



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA
GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

FRANCISCA REIJANE GADELHA DE ALENCAR

**RECURSOS GENÉTICOS DE *VIGNA UNGUICULATA*: VARIABILIDADE
GENÉTICA E POTENCIAL DE USO NO MELHORAMENTO GENÉTICO**

FORTALEZA

2019

FRANCISCA REIJANE GADELHA DE ALENCAR

RECURSOS GENÉTICOS DE *VIGNA UNGUICULATA*: VARIABILIDADE GENÉTICA E
POTENCIAL DE USO NO MELHORAMENTO GENÉTICO

Monografia apresentada ao Curso de Agronomia do Centro de Ciências Agrárias, departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de Engenheira Agrônoma.
Orientadora: Profa. Dra. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini

FORTALEZA

2019

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca Universitária
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

A353r Alencar, Francisca Reijane Gadelha de.
Recursos genéticos de *Vigna Unguiculata* : variabilidade genética e potencial de uso no melhoramento genético / Francisca Reijane Gadelha de Alencar. – 2019.
47 f. : il. color.

Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Curso de Agronomia, Fortaleza, 2019.

Orientação: Profa. Dra. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini.

1. Feijão-caupi. 2. Diversidade genética. 3. Banco de germoplasma. I. Título.

CDD 630

FRANCISCA REIJANE GADELHA DE ALENCAR

RECURSOS GENÉTICOS DE *VIGNA UNGUICULATA*: VARIABILIDADE GENÉTICA E
POTENCIAL DE USO NO MELHORAMENTO GENÉTICO

Monografia apresentada ao Curso de Agronomia do Centro de Ciências Agrárias, departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de Engenheira Agrônoma.
Orientadora: Profa. Dra. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini.

Aprovada em: 21/11/2019.

BANCA EXAMINADORA

Profa. D. Sc. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini (Orientadora)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

D. Sc.. Ana Kelly Firmino da Silva
Universidade Federal do Ceará (UFC)

M. Sc. Charles Lobo Pinheiro
Doutorando do PPGAF da Universidade Federal do Ceará (UFC)

A Deus.

Aos meus pais, Renato e Ageni.

A toda minha família.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, que me ouviu nos momentos difíceis e me confortou, pela sabedoria e discernimento nas tomadas de decisões, por todos os momentos esteve me apoiando e protegendo de todos os males e não me deixou desistir.

Aos meus pais Renato e Ageni, meus irmãos Renan e Renata e meus sobrinhos Luiz Felipe e Caleb, por todas as alegrias, por acreditarem no meu sonho e me apoiarem, mesmo com tantas dificuldades enfrentadas.

A toda minha família, em especial minha tia Alzeni, meus padrinhos Socorro e Aguinor, meu avô Aguinaldo, minha avó Santa e meu afilhado Aguinaldo Neto, pela compreensão, ajuda e por todo o apoio nessa caminhada.

Às minhas amigas Beatriz e Isabelly que foram minha companhia diária. Isa chegou e ganhou um lugar especial, a pessoa que todo mundo deveria ter por perto, que esteve sempre disposta a me ouvir e dar os melhores conselhos. Bea, foi mais que amiga, foi irmã, me acompanhou do primeiro ao último passo dessa jornada, me suportou e me ouviu diariamente, foi e é fundamental na minha vida. Contem sempre comigo!

Ao meu time favorito, Beatriz, Isabelly, Thierry e Michel por estarem, sempre que possível, presentes em minha vida, por todos às risadas, aniversários, festas e encontros para desopilar e que serviram de apoio para conseguir enfrentar a jornada acadêmica.

A minha amiga e dupla de vida, Érica, por desde o início do curso ter sido minha dupla em tudo, pelo apoio em todas as disciplinas e por estar sempre disposta a me ajudar seja com o que for, sempre que precisar estarei aqui.

Aos amigos que fiz durante o curso, Laura, André, Lázaro, Lucas, Vitória, Ana Maria, João Vitor, Cléber, Janyce e Pedro, obrigada por terem compartilhado essa experiência comigo, vocês foram os melhores, vou levar para sempre comigo.

