feijão-caupi para produção de grãos verdes. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, n 67, Outubro, 2006.

SHARAWY, W.M. and EL-FIKY, Z.A. Characterization of cowpea (*Vigna unguiculata* L.) genotypes based on yield traits and RAPD-PCR analyses. Arab J. **Biotech.** Vol. 6, No.1, p. 67-78, 2003.

SIMON, M. V., BENKO-ISEPPON, A. M., RESENDE, L. V., WINTER, P. and KAHL, G. Genetic diversity and phylogenetic relationships in *Vigna Savi* germplasm revealed by DNA amplification fingerprinting. **Genome**, vol. 50, p.538–547, 2007.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**. V. 41, n.1, p. 237-245, 1981.

SINGH, S. P. Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. **Crop Science**, Madison, v.41, n.6, p.1659-1675, 2001.

SOUZA, F. F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; COSTA, E. F. M.; MARLI LUSTOSA NOGUEIRA, M. L. e SÁUMA JÚNIOR, A. S. Genótipos de feijão-caupi para cultivo nas várzeas do Rio Madeira, em Rondônia. **Comunicado Técnico**, n. 308. Embrapa Rondônia, Porto Velho, ISSN 0103-9458, 2006.

TORRES, S.B.; OLIVEIRA, F.N.; OLIVEIRA, R.C. e FERNANDES, J.B. Produtividade e morfologia de acessos de caupi, em Mossoró, RN. **Horticultura Brasileira**. Vol.26 no. 4, 2008.

UNIFEIJÃO. **A produção de feijão no Brasil**. Disponível em: http://www.unifeijao.com.br/feijao_do_brasil/feijao_dobrasil.thm. Acesso em: 24 agosto de 2006.

VURAL, H. and KARASU, A. Variability studies in cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.) varieties grown in Isparta, Turkey. **UDO Agrícola**, vol. 7, n. 1, p. 29-34, 2007.

COSTA, E.M.R. Divergência genética entre linhagens africanas de feijão – caupi...

WETZEL, M.M.V.S.; FREIRE, M.S.; FAIAD, M.G.; FREIRE, A. de B. Recursos genéticos: Coleção Ativa e de Base. In: Freire-Filho, F.R; Lima, J. A. de A. (Ed.) Feijão-caupi: **Avanços tecnológicos**. 1 ed. Brasília, DF: Embrapa, Informação Tecnológicas, p. 159-190, 2005.

Tabela 1. Linhagens de feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. Teresina-PI, 2009.

Número das Linhagens	Código das Linhagens	Origem ⁽¹⁾	Número das Linhagens	Código das Linhagens	Origem
1	IT93K-452-1	IITA	30	IT98K-1092-2	IITA
2	IT96D-610	IITA	31	IT98K-1103-13	IITA
3	IT97K-568-18	IITA	32	IT98D-1399	IITA
4	IT97K-1042-3	IITA	33	IT99K-718-6	IITA
5	IT98K-205-8	IITA	34	IT00K-901-5-2	IITA
6	IT98K-491-4	IITA	35	IT00K-1207	IITA
7	IT98K-506-1	IITA	36	IT00K-1217	IITA
8	IT98K-589-2	IITA	37	IT00K-1263-2	IITA
9	IT98K-1111-1	IITA	38	IT03K-316-1	IITA
10	IT99K-316-2	IITA	39	IT84S-2135	IITA
11	IT99K-491-7	IITA	40	IT89KD-245	IITA
12	IT99K-494-6	IITA	41	IT87D-697-2	IITA
13	IT99K-529-2	IITA	42	IT85F-1380	IITA
14	IT99K-573-2-1	IITA	43	IT85F-2687	IITA
15	IT99K-1060	IITA	44	IT89KD-349	IITA
16	IT99K-1122	IITA	45	IT96D-618	IITA
17	IT00K-898-5	IITA	46	IT97K-568-14	IITA
18	IT00K-901-5-1	IITA	47	IT98K-1101-5	IITA
19	IT00K-1263-1	IITA	48	IT93K-93-10	IITA
20	IT93K-625	IITA	49	IT92KD-279-3	IITA
21	IT97K-499-35	IITA	50	IT87D-1627	IITA
22	IT97K-1069-6	IITA	51	IT87D-611-3	IITA
23	IT98K-128-3	IITA	52	IT91K-118-2	IITA
24	IT98K-128-4	IITA	53	IT82D-889	IITA
25	IT98K-131-2	IITA	54	CB – 27	Califórnia
26	IT98K-205-9	IITA	55	Vaina Blanca	Peru
27	IT98K-205-15	IITA	56	TVx 5058 - 09C	África
28	IT98K-503-1	IITA	57	MNC 03 720C – 11	CPAMN
29	IT98K-1092-1	IITA	-	-	-

⁽¹⁾IITA (Instituto Internacional de Agricultura Tropical), CPAMN (Centro de Pesquisa Agropecuária Meio-Norte – Embrapa Meio-Norte).

Tabela 2. Resumo da análise de variância dos sete caracteres quantitativos avaliados entre as 57 linhagens de feijão-caupi, em experimento conduzido em Teresina-PI, 2009.

Caracteres	Quadrados Médios		Média	CV(%)
	Linhagens	Erro		
Comprimento da vagem	9,61**	1,45	16,36	7,35
Número de grãos por vagem	6,62**	1,44	11,91	10,08
Comprimento do grão	2,00**	0,32	8,36	6,78
Largura do grão	0,90**	0,37	5,60	10,90
Número de vagens por pedúnculo	0,34*	0,21	2,02	22,72
Peso de cem grãos	25,67**	1,05	17,54	5,83
Produção	11930,53**	5425,90	235,51	31,28

** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 3. Valores médios e resultados da aplicação do teste de Scott-Knott para os caracteres avaliados⁽¹⁾ entre as 57 linhagens de Feijão-Caupi do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. Teresina-PI, 2009.

Número das linhagens	Linhagens	NVP	COMPV	NGV	COMPG	LARGG	P100G	PROD
1	IT93K-452-1	2,30a	15,20b	11,77b	8,33b	5,95a	18,70c	187,70b
2	IT96D-610	2,00a	14,73c	11,13b	7,87b	4,51b	16,07d	365,50a
3	IT97K-568-18	2,50a	15,30b	11,10b	7,41c	5,38a	16,17d	183,67b
4	IT97K-1042-3	2,20a	18,40a	12,23a	7,69b	5,52b	14,20e	194,47b
5	IT98K-205-8	2,50a	15,13b	12,73a	8,36b	5,59a	15,87d	251,60a
6	IT98K-491-4	1,70a	15,30b	10,23b	9,07a	5,88a	21,33c	248,93a
7	IT98K-506-1	1,70a	17,57a	12,87a	8,19b	5,77a	18,80c	266,47a
8	IT98K-589-2	1,80a	14,60c	10,63b	7,87b	5,81a	16,13d	175,40b
9	IT98K-1111-1	2,00a	15,00b	11,25b	7,21c	6,28a	18,55c	157,70b
10	IT99K-316-2	2,30a	15,63b	11,53b	8,90a	5,29b	16,30d	252,97a
11	IT99K-491-7	2,00a	14,43c	11,40b	8,02b	5,12b	13,27e	290,53a
12	IT99K-494-6	1,70a	13,43c	10,57b	7,58b	4,91b	14,30e	150,30b
13	IT99K-529-2	1,80a	18,63a	12,27a	9,70a	6,35a	24,87 ^a	218,63b
14	IT99K-573-2-1	2,20a	18,03a	11,40b	8,77a	5,93a	20,70b	172,13b
15	IT99K-1060	3,00a	14,83c	11,83a	9,29a	5,44b	15,60d	181,27b
16	IT99K-1122	1,80a	13,47c	14,63a	6,75c	5,47b	14,00e	305,90a
17	IT00K-898-5	2,30a	14,15c	10,15b	9,12a	5,43b	17,65d	244,35a
18	IT00K-901-5-1	2,00a	16,97a	13,80a	8,60a	5,55a	18,33c	253,47a
19	IT00K-1263-1	1,70a	17,83a	10,90b	9,44a	6,24a	19,93b	350,13a
20	IT93K-625	2,00a	15,80b	12,93a	7,25b	4,56b	15,80d	270,20a
21	IT97K-499-35	1,80a	17,33a	13,63a	8,02b	5,42b	18,07c	225,80b
22	IT97K-1069-6	1,80a	17,40a	12,60a	8,05b	5,12b	18,17c	270,80a
23	IT98K-128-3	1,70a	17,67a	13,67a	8,81a	4,33b	16,83d	285,03a
24	IT98K-128-4	2,20a	17,80a	12,53a	7,86b	5,15b	13,93e	163,67b
25	IT98K-131-2	2,20a	17,27a	13,27a	8,64a	6,01a	16,73d	174,50b
26	IT98K-205-9	2,20a	16,07b	11,37b	8,74a	5,70a	18,43c	205,87b
27	IT98K-205-15	1,50a	16,33b	13,57a	7,93b	6,16a	15,37d	196,0b
28	IT98K-503-1	2,20a	13,33c	9,50c	9,21a	5,99a	20,13b	358,80a
29	IT98K-1092-1	2,30a	11,80c	13,70a	6,29c	5,69a	13,50e	157,13b
30	IT98K-1092-2	2,50a	15,07b	10,90b	8,06b	5,06a	16,53d	226,50b
31	IT98K-1103-13	1,80a	16,57b	13,93a	7,49c	5,49b	18,07c	231,87b
32	IT98D-1399	1,80a	16,15b	12,65a	9,14a	5,85a	19,35c	194,75b
33	IT99K-718-6	2,00a	17,13a	12,50a	8,70a	5,24b	18,43c	212,07b
34	IT00K-901-5-2	2,70 ^a	16,63b	12,73a	8,95a	6,02a	18,20c	275,53a
35	IT00K-1207	1,80 ^a	14,80c	12,70a	6,53c	6,21a	15,13d	201,13b
36	IT00K-1217	2,00a	15,13b	11,93a	8,49a	5,66a	15,07d	146,40b
37	IT00K-1263-2	1,70 ^a	19,77a	11,33b	9,42a	6,18a	20,23b	305,10a
38	IT03K-316-1	2,50 ^a	16,20b	13,30a	8,68a	6,02a	19,95b	121,35b
39	IT84S-2135	2,30 ^a	17,85a	13,30a	9,01a	5,89a	18,40c	102,70b
40	IT89KD-245	1,80 ^a	15,53b	10,63b	9,00a	6,89a	25,93a	315,37a
41	IT87D-697-2	1,50 ^a	14,23c	11,70b	7,74b	6,47a	17,47d	388,07a
42	IT85F-1380	1,80 ^a	18,70a	14,40a	7,21c	5,43b	12,43e	301,30a
43	IT85F-2687	2,00a	15,73b	11,00b	8,29b	5,23b	17,30d	212,97b
44	IT89KD-349	1,70 ^a	16,30b	11,97b	9,38a	4,98b	18,13c	204,23b
45	IT96D-618	2,20 ^a	16,10b	10,40b	9,35a	5,98a	19,73b	310,30a
46	IT97K-568-14	2,00a	18,03a	14,77a	8,17b	5,77a	18,27c	290,77a
47	IT98K-1101-5	1,30 ^a	16,77a	7,63c	9,83a	5,89a	22,43a	227,07b
48	IT93K-93-10	1,50 ^a	18,83a	12,60a	8,21b	5,96a	15,50d	358,40a
49	IT92KD-279-3	2,20 ^a	16,20b	12,00a	7,29c	4,26b	13,43e	254,40a
50	IT87D-1627	2,20 ^a	17,83a	12,47a	8,15b	5,00b	15,43d	253,03a
51	IT87D-611-3	2,20 ^a	17,97a	11,70b	7,71b	6,03a	14,57e	203,57b
52	IT91K-118-2	2,00a	20,60a	11,97a	9,14a	6,22a	16,23d	207,17b
53	IT82D-889	1,80 ^a	20,92a	12,87a	8,37b	4,51b	13,13e	189,43b
54	CB - 27	2,00a	16,45b	10,37b	9,14a	5,70a	20,33b	263,50b
55	VAINA BLANCA	2,00a	16,40b	9,00c	9,50a	5,90a	21,45b	210,15b
56	TVX 5058 - 09C	2,90 ^a	15,40b	10,35b	7,79b	5,40b	16,92d	237,53b
57	MNC 03 720C - 11	2,00a	15,83b	8,43c	9,01a	5,80a	23,95a	220,70b
Média		2,02	16,36	11,91	8,36	5,60	17,54	235,51

⁽¹⁾Comprimento de vagem (COMPV) em cm, número de grãos por vagem (NGV), comprimento do grão (COMPG) e largura do grão (LARGG) em mm, número de vagens por pedúnculo (NVP), peso de cem grãos (P100G) e produção (PROD) em gramas.

Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott & Knott a 5 %.

Tabela 4. Estimativas do coeficiente de variação genética (CV_g), herdabilidade (h^2_a) e a razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e) correspondentes aos sete caracteres quantitativos, obtidos a partir das esperanças dos quadrados médios da análise de variância. Teresina-PI, 2009.

CARÁTER ⁽¹⁾	CV_g (%)	CV_g/CV_e	h^2_a (%)
COMPV	10,08	1,37	84,95
NGV	11,03	1,09	78,23
COMPG	8,95	1,32	83,96
LARGG	7,48	0,69	58,58
NVP	10,14	0,45	37,38
P100G	16,33	2,80	95,92
PROD	19,77	0,63	54,52

⁽¹⁾Comprimento de vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento do grão (COMPG), largura do grão (LARGG), número de vagens por pedúnculo (NVP), peso de cem grãos (P100G) e produção (PROD).

Tabela 5. Matriz de dissimilaridade entre as 57 linhagens de feijão-caupi gerada a partir dos caracteres quantitativos. Teresina-PI, 2009.

Linhagens ⁽¹⁾	Dissimilaridades Genéticas																			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	0	15,40	9,54	33,17	8,57	13,12	8,20	9,42	5,31	8,08	29,24	25,71	51,36	12,25	15,82	45,41	5,34	7,07	20,18	17,46
2	-	0	12,18	31,15	9,34	32,46	16,18	12,66	19,51	9,82	13,02	16,05	91,30	37,82	23,84	26,32	12,29	14,61	34,63	5,31
3	-	-	0	14,56	6,76	38,84	19,32	3,02	8,03	8,51	12,48	9,09	97,06	30,06	13,74	33,48	12,86	19,25	41,42	9,87
4	-	-	-	0	19,76	69,89	30,67	15,55	33,00	17,75	15,88	20,32	125,86	44,85	23,82	52,60	34,60	32,51	51,61	23,19
5	-	-	-	-	0	36,71	16,29	6,99	15,49	3,34	8,99	13,71	91,45	32,94	6,70	24,69	9,00	10,50	35,34	9,38
6	-	-	-	-	-	0	14,15	34,45	22,78	27,74	66,15	60,58	20,09	9,38	45,74	88,31	15,71	17,88	9,85	43,98
7	-	-	-	-	-	-	0	17,44	13,14	13,31	35,27	35,26	42,01	10,39	31,37	49,37	15,71	2,68	11,92	15,66
8	-	-	-	-	-	-	-	0	7,86	7,49	10,11	6,18	94,50	30,26	14,56	32,53	10,33	18,24	36,15	12,27
9	-	-	-	-	-	-	-	-	0	18,36	31,19	22,01	68,65	21,23	29,54	39,89	15,93	16,66	33,21	17,35
10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	12,38	16,98	76,68	22,61	5,26	42,40	4,03	9,74	23,07	13,91
11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	6,24	142,90	62,04	16,81	22,14	22,94	31,08	59,15	13,28
12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	137,43	57,65	22,28	24,51	23,45	33,11	65,45	12,31
13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	22,51	99,86	166,43	62,74	47,80	26,74	100,83
14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	36,72	94,81	19,11	15,13	9,17	41,04
15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	51,22	10,11	22,69	42,16	26,92
16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	52,94	41,74	95,38	17,32
17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	13,14	19,33	22,06
18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	17,35	13,43
19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	46,85
20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0

“... continua...”

Tabela 5. Cont.”

Linhagens	Dissimilaridades Genéticas																	
	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38
1	8,24	8,71	22,50	32,82	9,72	2,21	19,15	15,69	55,05	6,20	9,71	5,83	6,21	4,83	24,98	15,59	30,43	4,22
2	13,73	10,68	15,13	29,03	21,11	15,34	19,69	27,15	44,42	7,13	13,04	21,91	15,47	18,21	21,80	18,40	49,48	29,70
3	15,17	15,13	27,60	14,04	11,37	11,28	13,55	38,59	34,99	2,25	15,54	24,02	15,90	16,39	11,17	7,68	50,68	21,73
4	25,88	26,46	29,86	1,21	12,29	26,89	13,06	77,77	60,44	18,96	32,84	41,26	26,91	31,04	23,97	10,98	51,04	45,30
5	11,64	13,66	17,99	17,33	6,72	9,86	9,01	31,68	34,27	4,33	12,74	16,28	12,54	8,26	15,36	5,45	47,90	17,67
6	21,91	17,67	34,11	71,49	33,10	11,72	49,79	8,20	110,98	28,53	26,40	9,10	14,63	17,73	63,84	47,49	19,25	14,22
7	1,91	1,39	10,48	31,90	10,21	5,99	16,75	25,70	73,63	15,06	5,25	4,78	2,99	8,85	30,69	23,10	16,77	10,56
8	14,90	15,39	26,28	14,94	9,72	10,02	8,54	34,93	36,41	4,38	16,05	19,69	15,31	17,10	10,34	4,29	46,71	22,71
9	12,90	13,91	34,79	34,34	17,16	10,46	18,87	27,38	44,30	10,51	10,55	16,80	15,70	17,27	14,41	19,66	43,64	13,71
10	11,46	10,49	13,52	16,12	5,29	4,80	13,32	26,42	55,32	3,27	16,93	11,93	7,28	5,87	26,42	6,06	32,22	16,66
11	28,60	29,25	28,97	12,93	19,48	28,18	11,60	57,15	29,63	12,65	29,47	40,23	31,37	30,39	14,69	7,17	73,23	48,22
12	27,38	28,88	32,99	15,88	22,33	26,99	13,22	58,61	24,28	11,82	26,28	38,22	30,48	36,79	11,23	7,31	78,74	42,97
13	54,77	50,66	69,21	130,03	72,38	46,75	104,39	43,89	201,65	82,57	64,37	34,91	44,11	49,65	133,23	107,54	26,21	37,18
14	16,01	13,05	28,55	47,93	19,47	7,65	40,84	25,97	113,52	24,06	24,49	9,42	8,35	12,88	58,98	37,88	8,76	9,71
15	26,43	27,73	29,41	20,36	10,91	14,07	22,41	39,35	54,32	9,18	32,58	24,21	19,85	12,39	35,04	7,94	52,58	23,32
16	38,02	44,97	47,31	47,07	44,61	55,27	23,06	77,41	9,44	37,09	27,28	57,81	54,25	53,55	13,08	33,43	117,39	61,19
17	16,71	14,16	22,51	33,23	13,64	3,85	24,62	12,07	64,24	5,41	21,23	10,06	9,70	7,04	34,90	14,24	32,06	14,16
18	1,65	3,06	7,16	31,00	7,87	6,03	15,23	25,70	64,52	13,31	4,60	3,22	2,50	5,65	30,99	19,20	24,55	7,33
19	21,73	16,31	27,65	56,45	24,93	12,41	42,91	18,77	126,54	30,91	31,65	12,21	13,56	13,81	67,02	43,49	3,68	22,90
20	9,03	9,87	13,13	19,86	16,93	19,08	11,74	46,07	31,79	9,46	6,73	24,10	15,60	22,70	12,57	15,06	57,75	27,89

“...continua...”

“Tabela 5. Cont.”

Linhagens	Dissimilaridades Genéticas																		
	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57
1	10,58	62,31	15,79	54,69	4,51	10,93	10,09	12,31	43,07	28,55	33,68	18,28	29,34	43,28	71,26	10,38	21,22	8,11	39,21
2	32,42	99,84	12,73	36,62	8,41	17,63	25,38	18,29	70,19	22,48	14,66	14,11	31,23	56,66	61,62	27,46	47,55	13,46	70,64
3	20,08	112,80	22,86	30,94	5,51	22,64	29,18	23,46	71,94	23,70	11,69	9,96	12,72	39,98	48,75	30,14	44,99	3,21	72,81
4	23,94	166,81	47,57	10,38	18,89	32,81	49,88	33,11	93,28	11,61	10,61	5,65	1,20	16,04	12,87	51,41	68,29	21,93	113,81
5	16,79	108,74	16,58	28,33	7,02	15,68	24,35	14,46	76,82	19,70	14,96	9,38	18,49	40,64	51,84	28,68	47,71	9,23	79,57
6	25,65	25,28	27,91	100,31	19,38	15,95	5,42	25,02	14,58	47,65	72,24	43,80	64,33	61,36	106,26	2,90	6,35	30,90	11,11
7	10,81	62,09	16,46	44,01	7,43	7,84	12,29	3,19	39,80	15,07	33,89	14,10	29,47	33,67	56,18	10,39	24,08	20,21	42,54
8	19,28	109,67	17,46	30,91	4,63	18,47	26,48	23,61	64,90	19,69	14,64	11,12	12,59	37,21	49,04	27,92	41,97	8,06	71,94
9	21,29	73,25	14,79	52,42	9,10	24,15	23,17	19,70	55,68	32,16	32,94	23,88	28,05	52,98	77,47	21,84	33,72	10,98	49,19
10	11,49	99,78	21,75	33,59	3,26	7,90	14,91	15,79	54,83	15,81	17,28	6,22	16,66	27,92	42,31	18,04	32,03	7,79	63,92
11	38,61	162,65	26,88	16,89	17,37	32,03	48,76	35,34	106,78	20,99	6,14	12,74	15,96	48,02	42,22	54,60	77,57	19,92	119,99
12	36,99	154,67	30,55	28,06	15,02	31,18	52,19	39,68	99,95	32,10	8,50	17,78	20,62	57,31	50,35	53,41	72,76	19,72	108,43
13	50,29	16,28	81,31	165,93	65,05	48,00	31,03	52,17	21,79	91,77	142,99	91,69	120,61	90,32	154,63	24,11	20,83	83,24	15,02
14	9,98	46,73	40,53	78,29	15,09	13,64	8,09	19,65	17,50	34,31	59,46	28,19	41,47	31,67	70,04	4,14	6,45	23,65	19,96
15	17,40	125,93	38,81	43,33	13,58	19,98	27,89	31,39	76,50	32,36	25,01	15,62	22,33	36,57	51,12	33,38	46,79	12,34	84,91
16	67,82	168,64	26,55	35,04	43,00	59,82	81,90	40,15	159,46	50,57	27,67	42,86	53,47	106,02	95,61	86,79	121,45	48,52	152,58
17	16,65	74,66	19,60	57,86	4,85	9,13	8,12	22,20	39,69	28,91	31,97	18,24	30,88	42,04	67,76	10,80	20,32	8,55	43,60
18	8,91	69,48	18,01	43,14	7,97	5,68	14,26	1,72	50,74	19,15	31,73	13,67	32,52	38,60	58,05	13,86	30,09	20,33	51,46
19	21,17	46,21	31,23	77,23	20,25	15,11	4,05	20,97	15,98	25,61	65,22	31,39	46,62	32,03	74,78	4,53	9,50	32,49	26,76
20	27,88	117,74	19,11	24,09	10,33	20,63	38,55	14,28	88,40	21,87	8,44	10,81	25,72	55,03	50,56	38,12	61,44	17,34	87,20

“... continua...”

