DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJÃO ATRAVÉS DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS

Talissa de Oliveira Floriani[1], Francisco Antônio Carra Nardello[2], Arthur Ribeiro Rodrigues[2], Diógenes Albert Darius[2], Rita Carolina de Melo[3], Rúbia de Souza[3], Cristiane Rosa Adams[3], Paulo Henrique Cerutti[3], Márcio dos Santos[3], Altamir Frederico Guidolin [4]

[1] Acadêmica do Curso de Agronomia - CAV - bolsista PROBIC.
[2] Acadêmico(a) do Curso de Agronomia – CAV.
[3] Acadêmico do Programa de Pós-graduação em produção vegetal – CAV.
[4] Orientador, Departamento de Agronomia - CAV – altamirguidolin@gmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Dissimilaridade. Divergência genética.

Os recursos genéticos para o melhoramento na cultura do feijão podem ser encontrados nos bancos de germoplasma, e para ser utilizado é necessário que os genótipos sejam caracterizados, levando em consideração desde seu local de coleta até suas características morfológicas, de tal forma que o melhorista possa identificar os acessos potencialmente úteis para seu programa de melhoramento. Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi estimar morfologicamente a divergência genética entre genótipos de feijão de distintas procedências, através de técnicas multivariadas. O experimento foi conduzido na safra 2018/19 em Lages/SC. Foram avaliados 36 genótipos de feijão, sendo 3 cultivares (IPR Uirapuru, BRS Pérola e Iraí) e 33 genótipos crioulos, de diferentes procedências (RS, SC, PR, MG e Espanha). O experimento foi conduzido em delineamento látice, com duas repetições. Foram avaliados quatorze caracteres de interesse na cultura, sendo destes, três componentes principais do rendimento e quatro variáveis relacionadas a raiz. Foi realizada análise de variância multivariada e os grupos foram formados por procedências e comparados por contrastes multivariados ortogonais; posteriormente foi realizada a medida das distâncias euclidianas médias, para avaliar a dissimilaridade entre os genótipos. A análise de variância multivariada mostrou diferença significativa para os vetores da média dos efeitos dos genótipos. Técnicas multivariadas são viáveis nos estudos de divergência, uma vez que permitem múltiplas combinações de informações dentro da unidade experimental. Em relação as comparações por contrastes, duas diferenças significativas foram detectadas entre os grupos de procedências diferentes (Tabela 1). Sendo os contrastes G1 *vs*. G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8 (C1) e G2 *vs*. G3, G4, G5, G6, G7, G8 (C2) significativos. O grupo 1 foi composto apenas por cultivares, razão pela qual explica a superioridade dos mesmos em relação aos demais. Este fato pode ser comprovado pela contribuição do número de legumes por planta (NLP) de 1,79 e peso fresco de raiz (PFR) de 1,0. Estas características apresentaram peso canônico positivo, correspondendo a 2 legumes por planta e 1g a mais no peso fresco de raiz, para os genótipos em questão. Quanto ao grupo 2 por ser apenas um genótipo, de origem Europeia, também se apresentou significativo se comparado aos outros grupos, caracteres de raiz como ângulo de raiz (ANG), comprimento vertical (CPV), comprimento horizontal esquerdo (CPHE) e comprimento horizontal direito (CPHD), apresentaram pesos canônicos negativos, -0,33; -0,01; -0,68 e -0,13 respectivamente, ou seja, contribuíram para afastar esse grupo dos demais. Os demais contrastes