A Profa. Dra. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini, por ter acreditado no meu potencial, por todo apoio e pela excelente orientação, a senhora teve e tem um papel muito importante na minha formação. A banca examinadora Ana Kelly e Charles, obrigada por todo o ensinamento que vocês me passaram durante o período que passamos juntos.

A todos que fazem o Laboratório de Análises de Sementes da UFC, cada dia que passamos juntos foi engrandecedor.

À Universidade Federal do Ceará, por ter sido minha casa durante esse tempo e por ter dado todo o suporte necessário. A Pró Reitoria de Assuntos Estudantis e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico-CNPq pelo apoio financeiro com a manutenção das bolsas de auxílio que permitiram a minha permanência na Universidade.

“Todas as vitórias ocultam uma abdicação”.
(Simone de Beauvoir)

RESUMO

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma cultura rica em proteínas e outros nutrientes e por sua rusticidade representa alimento básico para as populações de baixa renda do Nordeste brasileiro. A cultura tem o seu sucesso fundamentado nos programas de melhoramento que visam a seleção de genótipos mais divergentes. Os estudos sobre divergência genética são de grande importância por fornecerem estimativas para a identificação de genitores de alto valor genético que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores. Diante do contexto, objetivou-se analisar a variabilidade e divergência genética de acessos de feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da UFC, por meio de caracteres morfoagronômicos, e de análises multivariadas. O experimento foi realizado na Universidade Federal do Ceará, utilizando-se como tratamentos 76 acessos do BAG da UFC. Os acessos foram semeados em fileiras de cinco metros com 0,5 m de distância entre plantas, totalizando 10 plantas por acesso. Para caracterização dos acessos utilizou-se 19 descritores, sendo estes convertidos em variáveis multicategóricas, obtendo-se assim as estimativas das distâncias genéticas entre os acessos. Caracteres relativos à fenologia e produção também foram avaliados. Com base na distribuição da frequência dos acessos nas diferentes classes fenotípicas de cada descritor, foi estimado o índice de Shannon e Weaver (H'). Após padronização das variáveis, as estimativas das distâncias genéticas e obtenção do dendrograma foram baseadas nos quadrados das distâncias euclidiana e no método aglomerativo de Ward. Outro dendrograma também foi obtido utilizando-se apenas os descritores selecionados com base no nível de entropia (H'). Com base no nível de entropia os descritores cor da flor, forma do folíolo central, posição da vagem, cor da vagem, cor do tegumento, brilho da semente, floração inicial, peso de 100 grãos e reação a doenças causadas por vírus podem ser utilizados para analisar a variabilidade genética entre acessos de feijão-caupi. Cruzamentos entre o 23 (CE-102) e o 1 (CE-07) ou o 5 (CE-030) são indicados, pois o CE-102 é o acesso mais precoce dentre os estudados, mas possui Número de Vagens por Planta e Produção por Planta baixos, o que seria complementado pelas características de alto NVP e P/PI dos acessos CE-07 e CE-30, além de os mesmos se encontrarem em grupos distintos no dendrograma, o que confirma a divergência genética entre os mesmos.

PALAVRAS CHAVES: Feijão-caupi. Diversidade genética. Banco de germoplasma.