“Tabela 5. Cont.”

Linhagens	Dissimilaridades Genéticas																	
	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57
21	78,00	18,70	35,57	6,62	7,79	19,54	2,19	54,51	16,28	25,07	10,54	26,65	36,52	50,16	17,39	34,15	19,05	55,64
22	72,34	18,53	38,94	4,99	6,70	14,72	4,27	44,65	14,88	24,95	9,81	26,96	34,51	49,30	12,45	27,34	16,30	46,96
23	103,39	32,93	34,91	13,18	6,61	27,87	9,23	63,79	17,49	23,94	10,72	34,59	37,55	39,35	26,20	45,32	31,25	73,70
24	172,48	49,23	10,08	18,14	29,95	52,62	32,93	98,80	15,02	7,43	5,18	3,89	20,86	12,74	53,77	72,01	22,89	118,43
25	104,36	27,04	26,50	6,75	10,01	21,31	10,62	60,56	11,99	21,25	5,56	11,62	18,61	33,85	22,68	37,10	14,76	71,43
26	66,03	20,39	50,17	2,35	5,19	6,09	11,73	33,06	20,75	31,24	12,52	24,11	29,39	55,73	6,04	15,10	8,75	36,88
27	130,60	20,76	14,55	13,22	21,19	39,87	15,66	88,69	11,90	14,86	9,77	12,83	34,07	38,07	41,85	63,14	24,42	100,56
28	35,38	20,60	104,20	24,04	26,32	7,76	34,32	31,84	54,64	72,24	50,31	69,75	77,91	125,04	11,06	17,84	27,28	24,73
29	200,51	46,31	50,68	55,21	81,64	103,99	66,24	185,64	76,39	35,93	58,62	59,70	125,02	113,11	108,94	140,97	52,00	174,30
30	98,29	20,10	36,57	2,27	13,78	19,02	19,17	58,98	22,36	13,93	8,62	17,50	38,48	50,42	20,51	34,38	2,27	60,66
31	79,38	14,53	38,28	10,41	15,22	26,87	4,08	67,81	23,28	26,30	16,76	33,19	52,61	64,52	24,79	44,51	21,36	62,44
32	55,02	21,97	60,71	8,83	3,69	8,69	8,25	33,95	26,90	44,56	21,25	39,34	39,56	68,69	7,44	17,90	23,16	36,50
33	70,31	24,60	45,30	4,04	2,39	10,54	6,35	37,59	18,28	29,43	10,25	27,05	28,89	48,13	8,59	20,25	15,49	42,17
34	68,42	20,54	49,76	8,21	10,11	7,30	9,38	44,99	21,48	36,19	15,02	27,88	31,99	61,70	10,38	22,57	11,62	46,53
35	141,76	19,56	23,86	21,98	43,82	56,67	30,39	113,86	29,70	16,95	23,59	21,65	64,01	65,55	58,89	82,62	23,43	113,20
36	135,08	28,67	22,82	8,71	17,66	34,38	24,98	80,12	18,80	12,11	8,15	10,41	30,73	35,72	37,17	53,61	14,53	93,24
37	58,14	49,96	80,35	27,87	20,52	12,35	26,79	16,70	27,78	73,05	34,06	47,57	23,48	64,72	10,39	12,83	42,10	32,35
38	55,26	29,92	69,57	12,71	12,18	14,17	12,19	43,77	39,78	49,84	27,03	42,79	47,84	79,95	12,33	21,74	19,91	37,04
39	86,74	40,03	47,29	10,39	8,02	18,27	13,23	45,47	23,32	37,23	13,51	23,64	20,28	42,72	16,52	25,60	20,84	54,11

“... continua...”

“Tabela 5. Cont.”

Linhagens	Dissimilaridades Genéticas																
	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57
40	75,38	206,04	84,55	76,59	43,06	74,58	38,12	124,39	171,77	126,38	156,01	143,54	221,35	38,61	36,18	95,67	15,51
41	0	50,76	18,37	29,32	24,94	18,78	69,75	27,16	38,80	31,21	41,73	68,50	93,73	29,23	48,99	24,78	66,77
42	-	0	37,49	51,54	78,29	38,64	141,07	15,73	11,87	15,60	14,19	39,36	21,38	82,10	110,78	44,80	161,93
43	-	-	0	6,56	13,16	13,33	44,06	16,69	17,90	7,16	17,62	30,67	45,82	12,77	24,79	6,24	49,40
44	-	-	-	0	12,19	12,30	36,44	22,23	33,32	13,92	33,60	32,12	49,88	10,59	21,53	22,45	46,15
45	-	-	-	-	0	20,73	18,37	31,36	56,77	28,88	44,32	39,55	81,46	1,44	6,46	19,35	21,86
46	-	-	-	-	-	0	60,93	17,20	33,71	15,38	33,45	40,22	58,22	20,34	39,32	25,81	60,66
47	-	-	-	-	-	-	0	69,36	110,89	69,60	86,25	61,49	117,60	13,41	4,88	57,86	10,00
48	-	-	-	-	-	-	-	0	21,31	7,18	11,18	16,08	25,16	34,07	52,24	27,70	90,44
49	-	-	-	-	-	-	-	-	0	8,45	14,38	45,34	28,64	58,25	81,73	20,89	121,80
50	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	7,56	18,32	19,90	29,76	46,85	13,71	83,55
51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	15,33	19,73	46,96	62,06	18,54	105,97
52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	17,95	40,56	47,68	39,58	92,71
53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	80,58	97,52	57,94	153,79
54	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	3,62	21,46	15,70
55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	32,71	8,91
56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	56,86
57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0

⁽¹⁾ O Código das linhagens referente aos números representados nesta tabela, podem ser consultados na tabela 1.

Tabela 6. Agrupamento das 57 linhagens de feijão-caupi por meio do método hierárquico UPGMA, em função da Distância Generalizada de Mahalanobis. Teresina-PI, 2009.

Grupos	Linhagens
I	IT98K-503-1; IT99K-573-2-1; IT98K-491-4; CB – 27; IT96D-618; IT00K-1263-2; IT00K-1263-1; MNC 03 720C – 11; VAINA BLANCA; IT98K-1101-5; IT89KD-245; IT99K-529-2
II	IT98K-1092-1; IT99K-1122
III	IT82D-889; IT91K-118-2
IV	IT93K-452-1; IT96D-610; IT97K 568-18; IT97K-1042-3; IT98K-205-8; IT98K-506-1; IT98K-589-2; IT98K-1111-1; IT99K-316-2; IT99K-491-7; IT99K-494-6; IT99K-1060; IT00K-898-5; IT00K-901-5-1; IT93K-625; IT97K-499-35; IT97K-1069-6; IT98K-128-3; IT98K-128-4; IT98K-131-2; IT98K-205-9; IT98K-205-15; IT98K-1092-2; IT98K-1103-13; IT98D-1399; IT99K-718-6; IT00K-901-5-2; IT00K-1207; IT00K-1217; IT03K-316-1; IT84S-2135; IT87D-697-2; IT85F - 1380; IT85F-2687; IT89KD-349; IT97K-568-14; IT93K-93-10; IT92KD-279-3; IT87D-1627; IT87D-611-3; TVX 5058 - 09C

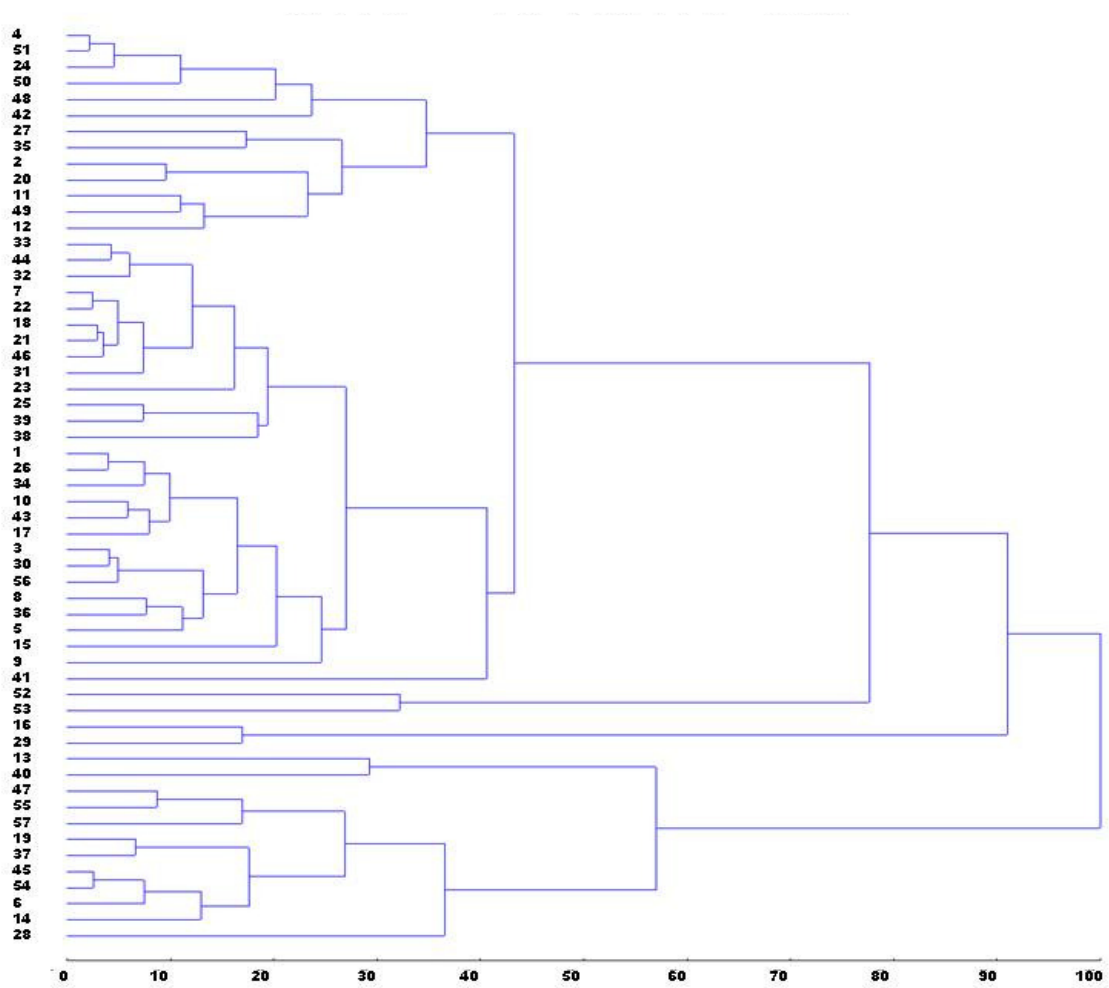


Figura 1. Dendrograma resultante da análise de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA obtido com base na distância de Mahalanobis entre as linhagens de feijão-caupi. Teresina-PI, 2009.