não foram significativos, indicando que os genótipos selecionados pelos agricultores nas diferentes regiões do Brasil, apresentam características similares. A amplitude das distâncias euclidianas médias apresentou valor máximo de 12,58 entre a cultivar IPR Uirapuru e o genótipo crioulo BAF-208, e valor mínimo de 1,84 entre BAF-209 e BAF-203. Em termos genéticos, conclui-se que a cultivar IPR Uirapuru e o genótipo BAF-208 são os mais divergentes ao passo que os genótipos BAF-209 e BAF-203 são os mais similares. A dissimilaridade entre os genótipos é comprovada pelos contrastes, principalmente pelas cultivares com relação aos genótipos presentes no grupo 6 (região central do RS), pois apresentaram maiores distâncias euclidianas médias. O contraste 7 não se apresentou significativo por se tratar de genótipos com procedências parecidas Região Litorânea do RS e Região Sul do RS (G7 *vs.* G8). Os contrastes ortogonais permitiram avaliar a origem da dissimilaridade entre esses genótipos e o descarte de caracteres que contribuem pouco para a discriminação do material avaliado. Os estudos de divergência genética através de técnicas multivariadas permitiram a formação de grupos que podem ser usados em programas de melhoramento para a cultura do feijão.

Tab1. *Teste multivariado de Lambda de Wilk's para os contrastes ortogonais entre grupos de genótipos de diferentes procedências. Coeficientes canônicos padronizados (CCP) para as variáveis respostas: Diâmetro do caule (DC), Estatura de planta (EST), Inserção do primeiro legume (IPL), Número de legumes por planta (NLP), Número de grãos por planta (NGP), Peso de grãos (PG), Ângulo de raiz (ANG), Comprimento vertical de raiz (CPV), Comprimento horizontal esquerdo (CPHE), Comprimento horizontal direito (CPHD), Peso fresco de parte aérea (PFPA), Peso fresco de raiz (PFR), Peso seco de parte aérea (PSPA) e Peso seco de raiz (PSR).*

		Contrastes						
		C1	**C2**	**C3**	**C4**	**C5**	**C6**	**C7**
Coeficientes canônicos padronizados	**DC**	-0,47	0,01	0,30	0,18	0,59	-0,51	-1,05
	EST	0,18	-0,02	0,50	0,15	-0,27	0,50	0,20
	IPL	-0,50	0,73	-0,46	-0,27	0,35	0,06	0,06
	NLP	1,79	-1,00	-0,24	-0,04	-2,28	-0,67	0,42
	NGP	-1,74	0,91	0,13	1,23	3,04	1,39	-0,53
	PG	0,80	0,03	0,33	-0,66	-0,46	-0,58	0,69
	ANG	0,56	-0,33	0,15	0,30	-0,57	0,05	0,37
	CPV	-0,11	-0,01	0,69	0,14	-0,23	0,01	0,04
	CPHE	0,50	-0,68	0,32	0,68	-0,87	0,68	0,09
	CPHD	0,14	-0,13	0,14	0,14	-0,19	-0,15	-0,06
	PFPA	0,08	-0,39	0,61	-0,01	-0,18	-0,81	-1,44
	PFR	1,00	1,12	0,29	-0,80	0,93	0,85	1,39
	PSPA	-0,28	-0,51	0,22	0,30	-0,24	1,51	1,52
	PSR	-0,35	0,70	-1,35	-0,51	-0,23	-1,92	-0,89
		0,59*	0,61*	$0,81^{ns}$	$0,90^{ns}$	$0,73^{ns}$	$0,73^{ns}$	$0,72^{ns}$

C1: G1 *vs.* G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8; **C2:** G2 *vs.* G3, G4, G5, G6, G7, G8; **C3:** G3 *vs.* G4, G5, G6, G7, G8; **C4:** G4 *vs.* G5, G6, G7, G8. **C5:** G5 *vs.* G6, G7, G8. **C6:** G6 *vs.* G7, G8. **C7:** G7 *vs.* G8.
*Significativo a 0,05 de probabilidade de erro pelo teste de Lambda de Wilk's.
G1: Cultivares; G2: Genótipo Europeu; G3: Genótipo MG; G4: Genótipos PR; G5: Genótipos SC; G6: Genótipos região central do RS; G7: Genótipos região litorânea do RS; G8: Genótipos região sul do RS.