ABSTRACT

Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] is a culture rich in protein and other nutrients and for its rusticity represents staple food for the low-income populations of northeastern Brazil. Culture has its success based on breeding programs aimed at selecting the most divergent genotypes. Genetic divergence studies are of great importance as they provide estimates for the identification of high genetic value parents who, when crossed, increase the chances of selecting superior genotypes. Given the context, the objective of this study was to analyze the variability and genetic divergence of cowpea accessions of the UFC Active Germplasm Bank (BAG), using morphoagronomic characters and multivariate analyzes. The experiment was carried out at the Federal University of Ceará, using as treatments 76 accessions of the UFC BAG. The accessions were sown in rows of five meters with 0.5 m distance between plants, totaling 10 plants per access. To characterize the accessions, 19 descriptors were used, which were converted into multi-categorical variables, thus obtaining estimates of the genetic distances between the accessions. Phenology and production traits were also evaluated. Based on the frequency distribution of the accessions in the different phenotypic classes of each descriptor, the Shannon and Weaver (H') index was estimated. After standardization of the variables, genetic distance estimates and dendrogram estimation were based on Euclidean distance squares and Ward's agglomerative method. Another dendrogram was also obtained using only the descriptors selected based on the entropy level (H'). Based on the entropy level, the descriptors flower color, central leaflet shape, pod position, pod color, seed coat color, seed brightness, initial flowering, 100 grain weight and reaction to virus diseases can be used. to analyze genetic variability among cowpea accessions. Crossings between 23 (CE-102) and 1 (CE-07) or 5 (CE-030) are indicated, as CE-102 is the earliest access among the studied, but has Number of Pods per Plant and Low Plant Production, which would be complemented by the high NVP and P / Pl characteristics of the CE-07 and CE-30 accessions, and they are in distinct groups in the dendrogram, which confirms the genetic divergence between them.

KEY WORDS: Cowpea. Genetical Diversity. Germplasm Bank.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	- Dendrograma gerado a partir da matriz de dissimilaridade genética entre 76 acessos de feijão-caupi	21
Figura 2	- Gráfico de dispersão obtida por meio dos componentes principais avaliados a partir dos 19 descritores em 76 acessos de feijão-caupi	22
Figura 3	- Dendrograma gerado a partir dos caracteres escolhidos com base no nível de entropia ($< 0,75$) e frequência (acima de 50%)	24
Figura 4	- Distribuição dos acessos com base no Número Médio de Dias da Emergência à Floração Plena (A), à Formação de Vagens (B), à maturação fisiológica (C), ao ponto de colheita (D), número de vagens (E) e produção por planta (F)	26

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	- Genótipos de Feijão-Caupi do Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Ceará	17
Tabela 2	- Descritores utilizados e numeração atribuída a cada classe dentro do descritor	31
Tabela 3	- Número de classes fenotípicas (NCF) e níveis de entropia de Renyi (H') para os descritores multicategóricos aplicados aos 76 acessos de feijão-caupi	34
Tabela 4	- Estatística descritiva dos caracteres quantitativos dos 76 acessos de feijão-caupi	38
Tabela 5	- Coeficientes de correlação de Pearson obtidos para os seis caracteres quantitativos avaliados considerando-se os 76 acessos de feijão-caupi estudados	40

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

BAG	Banco Ativo de Germoplasma
CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento
DNOCS	Departamento Nacional de Obras Contra as Secas
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IBPGR	International Board of Plant Genetic Resources
LSPA	Levantamento Sistemático da Produção Agrícola
MAPA	Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
SUDENE	Superintendência de Desenvolvimento do Nordeste

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	14
2	REVISÃO DE LITERATURA	16
2.1	Recursos Genéticos Vegetais	16
2.1.1	<i>Germoplasma de Feijão-caupi: importância e uso</i>	18
2.1.2	<i>Variabilidade genética em germoplasma de feijão-caupi</i>	21
2.2	Técnicas de análise da variabilidade genética em germoplasmas	23
2.2.1	<i>Análise da diversidade genética</i>	23
2.2.2	<i>Técnicas multivariadas</i>	25
2.2.3	<i>Análises multivariadas em germoplasmas de feijão-caupi</i>	27
3	MATERIAL E MÉTODOS	29
3.1	Localização do experimento	29
3.2	Material vegetal	29
3.3	Condução do experimento	30
3.4	Descritores avaliados	31
3.5	Análises genético-estatísticas	33
3.5.1	Variabilidade genética analisada por meio do índice de Shannon e Weaver (H')	33
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
5	CONCLUSÃO.....	42
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	43

1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma cultura de origem africana, que foi introduzida no Brasil, inicialmente no estado da Bahia, na segunda metade do século XVI pelos portugueses (FREIRE FILHO, 1988). Porém, Souza (1974) menciona que existem relatos de que em 1568 já havia a indicação da existência de muitos feijões no Brasil e que em 1587 um grande número de variedades de feijões e favas já era cultivada na Bahia.