⁽¹⁾ O Código das linhagens referente aos números representados nesta tabela, podem ser consultados na tabela 1.

Tabela 6. Contribuição relativa dos caracteres para divergência proposto por SINGH (1981).
Teresina-PI, 2009.

Caráter	Valor em %
Comprimento de vagem	16,69
Número de grãos por vagem	9,70
Comprimento do grão	11,98
Largura do grão	3,38
Número de vagens por pedúnculo	3,44
Peso de cem grãos	49,68
Produção	5,09

Tabela 8. Grupos formados pelas linhagens de Feijão-Caupi estabelecidos pelo método de Tocher, com base na matriz de dissimilaridades com variáveis multicatóricas. Teresina-PI, 2009.

Grupos	Linhagens
I	IT99K-494-6; IT97K-568-14; IT98K-131-2; IT99K-1060; IT87D-697-2; IT97K-568-18; IT96D-610
II	IT98K-128-3; IT99K-718-6; IT89KD-245; IT98D-1399; IT89KD-349; IT98K-589-2; IT98K-1103-13; IT97K-499-35; IT96D-618; IT98K-205-9; IT03K-316-1; IT98K-503-1; IT98K-1111-1; TVX 5058 - 09C; IT98K-491-4
III	IT00K-898-5; IT00K-901-5-1; IT00K-1207; IT00K-901-5-2; IT93K-625; IT98K-205-15; IT99K-573-2-1; IT98K-128-4; IT98K-506-1; IT84S-2135; IT00K-1217; IT99K-491-7; IT98K-205-8; IT99K-316-2; IT85F-2687
IV	IT00K-1263-1; IT00K-1263-2; IT85F -1380; IT99K-529-2; IT97K-1069-6; IT92KD-279-3; IT97K-1042-3
V	IT98K-1092-2; IT87D-1627; IT87D-611-3
VI	IT93K-93-10; IT82D-889
VII	IT98K-1092-1; IT98K-1101-5
VIII	CB – 27; VAINA BLANCA
IX	IT91K-118-2; MNC 03 720C – 11
X	IT93K-452-1
XI	IT99K-1122

Tabela 9. Distâncias médias entre os onze grupos formados através das características qualitativas avaliadas através do Método de Otimização de Tocher. Teresina-PI, 2009.

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI
I	0	0,37	0,40	0,44	0,41	0,53	0,60	0,41	0,48	0,49	0,50
II	-	0	0,40	0,49	0,43	0,61	0,60	0,40	0,49	0,32	0,57
III	-	-	0	0,48	0,34	0,60	0,52	0,47	0,40	0,46	0,53
IV	-	-	-	0	0,38	0,33	0,41	0,60	0,53	0,61	0,34
V	-	-	-	-	0	0,52	0,50	0,57	0,41	0,63	0,45
VI	-	-	-	-	-	0	0,40	0,71	0,49	0,73	0,46
VII	-	-	-	-	-	-	0	0,62	0,59	0,61	0,36
VIII	-	-	-	-	-	-	-	0	0,52	0,36	0,65
IX	-	-	-	-	-	-	-	-	0	0,67	0,67
X	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	0,65
XI	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0

CAPÍTULO III

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS AFRICANAS DE FEIJÃO-CAUPI ATRAVÉS DE MARCADORES SSR

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS AFRICANAS DE FEIJÃO- CAUPI ATRAVÉS DE MARCADORES SSR¹

Eva Maria Rodrigues Costa⁽²⁾, Clodoaldo José da Anunciação Filho⁽³⁾, Luciane Vilela Resende⁽⁴⁾, Kaesel Jackson Damasceno-Silva⁽⁵⁾, Marcela Carvalho Andrade⁽⁶⁾.

¹Trabalho extraído da dissertação apresentada à Universidade federal Rural de Pernambuco pelo primeiro autor.

²Aluna do curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia “Melhoramento Genético em Plantas” (PPGAMGP) da UFRPE, , Rua Dom Manoel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, Recife, PE, CEP: 52171-900, Recife. E-mail: evamrc_9@hotmail.com;

³Professor associado, Universidade federal Rural de Pernambuco, Departamento de Agronomia da UFRPE, Rua Dom Manoel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, Recife, PE, CEP: 52171-900, Recife – PE. E-mail: cjoseufrpe@yahoo.com.br

⁴ Professora, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Agricultura, CEP 37.200-000 Lavras – MG. E-mail: luciane.vilela@ufla.br

⁵ Pesquisador, Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, B. Buenos Aires, CEP 64006-220, Teresina, PI. E-mail: kaesel@cpamn.embrapa.br

⁶ Aluna do curso de graduação em Agronomia da Universidade Federal de Lavras, Departamento de Agricultura, CEP 37.200-000 Lavras – MG. E-mail: marcellinhaufla@gmail.com

5.1 Resumo - A avaliação da divergência genética fornece informações importantes aos programas de melhoramento. Com o objetivo de caracterizar a diversidade genética entre as linhagens de feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma (BAG), da Embrapa Meio-Norte, a técnica SSR foi aplicada no presente estudo. Foram caracterizados trinta e duas linhagens, que geraram 24 bandas polimórficas, a partir de 10 locos de microssatélites. Os resultados obtidos foram analisados pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with*

Arithmetic Mean) com o auxílio do programa NTSYs versão 2.1. O dendrograma gerado apresentou oito grupos de linhagens. As linhagens IT00K-1217-2 e IT00K-718-6; IT99K-316-2, IT98K-205-8 e IT98K-506-1; IT98K-1111-1, IT00K-491-7, IT93K-625 e IT96D-610; IT97K-568-18 e T89KD-260; IT99K-1060, IT00K-1263-2 e IT00K-1263-1 apresentaram alta similaridade entre si. O PIC médio para os dez marcadores microssatélites foi de 0,2552, com valores variando entre 0,0587 para o loco VM36 e 0,4188 para o loco VM39. A linhagem IT87D-1627 foi considerada a mais divergente, devendo assim, ser indicada para programas de hibridação para a obtenção de populações segregantes e, possivelmente, de genótipos superiores. Os resultados dos marcadores SSR, confirmam o seu potencial na caracterização da diversidade genética em germoplasma de feijão-caupi.

Palavras chave: banco de germoplasma; caracterização.

GENETIC DIVERGENCE AMONG COWPEA AFRICAN LINES BY SSR MARKERS

5.2 Abstract - The genetic divergence assessment provides important information for breeding programs. In the present study, the genetic diversity among lines from Embrapa Mid-North's Cowpea Germoplasm Active Bank (BAG) was evaluated using SSR markers. Thirty two lines were assessed using 10 SSR loci, generating 24 polymorphic bands. The data matrix was analyzed by UPGMA (*Unweighted Pair Group Using Mathematical Averages*) using NTSYs 2.1 program. The accessions were distributed in eight groups, and the lines IT00K-1217-2 e IT00K-718-6; IT99K-316-2, IT98K-205-8 e IT98K-506-1; IT98K-1111-1, IT00K-491-7, IT93K-625 e IT96D-610; IT97K-568-18 e T89KD-260; IT99K-1060, IT00K-1263-2 e IT00K-1263-1, presented high similarity. The average polymorphism information content was 0.2552, in the range of 0.0587 - 0.4188 for VM36 and VM39 locos. The lines IT87D-1627 was confirmed as the most divergent, could be use as parental in crosses in

breeding programs. The SSR markers presents potential for studies of diversity of cowpea germoplasm.

Key word: germoplasm bank; characterization.

5.3 Introdução

O feijão-caupi, feijão-de-corda ou feijão-macassar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), é uma das principais culturas da região Nordeste e foi apontada pela FAO como uma das melhores alternativas para o aumento da oferta de proteínas (Simon, 2002). A estimativa mundial da área produzida com feijão-caupi é de aproximadamente 14 milhões de hectares, com uma produção anual de mais de 4,5 milhões de toneladas (Singh et al., 2003) e segundo Hegde & Mishra (2009), a maior contribuição, cerca de 90% da produção global de feijão-caupi é da África. Destacando-se também na economia brasileira e, especialmente na região Nordeste, sendo esta responsável por 94,40 % da área e 87,73 % da produção total de feijão-caupi no Brasil (Unifeijão, 2006).

Atualmente, o feijão-caupi tem atraído à atenção de grandes produtores, os quais, em sua maioria, já usam cultivares melhoradas e vêm obtendo ganhos consideráveis de produtividade e qualidade (Freire Filho et al., 2006). No entanto, o uso contínuo de germoplasma elite em programas de melhoramento poderá reduzir a variabilidade disponível para a seleção, portanto, faz-se necessário o conhecimento do germoplasma disponível e sua incorporação em programas de melhoramento, os quais podem gerar novas cultivares com ampla base genética e permitem novas combinações alélicas (McCouch, 2005) visando o melhoramento genético da cultura e conseqüentemente disponibilizando cultivares que atendam às necessidades dos produtores e consumidores.

Segundo Silva & Fonseca (2006), a caracterização e avaliação de uma coleção permitem a compreensão da variabilidade existente, e constituem atividades prioritárias no

manejo de um banco de germoplasma, além de indicarem aspectos de uso imediato aos agricultores, bem como identificar acessos que apresentem características interessantes para o melhoramento (Fonseca et al., 1994).

Estudos de divergência genética são importantes para o conhecimento da variabilidade genética das populações e possibilitam o monitoramento de bancos de germoplasmas (Cruz et al., 2004), pois geram informações úteis para preservação e uso dos acessos (Toquica et al., 2003).

Os estudos sobre divergência genética são de grande importância para o melhoramento genético, pois além da caracterização, permitem a identificação de duplicatas entre acessos avaliados (Coimbra et al., 2001). De acordo com Fonseca & Silva (1999), duplicatas são amostras iguais, e não contribuem para o enriquecimento da variabilidade genética e para preservação e avaliação do material.

Classicamente a diversidade genética tem sido avaliada por meio de análise fenotípica (Arriel et al., 2007; Oliveira et al., 2007; Bertini et al., 2009), ou seja, por meio de características morfoagronômicas. No entanto, a caracterização de germoplasma vegetal tem sido beneficiada pelo desenvolvimento e emprego de métodos moleculares que permitem identificar variação de seqüência na molécula de DNA, (Ferreira et al., 2007).