O feijão-caupi, feijão-de-corda ou feijão-macassar é uma excelente fonte de proteínas (23% a 25% em média) e apresenta todos os aminoácidos essenciais, carboidratos (62% em média), vitaminas e minerais, além de grande quantidade de fibras dietéticas e baixa quantidade de gordura (teor de óleo de 2% em média) (ROCHA; JOSÉ; MENEZES JUNIOR, 2017).

Rocha, José e Menezes Junior (2017), revelam que por suas características como ciclo curto, baixa exigência hídrica, rusticidade para se desenvolver em solos de baixa fertilidade e, por sua habilidade em fixar nitrogênio do ar por meio da simbiose com bactérias do gênero *Rhizobium*, representa alimento básico para as populações de baixa renda do Nordeste brasileiro.

Sendo assim, o feijão-caupi representa uma das fontes alimentares mais importantes e estratégicas para as regiões tropicais e subtropicais do planeta, sendo que no Brasil a sua produção gera renda e emprego, principalmente, nas regiões Norte e Nordeste (FREIRE FILHO, 2011).

Freire Filho (2011) afirma que a produção de feijão-caupi nas regiões Nordeste e Norte é feita por empresários e agricultores familiares que ainda utilizam práticas tradicionais. Esse autor afirma ainda que a partir de 2006 na região Centro-Oeste, o feijão-caupi passou a ser cultivado em larga escala, onde a produção provém principalmente de médios e grandes empresários que praticam uma lavoura altamente tecnificada.

Segundo a CONAB, na temporada 2017/2018, a produção de feijão comum cores representou 59,9% do volume produzido; a de feijão preto, 14,7%; e a de caupi, 25,4%. A variedade caupi, cultivada nas regiões Norte e Nordeste e no Mato Grosso, concentra-se na 2ª safra, à exceção da produção da Bahia. A produção de feijão-caupi foi estimada em 841,3 mil t, sendo que quase 1/3 desta é produzida no Mato Grosso para fins de exportação (CONAB, 2018).

A cultura tem o seu sucesso fundamentado, principalmente, nos programas de melhoramento que têm como base estudos feitos para avaliar a divergência genética, visando

à seleção de genótipos mais divergentes, de maior potencial produtivo e adaptados às diversas condições edafoclimáticas, baseado sobretudo, nos recursos genéticos existente nos bancos de germoplasma (SANTOS *et al.*, 2014).

A avaliação da divergência genética é amplamente utilizada pelos melhoristas para selecionar genitores mais promissores, além de diminuir custos e tempo, pois proporciona o desenvolvimento de trabalho de cruzamentos mais objetivo e específico (NARDINO *et al.*, 2017), já que possibilita uma análise prévia das melhores combinações híbridas (PASSOS *et al.*, 2007). A seleção dos genótipos é realizada de acordo com características de interesse para os produtores, que são obtidas principalmente de materiais conservados *ex situ*, nos bancos de germoplasma.

O uso dos genótipos dos bancos de germoplasma está baseado, principalmente, na caracterização da coleção que permite o aproveitamento da diversidade genética existente, para o desenvolvimento de novos produtos e o avanço tecnológico. A caracterização é realizada com base em descritores qualitativos e quantitativos, sendo que os quantitativos relacionados ao ciclo e a produtividade são importantes alvo no desenvolvimento de novas cultivares, especialmente, para produção na entressafra (SOUSA, 2010).

Os estudos sobre divergência genética podem ser de grande importância por fornecerem estimativas para a identificação de genitores de alto valor genético que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Várias técnicas multivariadas podem ser aplicadas no estudo da divergência genética. Entre essas técnicas, as mais empregadas são: a análise por componentes principais, para dados sem repetições; a análise por variáveis canônicas, para dados com repetições; e os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (OLIVEIRA *et al.*, 2003).

Diante do contexto, objetivou-se analisar a divergência genética de 76 acessos de feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma da UFC, caracterizados com base em descritores morfológicos e agrônômicos. E, por meio de análises multivariadas, identificar os descritores que mais contribuem com a diversidade genética, assim como identificar genótipos superiores para uso em programas de melhoramento genético da espécie.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Recursos Genéticos Vegetais

O conceito de biodiversidade mais amplamente utilizado refere-se como a variedade e a variabilidade existente entre os organismos vivos e as complexidades ecológicas nas quais elas ocorrem. Ela pode ser entendida como uma associação de vários componentes hierárquicos: ecossistema, comunidade, espécies, populações e genes em uma área definida (PASA, 2008). O termo biodiversidade é usado não apenas em relação ao número de organismos existentes, mas também em relação a variedade de material genético existente em uma população.

O Brasil, por sua localização, abrange uma diversidade climática que vai desde os trópicos até as zonas semiáridas, o que lhe permite uma ampla gama de áreas biogeográficas. Por sua extensão territorial e pelos muitos biomas existentes levam a aparição de uma diversidade de fauna, flora e de micro-organismos. Dentre os países detentores da megabiodiversidade o Brasil está entre os principais, englobando cerca de 15 a 20% do total de espécies do planeta. Apresenta a mais diversa flora do mundo, número superior a 55 mil espécies descritas (22% do total mundial), bem como alguns dos ecossistemas mais ricos em número de espécies vegetais (BRASIL, [20--]).

Os recursos genéticos são definidos como a fração da biodiversidade que tem previsão de uso atual ou potencial. Assim, compreendem as variedades tradicionais, variedades melhoradas, linhas avançadas e espécies nativas. Os recursos genéticos são portadores de genes de grande significado para o melhoramento genético das respectivas espécies, embora estejam ameaçados de extinção por várias causas, dentre elas a ação antrópica. Por outro lado, para algumas espécies, a variabilidade genética existente nos genótipos cultivados é pequena (DE QUEIROZ, 1999).

Segundo Cruz, Ferreira e Pessoni (2011), os recursos genéticos são determinados por acessos, que representam a variabilidade genética organizada em um conjunto de materiais diferentes entre si, denominados germoplasma. Cada germoplasma deve estabelecer uma única cópia do material genético e ser representativo do organismo de interesse atual ou potencial. Sendo assim, o germoplasma é o elemento dos recursos genéticos que manipula a variabilidade genética inter e intraespecífica, para conservá-la e utilizá-la na pesquisa e programas de melhoramento genético.

Parte da diversidade dos recursos genéticos vegetais está sendo devastada rapidamente, sendo necessários esforços de pesquisas para a caracterização, conservação e utilização convencional e não tradicional e o melhoramento desses germoplasmas por meio do uso de tecnologias. Tais pesquisas devem ser utilizadas de maneira a evitar o declínio dos recursos genéticos, mantendo assim o potencial para suprir necessidades das populações futuras (GUERRA *et al.*, 1998).

Desde o início da década de 1970 há uma crescente conscientização mundial sobre a necessidade de preservação dos recursos genéticos, que são essenciais para o atendimento da demanda de variabilidade genética para os programas de melhoramento, principalmente aqueles voltados para a alimentação. No Brasil e em diversos países da Europa, por exemplo, esta necessidade é especialmente importante, uma vez que a maioria dos cultivos que compõem a base alimentar do país são de origem exótica (RAMOS *et al.*, 2010).

Desde 1974 o International Board of Plant Genetic Resources (IBPGR), hoje Bioversity International vem, a nível internacional, promovendo a conservação e o uso de recursos genéticos vegetais para o benefício das gerações presentes e futuras (INTERNATIONAL, 2019).

A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia tem atuado fortemente no intercâmbio de material vegetal, garantindo a continuidade dos programas de melhoramento genético, atualmente já conta com mais de 100.000 acessos de material vegetal (CARTA, [201-]). Pelo país se encontram vários Bancos Ativos de Germoplasma e coleções de trabalho de frutíferas, forrageiras, grãos, oleaginosas etc.

Atualmente, existe uma grande preocupação em avaliar a biodiversidade, isso ocorre em razão da grande perda de diversidade genética, ocasionada, principalmente por ação antrópica, substituindo variedades locais por variedades modernas, híbridos e até mesmo clones, o que leva à grandes extensões de áreas ocupadas por uma ou poucas variedades ou materiais de base genética estreita (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Os recursos genéticos são estudados em várias etapas bem definidas, a saber: coleta ou introdução, multiplicação, preservação/conservação, avaliação/caracterização e uso (HAWKES, 1982).