Várias técnicas moleculares tem sido empregadas, tais como RAPD (Betal et al., 2004; XAVIER et al., 2005), AFLP (Fang et al., 2007; Gupta & Gopalakrishna, 2009), ISSR (Muthusamy et al., 2008; Ghalmi et al., 2009) e SSR (Diouf & Hilu, 2005; Gillaspie et al., 2005; Phansak et al., 2005; Kapewangolo et al., 2007).

Os marcadores microsatélites ou *Simple Sequence Repeats* (SSR) combinam muitas características desejáveis, incluindo, alto nível de polimorfismo e conteúdo de informação, alta reprodutibilidade e codominância (Archana & Jawali, 2006).

Este trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre linhagens africanas de feijão-caupi pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-caupi da

Embrapa Meio-Norte obtidas por intercâmbio do IITA (Instituto Internacional de Agricultura Tropical), situado em Ibadan na Nigéria.

5.4 Material e Métodos

Foram caracterizadas através de marcadores SSR trinta e duas linhagens africanas de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, adquiridas por meio de intercâmbio com o IITA (Tabela 1).

A extração de DNA foi realizada a partir de folhas jovens de plantas semeadas em papel germinador, segundo Ferreira & Grattapaglia, (1998). Foram usados 20 pares de locos microsatélites desenvolvidos por Li et al. (2001). Seus nomes, sequências e provável tamanho dos fragmentos estão listados na Tabela 2.

As reações de amplificação foram realizadas em um volume final de 25 μ L, contendo 25 ng de DNA genômico, tampão de reação 1X, 1,5 mM de $MgCl_2$, 200 μ M de cada dNTP, 10 pmol de cada *primer* e 1 unidade de Taq polimerase.

Seguindo as condições dos locos, as reações foram submetidas a diferentes programações, seguindo dois “Touchdown”. As amplificações foram realizadas em Termociclador (modelo PTC-100, MJ Research, Inc.). A primeira programação seguiu uma temperatura de anelamento que foi decrescida 0,5°C por 18 ciclos, variando entre 67°C e 58°C, continuando por mais 20 ciclos adicionais de 94°C por 1 min e 72°C por 1 min, finalizando com uma extensão final de 72°C por 10 min. Outra PCR em condições similares foi realizada, exceto para as temperaturas de anelamento (T_m), que variou entre 64°C e 55°C durante 18 ciclos decrescendo 0,5°C por ciclo, seguindo por mais 30 ciclos adicionais de 94°C por 1 min, 55°C por 1 min, e 72°C por 1 min.

Os produtos da PCR foram separados em gel de poliacrilamida 6% não-desnaturante em tampão TBE (EDTA, Tris-base e Ácido bórico) e corados com nitrato de prata de acordo com Sanguinetti et al. (1994).

Foi construída uma planilha de dados com informações referentes à presença (1) e ausência (0) de bandas. Com auxílio do programa Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis, NTSYS – PC V.2.1 (Rohlf, 2002).

A matriz binária de dados obtida a partir da leitura dos géis foi utilizada para o cálculo do coeficiente de similaridade de Jaccard, segundo a fórmula: $sg_{ij} = a/(a+b+c)$ em que a corresponde à presença de bandas nos genótipos i e j ; b corresponde à presença da banda no genótipo i e ausência no genótipo j e, c corresponde à ausência da banda no genótipo i e presença no genótipo j . A partir das estimativas de similaridade genética foi realizada a análise de agrupamento pelo método das médias aritméticas entre pares não ponderados, comumente chamado de UPGMA (*Unweighted Paired Group Method Using Arithmetic Averages*).

Foram estimados por meio do software Genes (2001), o número de alelos por loco de SSR e o conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) de cada loco, por meio da expressão:

$$PIC = 1 - \sum p_{ij}^2$$

em que p_{ij} : frequência do j -ésimo alelo no i -ésimo loco microssatélite (Anderson et al., 1993).

5.5 Resultados e Discussão

No presente estudo, dos vinte locos SSR inicialmente testados, dez (50 %) revelaram polimorfismo entre os acessos analisados (Tabela 3). Nove locos (VM22, VM23, VM27, VM28, VM30, VM34, VM35, VM37 e VM38) apresentaram-se monomórficos para as linhagens testadas. Zannou et al. (2008), avaliando a variabilidade genética entre cultivares de feijão-caupi por meio de nove locos RAPD, encontraram padrão monomórfico para cinco dos *primers* testados e verificaram uma alta similaridade (71%) entre as cultivares estudadas. Segundo o autor, isto se deve ao fato da espécie se tratar de uma planta autógama e conservar partes dos seus componentes genéticos durante o processo de domesticação.

Apenas o loco VM17 não amplificou nas linhagens testadas, causada provavelmente por divergência nas seqüências que flanqueiam os microssatélites (Hamza et al., 2004). Em diversos trabalhos utilizando locos de microssatélites têm sido relatados falhas durante a amplificação dos mesmos (Blair et al., 2006; Lee et al., 2008; Sun et al., 2008).

Os locos polimórficos foram utilizados para caracterizar as 32 linhagens de feijão-caupi. Um total de vinte e quatro alelos foram encontrados entre as trinta e duas linhagens analisadas. A maior parte dos locos (70 %) utilizados neste trabalho produziram dois alelos, no entanto, os locos VM3, VM39 e VM68 amplificaram três alelos. Ogunkanmi et al. (2008), avaliando a divergência genética entre 48 acessos de feijão-caupi do IITA, provenientes de diferentes regiões geográficas, através de marcadores microssatélites, encontraram uma média de sete alelos por locos. Certamente por se tratar de populações diversificadas proveniente de diferentes regiões da África e que não passaram por nenhum processo de seleção.

Alto nível de diversidade tem sido encontrado em outras espécies autógamas, como a soja, utilizando marcadores microssatélites produzindo uma média de 25 alelos por loco (Lee et al., 2008), em arroz, foi identificado um número de 15 alelos para os locos mais polimórficos de microssatélites (Bonow et al., 2009) .

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) é uma estimativa do poder discriminatório do loco e não apenas leva em conta o número de alelos, mas, também a frequência dos alelos na população (Ogunkanmi et al., 2008). O PIC médio para os dez marcadores microssatélites foi de 0,2552, com valores variando entre 0,0587 para o loco VM36 e 0,4188 para o loco VM39. Li et al. (2001), avaliando acessos de feijão-caupi do IITA, utilizando os mesmos locos microssatélites, encontraram PIC variando entre 0,09 e 0,73, em seus resultados o loco VM39 também está entre os mais polimórficos em sua avaliação. Zhang et al. (2008), avaliando raças locais de feijão-comum dos grupos Mesoamericano e Andino através de marcadores microssatélites encontraram um PIC médio de 0,54.

Segundo Cruz et al. (2004), independente do tipo de caracterização é possível identificar genótipos desejáveis e grupos de similaridade que possam se constituir em duplicatas, otimizando o manejo pela identificação dos caracteres mais informativos para serem empregados na caracterização e melhoramento genético.

Os dados gerados pelos marcadores microssatélites utilizados foram empregados para a obtenção do dendrograma utilizando como método de agrupamento o UPGMA (Figura 1). A análise visual permitiu a identificação de oito grupos principais. O primeiro grupo constituiu-se apenas da linhagem IT03K-316-1. No segundo grupo houve a formação de três subgrupos, onde no primeiro foram agrupadas as linhagens: IT00K-1217, IT00K-718-6, IT99K-316-2, IT98K-205-8 e IT98K-506-1; já no segundo: IT98K-1111-1, IT00K-491-7, IT93K-625, IT96D-610, IT93K-452-1, IT98K-1103-13, IT97K-568-18 e IT89KD-260; e no terceiro subgrupo: IT99K-494-6, IT97K-499-35 e IT98K-128-4.

O terceiro grupo foi formado pela linhagem IT98K-491-4. O quarto agrupamento foi composto pelas linhagens: IT98K-503-1, IT98K-205-9, IT99K-1122 e IT81D-994; No quinto grupo foram observados as linhagens: IT99K-1060, IT00K-1263-2, IT00K-IT98K-1092-1 e IT98D-1399; O sexto grupo foi composto pelas linhagens IT00K-898-5. O sétimo agrupamento composto por: IT99K-573-2-1, IT99K-529-2 e IT00K-901-5. Por fim, o oitavo grupo formado pela linhagem IT87D-1627 (Tabela 5).

A maioria dos pares formados pelas linhagens apresentou uma similaridade variando de 60 % a 87 %. Quando se avalia todas as linhagens a similaridade genética média variou de 33 % (IT87D-1627 e IT98K-1092-1) a 100% (IT00K-1217-2 e IT00K-718-6; IT99K-316-2, IT98K-205-8 e IT98K-506-1; IT98K-1111-1, IT00K-491-7, IT93K-625 e IT96D-610; IT97K-568-18 e T89KD-260; IT99K-1060, IT00K-1263-2 e IT00K-1263-1), houve uma média 69 % de similaridade entre as linhagens analisadas (Tabela 4). A extensão da variação obtida pelos locos SSR foi similar a estudos feitos por Phansak et al. (2005), analisando quinze acessos de espécies do gênero *Vigna* de diferentes regiões geográficas utilizando marcadores

microsatélites. Estudos recentes confirmam a baixa diversidade genética encontrada em feijão-caupi (Coulibaly et al., 2002; Tosti & Negri, 2005).

Observou-se que a maioria das linhagens apresentou menor similaridade quando combinadas com a linhagem IT87D-1627, indicando esta, como a mais divergente no grupo de germoplasma avaliado. A identificação de genótipos contrastantes tem uma importante implicação nos programas de melhoramento a fim de se obter híbridos com características e heterose desejada. Aliado a isto, estas informações tem um papel importante para o programa de melhoramento da Embrapa Meio-Norte. A partir das informações geradas, os programas de melhoramento poderão utilizar os genitores mais adequados, a exemplo das linhagens IT87D-1627 e IT98K-1092-1, para obtenção de populações segregantes a fim de se obter novas linhagens.

Li et al. (2001), através de estudo sobre divergência genética em feijão-caupi usando marcadores microsatélites, concluiu sobre o grau de polimorfismo relativamente baixo encontrado, quando comparado com outras espécies. Resultado este que também pode ser atribuído aos acessos avaliados, por serem todos pertencentes ao IITA, que segundo os autores, possuem uma base genética estreita. Kapewangolo et al. (2007), avaliando 29 acessos de feijão-caupi por meio de marcadores microsatélites também encontraram uma baixa diversidade genética entre os materiais estudados e uma variação de um a três alelos por *primer* utilizado.

De acordo com Gupta & Varshney (2000), marcadores de microsatélites tem sido utilizados prosperamente na caracterização de germoplasma, inclusive, possibilitando a identificação de duplicatas entre acessos avaliados. No presente estudo houve uma alta porcentagem de locos em homizigose (%) e um baixo polimosfismo gerado evidenciado pela alta similaridade encontrada para algumas linhagens. Essa alta similaridade pode ter sido em decorrência dos locos testados não terem sido suficientes para permitir acessar a variabilidade genética, ou as linhagens apresentarem um grau de parentesco elevado dificultando encontrar

polimorfismos entre elas. Sendo assim, é provável que as linhagens que se mostraram 100 % similares não se tratem de duplicatas. Estudos morfológicos e utilizando novos locos e/ou outros tipos de marcadores poderão confirmar o resultado apresentado.