Apesar da grande quantidade de acessos de plantas existentes e conservadas/preservadas em todo o mundo, os mesmos não têm sido usados como era esperado (DE QUEIROZ, 1999). Um grande desafio é o incremento do uso do germoplasma conservado, apenas cerca de 4% dos genótipos armazenados vêm sendo utilizados mesmo ao nível mundial. Para isso há necessidade de priorizar a caracterização, avaliação, documentação e informação (VALOIS, 2009).

Brown (1989) assim como De Queiroz (1999) apresentam várias causas para o baixo uso dos recursos genéticos vegetais, por exemplo, a falta de informações sobre os acessos coletados, que é um fator restritivo ao uso, pois os acessos têm sido caracterizados numa escala muito limitada; os caracteres avaliados, que na maioria dos casos, são baseados em descritores que não atendem às necessidades do melhorista, etc.

2.1.1 Germoplasma de Feijão-caupi: importância e uso

Segundo Freire Filho *et al.* (2009), o feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é a leguminosa granífera, utilizada na alimentação humana, mais cultivada nas áreas semiáridas do Nordeste brasileiro. Por ser uma espécie rústica bem adaptada às condições de clima e solo da região e, ao mesmo tempo, possuir uma grande variabilidade genética, torna-se versátil, podendo ser usada em diferentes sistemas de produção, tradicionais ou modernos.

Nas demais regiões do País o feijão-caupi é conhecido e tratado como hortaliça para produção de grãos verdes e vagens, sendo também utilizado na produção de ramos e folhas para a alimentação de animais, consumido naturalmente como feno, utilizado como forragem verde, ensilagem, farinha para alimentação animal e, ainda, como adubação verde e proteção do solo (ANDRADE JÚNIOR, 2000; TEIXEIRA, 2007). No Nordeste a cultura recebe uma atenção diferenciada pois além de ser um importante alimento básico, consistindo em um dos principais componentes da dieta do nordestino, tem se constituído uma fonte de emprego e renda para os agricultores.

Segundo Freire Filho *et al.* (2009), o feijão-caupi, por ser possuidor de ampla variabilidade genética, ampla capacidade de adaptação, elevado potencial produtivo, grande capacidade de fixar nitrogênio atmosférico, por meio da simbiose com *Bradyrhizobium japonicum*, além do excelente valor nutritivo, é uma espécie de grande valor atual e estratégico.

Nascimento (2011) afirma que as primeiras introduções de germoplasma de feijão-caupi no Brasil foram por volta do século XVI, a partir disso, dada a variabilidade existente na espécie houve inúmeros e continuados eventos de introdução. Contudo, o mesmo afirma que as primeiras introduções com o objetivo de melhoramento só ocorreram por volta do ano 1920.

No Ceará as pesquisas com germoplasma de feijão-caupi, assim como coleta, caracterização e preservação de acessos iniciou em 1963 com o Professor José Braga Paiva, no Departamento de Fitotecnia da Escola de Agronomia, da Universidade Federal do Ceará (UFC) (PAIVA *et al.*, 2014).

A partir do ano de 1966 os trabalhos com feijão-caupi já tinham uma grande importância, sendo necessário o convênio entre universidade e instituições para manutenção do germoplasma. O primeiro convênio firmado foi com a Superintendência de Desenvolvimento do Nordeste (SUDENE) para a ampliação das pesquisas em 1966 (TEÓFILO *et al.*, 2013). Em 1975 um novo convênio firmado entre a SUDENE e a UFC deu continuidade aos trabalhos de pesquisa. Nos anos de 1985 e 1986, o Banco do Nordeste do Brasil S/A financiou as pesquisas, tendo como projeto “Criação e Difusão de Novos Cultivares de Feijão-de-Corda”. Nos anos de 1987 e 1988, o projeto recebeu recursos do convênio firmado entre a Fundação Cearense de Pesquisa e Cultura e a UFC com a interveniência do DNOCS (PAIVA *et al.*, 2014).

Como fruto desses investimentos e anos de pesquisas o Banco Ativo de Germoplasma Feijão-caupi da Universidade Federal do Ceará conta hoje com 1021 acessos, preservados e caracterizados que são disponibilizados para novos trabalhos de pesquisa e melhoramento genético da cultura. E, recentemente iniciou-se uma coleção variedades crioulas que hoje conta com 17 acessos preservados em condições ideais para a conservação destes materiais a longo prazo (SILVA *et al.*, 2018).

O trabalho de melhoramento genético e as pesquisas objetivando à obtenção de novas linhagens e variedades cultivadas são indispensáveis para o desenvolvimento dos chamados cultivares – plantas melhoradas geneticamente que se distinguem das demais por sua homogeneidade, estabilidade e novidade (FUKUDA, 2017).

De acordo com Nascimento (2011), a obtenção de variedades com a arquitetura moderna, ou seja, de porte ereto, que se adaptam à colheita mecânica e a sua incorporação aos arranjos produtivos da soja, arroz e milho foram de grande importância para a expansão

da cultura. Assim, além da ampliada distribuição geográfica, a cultura deixou de ser restrita à agricultura familiar, e se estendeu a grandes áreas de cultivo.

Comparado a outras culturas, o feijão-caupi tem o seu potencial genético pouco explorado, mostrando produtividades menores que 1 t.ha^{-1} . Entretanto, já foi obtida, em condições experimentais, produtividade de grãos secos em torno de $2,3 \text{ t.ha}^{-1}$ (ALVES, 2016; CARDOSO, MELO e ATHAYDE SOBRINHO, 2009) e até acima de 3 t.ha^{-1} (BEZERRA, 1997), a expectativa é que seu potencial genético ultrapasse a 6 t/ha (FREIRE FILHO et al., 2009).

Novos materiais comerciais lançados têm mostrado um potencial produtivo em torno de 1.000 kg.ha^{-1} em cultivo de sequeiro e de 1.700 kg.ha^{-1} em cultivo irrigado. Considerando-se a ampla base genética do feijão-caupi, espera-se ainda grandes avanços em produtividade, qualidade nutritiva, culinária e comercial (NASCIMENTO, 2011).

Segundo Matos Filho *et al.* (2009), as causas do baixo rendimento dessa cultura estão relacionadas a problemas edáficos; irregularidades das chuvas ou no suprimento inadequado de água no cultivo irrigado; fatores fitossanitários e ao uso de sistemas de produção de baixo nível tecnológico. Para Teófilo *et al.* (2003), o rendimento da cultura vem diminuindo progressivamente sendo ocasionado por inúmeros fatores, entre eles: utilização de cultivares de baixo potencial genético e cultivo em caráter extensivo como cultura secundária, associada a outras culturas, principalmente o milho, mandioca e algodão.

Dias (2009) afirma que para o início de um programa de melhoramento vegetal que atenda a problemática de produtividade, torna-se necessário o conhecimento do germoplasma existente; a compreensão das relações entre os caracteres envolvidos com a produtividade e a escolha de métodos de seleção eficientes, determinantes para o sucesso de qualquer programa de melhoramento genético.

A tendência atual é o incremento do uso de alta tecnologia na cultura, com a mecanização de todas as etapas do cultivo. Desse modo, além da produtividade e da qualidade, é imprescindível o melhoramento das características relacionadas à arquitetura da planta, com vistas à obtenção de plantas eretas que possibilitem a colheita mecanizada (DIAS, 2009).

Há ainda um interesse, a curto prazo, por parte dos melhoristas de desenvolver cultivares de porte semi-prostrado, adequadas à agricultura familiar, visto que é dessa parcela que predomina a maior parte da produção (FREIRE FILHO *et al.*, 2011).

Os recursos genéticos de feijão caupi são essenciais para o desenvolvimento, manutenção e a sustentabilidade desta cultura. O manejo desses recursos envolve ações para o aumento da disponibilidade da variabilidade genética: por meio de introduções de novos acessos (por expedições de coleta ou intercâmbio de germoplasma), caracterização botânica, avaliação agrônômica e a sua conservação a médio e longo prazo, para disponibilizar germoplasma de alta qualidade aos trabalhos de melhoramento da espécie (SILVA; NODA; FILHO, 2009).