5.6 Conclusões

1. Os marcadores SSR são eficientes em estimar a variabilidade genética em linhagens africanas de feijão-caupi;
2. Por meio dos 10 locos SSR utilizados, as linhagens (IT00K-1217-2 e IT00K-718-6; IT99K-316-2, IT98K-205-8 e IT98K-506-1; IT98K-1111-1, IT00K-491-7, IT93K-625 e IT96D-610; IT97K-568-18 e T89KD-260; IT99K-1060, IT00K-1263-2 e IT00K-1263-1), possuem 100 % de similaridade, evidenciando a existência de possíveis duplicatas;
3. A linhagem IT87D-1627 foi identificada como a mais divergente, podendo assim, ser indicada para programas de hibridação para a obtenção de populações segregantes e, possivelmente, de genótipos superiores.

5.7 Referências Bibliográficas

- ANDERSON, J.A.; CHURCHILL, G.A.; AUTRIQUE, J.E.; TANKSLEY, S.D. AND SORRELLS, M.E. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. **Genome**. Vol. 36, p.181-186, 1993.
- ARCHANA, V. and N. JAWALI. GENETIC VARIATION AND RELATEDNESS IN VIGNA UNGUICULATA REVEALED BY MICROSATELLITES. **Life Science Symposium**. Mumbai. No. 285, 2006.
- ARRIEL, N. H. C. ; MAURO, A. O. ; ARRIEL, E. F. ; UNEDA-TREVISOLI, S. H. ; COSTA, M. M. ; BARBARO, I. M. ; MUNIZ, F. R. . Genetic divergence in sesame based on morphological and agronomic traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 253-261, 2007.

BERTINI, C. H. C. M. ; TEOFILO, E. M. ; DIAS, F.T.C. . Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, p. 99-105, 2009.

BETAL, S.; RCHOWDHURY, R. P.; KUNDU, S. and RAYCHAUDHURI, S. R. Estimation of genetic variability of *Vigna radiate* cultivars by RAPD analysis. **Plant Biology**. vol. 48, p. 205-209, 2004.

BLAIR, M.W.; M. C. GIRALDO, M.C.; BUENDÍA, H.F.; E. TOVAR, E.; DUQUE, M.C. and BEEBE, S.E. Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**. Vol. 113, p 100–109, 2006.

BONOW, S.; VON PINHO, E.V.R.; VIEIRA, M.G.C.; and VOSMAN, B. Microsatellite Markers in and around Rice Genes: Applications in Variety Identification and DUS Testing. **Crop Science**. Vol. 49 p. 880–886, 2009.

COIMBRA, R.R.; MIRANDA, G.V.; MOREIRA, G.R.; SILVA, D.J.H.; CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; MARCASSO, R.C.; CANIATO, F.F. Divergência genética de cultivares de milho baseada em descritores qualitativos. **Anais...III SIRGEALC**, p. 266-268. 2001.

COULIBALY S., PASQUET R.S. PAPA R. and GEPTS P. AFLP analysis of the phenetic organization and genetic diversity of *Vigna unguiculata* L. Walp. Reveals extensive gene flow between wild and domesticated types. **Theoretical and Applied Genetics**. Vol. 104, p. 358-366, 2002.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004. Cap. VII, p. 223-375.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004. Cap. VII, p. 223-375.

DIOUF, D. and HILU, K. W. Microsatellites and RAPD markers to study genetic relationships among cowpea breeding

FANG, J.; CHAO, C.T.; ROBERTS, P.A. and EHLERS, J.D. Genetic diversity of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] in four West African and USA breeding programs as determined by AFLP analysis. **Genetic Resources and Crop Evolution**, September 2007, vol. 54, no. 6, p. 1119-1209.

FERREIRA, M. E.; GRATAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3 Ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEM, 1998. 220p.

FERREIRA, M. E.; MORETZSOHN, M. de C.; BUSO, G. S. C. Fundamentos de caracterização molecular de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. p. 377-420, 2007.

FONSECA, J.R. e SILVA, H.T. da. Identificação de duplicidades de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.3, p.409-414, mar. 1999.

FONSECA, N.; SILVA, S. de O.; SAMPAIO, J. M. M. Caracterização e avaliação de cultivares de manga na região do recôncavo baiano. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 16, n. 3, p. 29-45, 1994.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARRETO, P. D.; SANTOS, C. A. F. **Melhoramento genético de caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] na região do Nordeste**. Disponível em: <<http://www.cpatsa.embrapa.br>>. Data de acesso em: 10 de jan. 2006.

GHALMI, N.; MALICE, M.; JACQUEMIN, J.M.; OUNANE, S.M.; MEKLCHE, L. and BAUDOIN, J.P. Morphological and molecular diversity within Algerian cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) landraces. **Genetic Resources and Crop Evolution**. DOI 10.1007/s10722-009-9476-5. 2009.

GILLASPIE, A.G. JR.; HOPKINS, M.S. and DEAN, R.E. Determining genetic diversity between lines of *Vigna unguiculata* subspecies by AFLP and SSR markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**. Vol. 52, p. 245–247, 2005.

GUPTA, P.K. & R.K. VARSHNEY. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. **Euphytica**. Vol. 113, p. 163–185, 2000.

GUPTA, S.K. and GOPALAKRISHNA, T. Genetic diversity in blackgram (*Vigna Mungo* (L.) Hepper) using AFLP and transferable microsatellite markers from azuki bean (*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi). **Genome**, vol. 52, p. 120-128, 2009.

HAMZA, S.; HAMIDA, W.B.; AHMED REBAÏ, A. e HARRABI, M. SSR-based genetic diversity assessment among Tunisian winter barley and relationship with morphological traits. **Euphytica**, vol. 135: p. 107–118, 2004.

HEGDE, V.S. and MISHRA, S.K. Landraces of cowpea, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., as potential sources of genes for unique characters in breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**. Vol. 56, p. 615–627, 2009.

KAPEWANGOLO, P.T.; KANYOMEKA, L.; CHINSEMBU, K. and CHIMWAMUROMBE, P. M. Microsatellite analyses of the cowpeas (*Vigna unguiculata*) accessions in Namibia reveal low genetic diversity. **Biosciences, Biotechnology Research Asia**, vol. 04, n 1, 2007.

LEE, J.D.; YU, J.K.; HWANG, Y.H.; BLAKE, S.; SO, Y.S.; LEE, G.J.; NGUYEN, H.T. and SHANNON, J.G. Genetic Diversity of Wild Soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) Accessions from South Korea and Other Countries. **Crop Science**. Vol. 48, p. 606–616, 2008.

LEE, J.D.; YU, J.K.; HWANG, Y.H.; BLAKE, S.; SO, Y.S.; LEE, G.J.; NGUYEN, H.T. and SHANNON, J.G. Genetic Diversity of Wild Soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) Accessions from South Korea and Other Countries. **Crop Science**. Vol. 48, p. 606–616, 2008.

LI, C. D.; FATOKUN, C. A.; UBI, SINGH, B. B.; SCOLES, G. J. Determining genetic similarities and relationships among cowpea breeding lines and cultivars by microsatellite markers. **Crop Science**, v. 41, p. 189-197, 2001.

lines and local varieties in Senegal. **Genetic Resources and Crop Evolution**, vol. 52, p. 1057–1067, 2005.

McCOUCH, S. R. Diversifying selection in plant breeding. **Plos Biology**, vol. 2, p.1507-1512, 2005.

MUTHUSAMY, S.; KANAGARAJAN, S.; PONNUSAMY, S. Efficiency of RAPD and ISSR markers system in accessing genetic variation of rice bean (*Vigna umbellata*) landraces. **Electronic Journal Biotechnologies**. Vol. 11, n. 3, jul. 2008.

OGUNKANMI L.A.; OGUNDIPE, O.T.; NG N.Q. and FATOKUN C.A.. Genetic diversity in wild relatives of cowpea (*Vigna unguiculata*) as revealed by simple sequence repeats (SSR) markers. **Journal of Food, Agriculture & Environment**. Vol.6 (3&4) : 263 -2 68 . 2008.

OLIVEIRA, M. do S. P. de; FERREIRA, D. F. ; SANTOS, J. B. dos . Divergência genética entre acessos de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 501-506, 2007.

PHANSAK, P.; TAYLOR, P.W.J. e MONGKOLPORN, O. Genetic diversity in yardlong bean (*Vigna unguiculata* ssp. *sesquipedalis*) and related *Vigna* species using sequence tagged microsatellite site analysis. **Scientia Horticulturae**. Vol. 106, p. 137–1462, 2005.

PHANSAK, P.; TAYLOR, P.W.J. e MONGKOLPORN, O. Genetic diversity in yardlong bean (*Vigna unguiculata* ssp. *sesquipedalis*) and related *Vigna* species using sequence tagged microsatellite site analysis. **Scientia Horticulturae**. Vol. 106, p. 137–1462, 2005.

ROHLF, F. **NTSYS pc**. Numerical Taxonomy System Exeter Publishing, Setauket, NY. 2002.

SANGUINETTI, C. J., E. D. NETO, and A. J. G. SIMPSON. Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels. **BioTechniques** 17:915-919,1994.

SILVA, H.T. da e FONSECA, J. R. **Banco Ativo de Germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. < www.cnpaf.embrapa.br/conafe/pdf/conafe2005-0116> Acesso em: 23 de agosto de 2006.

SIMON, M. V. **Uso de Marcadores Moleculares em *Phaseolus vulgaris***. 2002. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Pernambuco - UFPE, Recife.

SINGH B.B.; AJEIGBE, H.A.; TARAWALI, S.A.; FERNANDEZ-RIVERA, S. and ABUBAKAR, M. Improving the production and utilization of cowpea as food and fodder. **Field Crops Research**. Vol. 84, p.169–177, 2003.

SUN, Q.B.; LI, L.F.; LI, Y.; WU, G.J.; GE, X.J. SSR and AFLP Markers Reveal Low Genetic Diversity in the Biofuel Plant *Jatropha curcas* in China. **Crop Science**. Vol. 48, p. 1865–1871, 2008.

TOQUICA, S.P.; RODRÍGUEZ, F.; MARTINEZ, E.; DUQUE, M.C.; TOHME, J. Molecular characterization by AFLPs of Capsicum germplasm from the Amazon department in Colombia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.50, n.6, p.639-647, 2003.

TOSTI, N. and NEGRI, V. On-going on-farm micro evolutionary processes in neighboring cowpea landraces revealed by molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**. Vol. 110, p. 1275-1283, 2005.

UNIFEIJÃO. **A produção de feijão no Brasil**. Disponível em: http://www.unifeijao.com.br/feijao_do_brasil/feijao_dobrasil.thm. Acesso em: 24 agosto de 2006.

XAVIER, G.R.; MARTINS, L.M.V.; RUMJANEK, N.G. e FREIRE FILHO, F.R. Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, n.4, p.353-359, abr. 2005.

ZANNOU, A.; KOSSOU, D.K.; AHANCHÉDÉ, A.; ZOUNDJIHÉKPON, J.; AGBICODO, E.; STRUIK, P.C. and A. SANNI, A. Genetic variability of cultivated cowpea in Benin

COSTA, E.M.R. Divergência genética entre Linhagens africanas de feijão – caupi...

assessed by random amplified polymorphic DNA. **African Journal of Biotechnology**. Vol. 7, p. 4407-4414, 2008.

ZHANG, H. Y.; LIU, X. Z.; HE, C. S. and YANG, Y. M. Genetic Diversity among Flue-cured Tobacco Cultivars Based on RAPD and AFLP Markers. **Brazilian Archives of Biology and Technology**. Vol. 51, n. 6, 2008.

Tabela 1. Linhagens de feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, 2009.

Número das Linhagens	Código das linhagens	Origem	Número das Linhagens	Código das linhagens	Origem
1	IT03K-316-1	IITA	17	IT00K-1263-2	IITA
2	IT00K-1217	IITA	18	IT98K-506-1	IITA
3	IT99K-316-2	IITA	19	IT00K-1263-1	IITA
4	IT99K-573-2-1	IITA	20	IT99K-1122	IITA
5	IT98K-1111-1	IITA	21	IT99K-529-2	IITA
6	IT99K-1060	IITA	22	IT97K-568-18	IITA
7	IT00K-491-7	IITA	23	IT98K-1103-13	IITA
8	IT98K-503-1	IITA	224	IT00K-898-5	IITA
9	IT93K-452-1	IITA	25	IT00K-718-6	IITA
10	IT98K-491-4	IITA	26	IT93K-625	IITA
11	IT98K-1092-1	IITA	27	IT98K-205-9	IITA
12	IT99K-494-6	IITA	28	IT89KD-260	IITA
13	IT97K-499-35	IITA	29	IT98D-1399	IITA
14	IT00K-901-5	IITA	30	IT87D-1627	IITA
15	IT98K-205-8	IITA	31	IT81D-994	IITA
16	IT98K-128-4	IITA	32	IT96D-610	IITA

Tabela 2. Lista dos pares de locos microsatélites utilizados no presente estudo. Teresina-PI, 2009.

<i>Primer</i>	<i>Sequência dos Locos</i>	<i>Tamanho dos fragmentos (bp)</i>
VM 3	5'-GAG CCG GGT TCA ATA GGT A-3' 5'-GAG CCA GGG CAC AGG TAG T-3'	171
VM 12	5'-TTG TCA GCG AAA TAA GCA GAG A-3' 5'-CAA CAG ACG CAG CCC AAC T-3'	157
VM 13	5'-CAC CCG TGA TTG CTT GTT G-3' 5'-GTC CCC TCC CTC CCA CTG-3'	135
VM 17	5'-GGC CTA TAA ATT AAC CCA GTC T-3' 5'-TGT GTC TTT GAG TTT TTG TTC TAC-3'	152
VM 19	5'-TAT TCA TGC GCC GTG ACA CTA-3' 5'-TCG TGG CAC CCC CTA TC-3'	241
VM 22	5'-GCG GGT AGT GTA TAC AAT TTG-3' 5'-GTA CTG TTC CAT GGA AGA TCT-3'	217
VM 23	5'-AGA CAT GTG GGC GCA TCT G-3' 5'-AGA CGC GTG GTA CCC ATG TT-3'	174
VM 23	5'-AGA CAT GTG GGC GCA TCT G-3' 5'-AGA CGC GTG GTA CCC ATG TT-3'	174
VM 27	5'-GTC CAA AGC AAA TGA GTC AA-3' 5'-TGA ATG ACA ATG AGG GTG C-3'	207
VM 28	5'-GAA TGA GAG AAG TTA CGG TG-3' 5'-GAG CAC GAT AAT ATT TGG AG-3'	250
VM 30	5'-CTC TTT CGC GTT CCA CAC TT-3' 5'-GCA ATG GGT TGT GGT CTG TG-3'	140
VM 31	5'-CGC TCT TCG TTG ATG GTT ATG-3' 5'-GTG TTC TAG AGG GTG TGA TGG TA-3'	200
VM 33	5'-GCA CGA GAT CTG GTG CTC CTT-3' 5'-CAG CGA GCG CGA ACC-3'	270
VM 34	5'-AGC TCC CCT AAC CTG AAT-3' 5'-TAA CCC AAT AAT AAG ACA CAT A-3'	216

Continua...

Tabela 2. Cont.”

<i>Primer</i>	Sequência dos Locos	Tamanho dos fragmentos (bp)
VM 35	5'-GGT CAA TAG AAT AAT GGA AAG TGT-3' 5'-ATG GCT GAA ATA GGT GTC TGA-3'	127
VM 36	5'-ACT TTC TGT TTT ACT CGA CAA CTC-3' 5'-GTC GCT GGG GGT GGC TTA TT-3'	160
VM 37	5'-TGT CCG CGT TCT ATA AAT CAG C-3' 5'-CGA GGA TGA AGT AAC AGA TGA TC-3'	289
VM 38	5'-AAT GGG AAA AGA AAG GGA AGC-3' 5'-TCG TGG CAT GCA GTG TCA G-3'	135
VM 39	5'-GAT GGT TGT AAT GGG AGA GTC-3' 5'-AAA AGG ATG AAA TTA GGA GAG CA-3'	212
VM 68	5'-CAA GGC ATG GAA AGA AGT AAG AT-3' 5'-TCG AAG CAA CAA ATG GTC ACA C-3'	254
VM 70	5'-AAA ATC GGG GAA GGA AAC C-3' 5'-GAA GGC AAA ATA CAT GGA GTC AC-3'	186

Tabela 3. Número de alelos encontrados por meio dos marcadores microssatélites que apresentaram polimorfismo entre as linhagens de feijão – caupi estudadas. Teresina-PI, 2009.

Locos	Número de alelos	PIC
VM 3	3	0,3605
VM 12	2	0,2772
VM 13	2	0,2353
VM 19	2	0,2652
VM 31	2	0,2289
VM 33	2	0,1278
VM 36	2	0,0587
VM 39	3	0,4188
VM 68	3	0,3852
VM 70	2	0,1948
Media	2,3	0,2552

Tabela 4. Matriz de similaridade das 32 linhagens de feijão-caupi gerada pela análise SSR. Teresina-PI, 2009.

Linhagens*	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	
1	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
2	0,69	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3	0,75	0,91	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	0,40	0,57	0,54	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
5	0,82	0,90	0,90	0,50	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	0,67	0,67	0,73	0,38	0,80	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	0,83	0,85	0,91	0,53	1,00	0,82	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	0,57	0,67	0,75	0,71	0,67	0,54	0,67	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	0,83	0,79	0,91	0,50	1,00	0,82	0,92	0,73	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	0,64	0,67	0,83	0,41	0,75	0,62	0,67	0,63	0,73	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	0,53	0,56	0,57	0,41	0,62	0,75	0,67	0,53	0,63	0,44	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12	0,69	0,71	0,75	0,53	0,82	0,67	0,85	0,67	0,79	0,56	0,56	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
13	0,75	0,77	0,82	0,62	0,90	0,75	0,92	0,71	0,85	0,60	0,60	0,92	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
14	0,54	0,57	0,58	0,67	0,64	0,54	0,69	0,53	0,64	0,44	0,64	0,57	0,64	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
15	0,78	0,90	1,00	0,55	1,00	0,78	1,00	0,67	0,90	0,73	0,58	0,80	0,90	0,64	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
16	0,64	0,77	0,83	0,69	0,75	0,67	0,77	0,77	0,77	0,71	0,50	0,77	0,91	0,54	0,89	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17	0,67	0,69	0,73	0,43	0,80	1,00	0,83	0,53	0,77	0,53	0,77	0,69	0,77	0,57	0,80	0,67	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
18	0,73	0,91	1,00	0,58	0,89	0,73	0,91	0,69	0,83	0,69	0,57	0,75	0,83	0,62	1,00	0,90	0,75	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
19	0,57	0,60	0,62	0,44	0,67	1,00	0,71	0,47	0,67	0,47	0,67	0,60	0,77	0,57	0,80	0,64	1,00	0,75	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
20	0,62	0,64	0,67	0,62	0,73	0,62	0,77	0,71	0,71	0,50	0,71	0,64	0,71	0,64	0,73	0,62	0,64	0,69	0,64	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	0,50	0,64	0,67	0,83	0,58	0,46	0,64	0,71	0,60	0,50	0,50	0,53	0,57	0,75	0,64	0,57	0,50	0,67	0,44	0,69	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	0,75	0,64	0,82	0,50	0,90	0,80	0,77	0,64	0,85	0,77	0,50	0,77	0,82	0,54	0,78	0,91	0,67	0,73	0,64	0,62	0,47	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
23	0,77	0,79	0,83	0,60	0,91	0,82	0,92	0,63	0,86	0,63	0,63	0,79	0,92	0,69	1,00	0,85	0,83	0,91	0,79	0,77	0,60	0,85	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
24	0,40	0,60	0,54	0,64	0,58	0,46	0,50	0,67	0,56	0,47	0,39	0,41	0,53	0,47	0,58	0,57	0,47	0,62	0,50	0,64	0,53	0,53	0,56	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-
25	0,67	1,00	1,00	0,67	0,88	0,67	0,88	0,88	0,88	0,78	0,60	0,67	0,78	0,67	1,00	0,88	0,67	1,00	0,67	0,78	0,75	0,86	0,88	1,00	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-
26	0,83	0,83	0,91	0,50	1,00	0,82	1,00	0,69	1,00	0,77	0,64	0,83	0,91	0,67	1,00	0,77	0,82	0,90	0,69	0,75	0,62	0,91	0,92	0,50	0,88	1,00	-	-	-	-	-	-	-
27	0,58	0,75	0,80	0,73	0,70	0,58	0,75	0,83	0,69	0,57	0,57	0,62	0,69	0,62	0,80	0,73	0,62	0,82	0,62	0,83	0,82	0,58	0,75	0,75	1,00	0,73	1,00	-	-	-	-	-	-
28	0,82	0,69	0,90	0,43	1,00	0,82	0,83	0,64	0,92	0,77	0,53	0,69	0,77	0,57	0,80	0,82	0,69	0,75	0,69	0,64	0,50	1,00	0,83	0,57	0,88	1,00	0,62	1,00	-	-	-	-	-
29	0,69	0,60	0,50	0,40	0,58	0,69	0,60	0,47	0,56	0,39	0,56	0,60	0,67	0,41	0,54	0,57	0,71	0,53	0,71	0,47	0,35	0,50	0,60	0,41	0,45	0,57	0,44	0,50	1,00	-	-	-	-
30	0,73	0,58	0,64	0,55	0,55	0,46	0,58	0,46	0,58	0,54	0,33	0,46	0,54	0,58	0,60	0,58	0,46	0,64	0,46	0,43	0,64	0,55	0,58	0,38	0,56	0,58	0,50	0,58	0,50	1,00	-	-	-
31	0,62	0,69	0,67	0,60	0,75	0,58	0,77	0,71	0,71	0,60	0,60	0,64	0,69	0,62	0,70	0,57	0,62	0,67	0,53	0,83	0,69	0,62	0,71	0,64	0,78	0,75	0,82	0,62	0,47	0,38	1,00	-	-
32	0,80	0,89	0,89	0,50	1,00	0,80	1,00	0,64	1,00	0,73	0,58	0,80	0,90	0,64	1,00	0,80	0,80	0,89	0,80	0,73	0,55	1,00	1,00	0,70	0,88	1,00	0,70	1,00	0,58	0,55	0,73	1,00	-

*O Código das linhagens referente aos números representados nesta tabela, podem ser consultados na tabela 1.

Tabela 5. Grupos formados pelo método UPGMA entre as linhagens de feijão-caupi avaliadas por meio da análise de marcadores microssatélites. Teresina-PI, 2009.

Grupos	Sub-Grupos	Linhagens
I		IT03K-316-1
II	II. 1	IT00K-1217, IT00K-718-6, IT99K-316-2, IT98K-205-8, IT98K-506-1;
	I. 2	IT98K-1111-1; IT00K-491-7; IT93K-625; IT96D-610; IT93K-452-1; IT98K-1103-13; IT97K-568-18; IT89KD-260;
	II. 3	IT99K-494-6; IT97K-499-35; IT98K-128-4;
III		IT98K-491-4
IV		IT98K-503-1; IT98K-205-9; IT99K-1122; IT81D-994
V		IT99K-1060; IT00K-1263-2; IT00K-1263-1; IT98K-1092-1; IT98D-1399
VI		IT00K-898-5
VII		IT99K-573-2-1; IT99K-529-2; IT00K-901-5
VIII		IT87D-1627

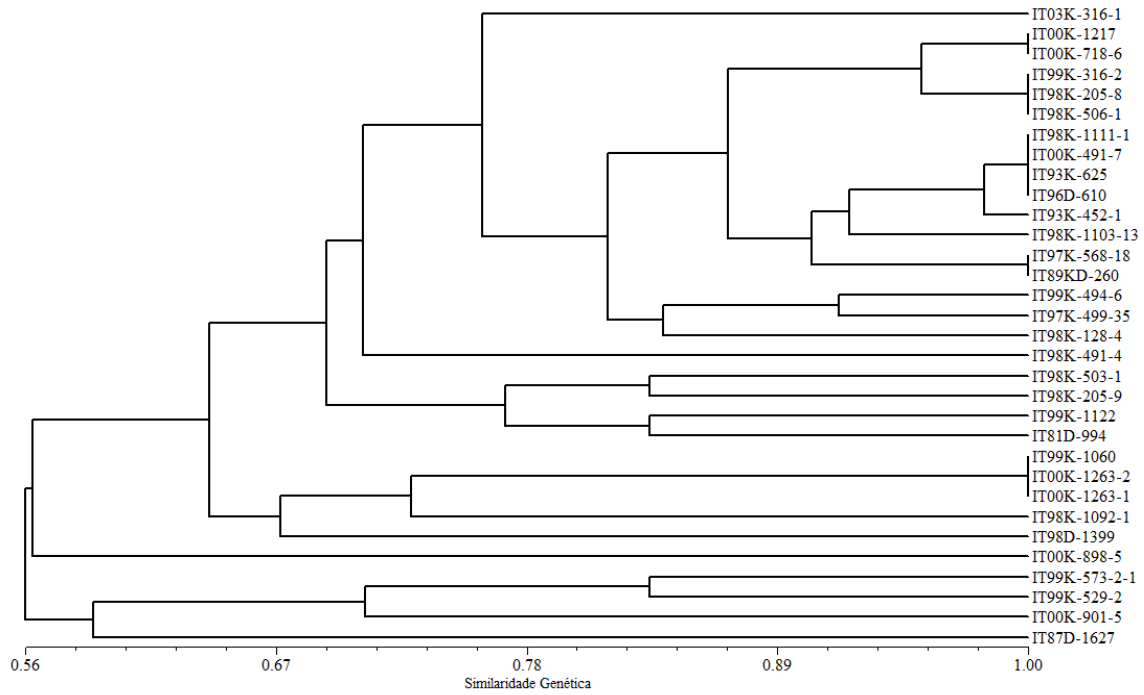
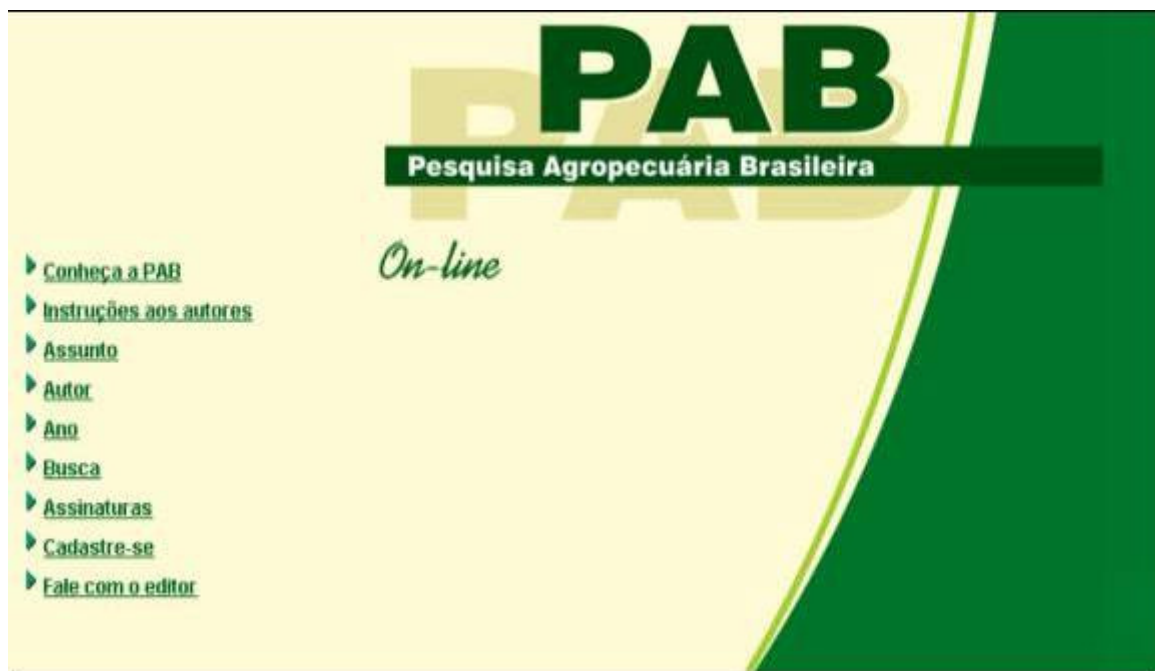


Figura 1. Dendrograma baseado nos coeficientes de similaridade de Jaccard entre 32 linhagens africanas de feijão-caupi, construído por análise de agrupamento (UPGMA) com base nos dados de SSR. Teresina-PI, 2009.

ANEXOS

NORMAS DA REVISTA PAB



INSTRUÇÕES AOS AUTORES

Objetivos

A revista Pesquisa Agropecuária Brasileira é uma publicação mensal da Embrapa, que edita e publica trabalhos técnico-científicos originais, em português, espanhol ou inglês, resultantes de pesquisas de interesse agropecuário. A principal forma de contribuição é o Artigo, mas a PAB também publica Notas Científicas, Novas Cultivares e Revisões a convite do Editor,

Submissão

Os originais submetidos à publicação devem ser enviados por via eletrônica (pab@sct.embrapa.br) acompanhados de mensagem com os seguintes dados: nome, formação profissional, grau acadêmico e endereço institucional e eletrônico dos autores; indicação do autor-correspondente; declaração de não-submissão do trabalho à publicação em outro periódico. Cada autor deve enviar mensagem expressando sua concordância com a submissão do artigo. Os manuscritos podem também ser encaminhados pelos correios, para o seguinte endereço:

Embrapa Informação Tecnológica
Pesquisa Agropecuária Brasileira - PAB
Caixa Postal 040315
70770-901 Brasília, DF

Apresentação

- O artigo deve ser digitado em Word, espaço duplo, Times New Roman, corpo 12, folha formato A4, com páginas e linhas numeradas,
- As figuras, na forma de gráficos, devem ser apresentadas no final do texto, em Excel ou Word,
- As figuras, na forma de fotografias, imagens ou desenhos, com 8,5 cm ou 17,5 cm de largura, devem ser escaneadas com 300 dpi e gravadas, separadas do texto, em arquivos TIF,
- As tabelas devem ser apresentadas em Word, no final do texto, somente com linhas horizontais; os dados devem ser digitados em fonte Times New Roman,

Estrutura e organização

O artigo, com no máximo 20 páginas, deve ser apresentado na seguinte seqüência: título, nome completo dos autores, endereços institucionais e eletrônicos, Resumo, Termos para indexação, Título em inglês, Abstract, Index terms, Introdução, Material e Métodos, Resultados e Discussão, Conclusões, Agradecimentos, Referências, Tabelas e Figuras,

Título: 15 palavras no máximo, em letras minúsculas,

Autores: nomes completos, com chamada para nota de endereços; autores de uma mesma instituição devem ter a mesma nota de endereço,

Notas de endereços: endereços institucionais e eletrônicos dos autores,

Resumo: máximo de 200 palavras; Abstract deve ser tradução fiel do Resumo,

Termos para indexação: mínimo três e máximo seis,

Conclusões: frases curtas, com o verbo no presente do indicativo, sem comentários adicionais e elaboradas com base nos objetivos do artigo,

Citações: não são aceitas citações de dados não publicados, comunicação pessoal, resumos e publicações no prelo,

Referências: de acordo com a NBR 6023 da ABNT; em ordem alfabética dos nomes dos autores; principalmente dos últimos dez anos e de artigos de periódicos,

Exemplos:

Eventos (considerados em parte)

ALBUQUERQUE, F,C.; DUARTE, M,L,R.; NUNES, A,M,L.; STEIN, R,L,B.; OLIVEIRA, R,P, Comportamento de germoplasma de pimenta-do-reino em áreas de ocorrência de fusariose no Estado do Pará, In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL SOBRE PIMENTA E CUPUAÇU, 1., 1996, Belém, **Anais**, Belém: Embrapa-CPATU; JICA, 1997, p,269-276, (Embrapa-CPATU, Documentos, 89),

Artigos de periódicos

AK, P.; TANG, C.; WIESENFELD, K, Self-organized criticality, **Physical Review A**, v,38, p,364-374, 1988,

Capítulos de livros

DIAS-FILHO, M,B, Pastagens cultivadas na Amazônia oriental brasileira: processos e causas de degradação e estratégias de recuperação, In: DIAS, L,E.; MELLO, J,W,V, (Ed.), **Recuperação de áreas degradadas**, Viçosa: UFV; Sociedade Brasileira de Recuperação de Áreas Degradadas, 1998, p,135-147,

Livros

FERREIRA, M,E.; GRATTAPAGLIA, D, **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**, 3,ed, Brasília: Embrapa-Cenargen, 1998, 220p,

Teses e dissertações

MACHADO, C,A,E, **Padrões isoenzimáticos de superóxido dismutase de alguns genótipos de pessegueiro *Prunus persica* (L.) Batsch**, 1984, 36p, Dissertação (Mestrado)-Universidade Federal de Pelotas, Pelotas,

Outras informações

- Todos os manuscritos são revisados por no mínimo dois especialistas,
- O editor e a assessoria científica reservam-se o direito de solicitar modificações nos artigos e de decidir sobre a sua publicação,
- São de exclusiva responsabilidade dos autores as opiniões e conceitos emitidos nos trabalhos,
- Os trabalhos aceitos não poderão ser reproduzidos, mesmo parcialmente, sem o consentimento expresso do editor da PAB,
- Contatos com a secretaria da revista podem ser feitos pelos fones: (61) 448-4231 e 273-9616, fax: (61)340-5483 ou e-mail: pab@sct.embrapa.br,