2.1.2 Variabilidade genética em germoplasma de feijão-caupi

Segundo Freire Filho *et al.* (2011), o feijão caupi começou a ser introduzido no Brasil na segunda metade do século XVI, por volta do ano de 1550. Sendo assim as primeiras cultivares introduzidas têm em torno de 470 anos de cultivo.

Com a ocorrência de mutações, seleção natural, cruzamentos naturais e a seleção por parte dos produtores, selecionando os tipos de plantas e de grãos com base em suas necessidades, preferências visuais e culinárias, esse material detém uma grande variabilidade genética, tanto inter como intra populacional. Embora sendo exótico, reúne as chamadas cultivares locais ou crioulas e constitui o germoplasma básico de feijão-caupi do País (FREIRE FILHO *et al.*, 2011).

Quando comparado a outras culturas, o feijão-caupi é pouco melhorado, entretanto possui uma ampla variabilidade genética para praticamente todos os caracteres de interesses agrônômico (FREIRE FILHO *et al.*, 1981).

Segundo Fukuda (2017), a opção por estudar esse tipo de feijão fundamenta-se em sua elevada tolerância à oferta irregular e, muitas vezes, escassa de chuva, fator decisivo para a adaptação do cultivo em áreas de clima semiárido, além da elevada importância como fonte de nutrientes e da presença de alta variabilidade genética para diferentes características que podem ser melhoradas.

Ainda que houvesse a necessidade de se melhorar geneticamente várias características do feijão-caupi, no Nordeste o melhoramento vinha sendo feito, principalmente, visando a produtividade e a resistência a vírus (FREIRE FILHO *et al.*, 1986, 1991). Anos depois o melhoramento voltou-se para outros objetivos como melhorar a qualidade do grão e da adaptação a condições de cerrado (FREIRE FILHO *et al.*, 2001a, 2001b); aumentar a resistência tolerância a altas temperaturas e estresses hídricos; melhorar características nutritivas, de qualidade visual e culinária dos grãos, e desenvolver cultivares adaptadas a todas as regiões do Brasil (FREIRE FILHO *et al.*, 2011).

O feijão-caupi é uma cultura de grande variabilidade genética, inclusive para características dos grãos. A enorme variedade de cores, formas e tamanhos dos mesmos resulta em variedades que podem atender à diferentes mercados. Dessa forma, o melhorista deve estar sempre atento às necessidades do mercado, de maneira que o cultivar desenvolvido atinja grande proporção deste (ROCHA; SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017).

Freire Filho *et al.* (2009), afirma que embora não haja estudos que indiquem preferências de mercado, é possível identificar uma maior procura por grãos de cor marrom clara, ou grãos do tipo sempre-verde, ou ainda, grãos brancos, todos esses tipos com tamanho correspondente ao peso de 100 grãos em torno de 18g.

Verifica-se também preferências em relação aos caracteres arquitetura de planta e qualidade de grão, o primeiro, devido à necessidade de plantas mais eretas que possibilitem a mecanização da lavoura, principalmente a colheita, e o segundo, por exigência do mercado, que quer grãos com melhor aparência, com maior uniformidade de cor, tamanho e forma, de cocção rápida além de bom cheiro e sabor, e com bom aspecto após o cozimento (FREIRE FILHO *et al.*, 2009).

Em geral no Brasil, os programas de melhoramento de feijão-caupi buscam, basicamente, o aumento da produtividade e melhoria da qualidade visual, culinária e nutricional dos grãos; incremento da adaptabilidade e estabilidade; tolerância a estresses hídricos; arquitetura adequada ao cultivo mecânico e à agricultura familiar; incorporação de resistência horizontal a doenças e pragas; desenvolvimento de cultivares com grãos de cor verde persistente à secagem para enlatamento e congelamento; desenvolvimento de variedades com características para o processamento industrial, utilizados na produção de farinha e sopa pré-cozida (FREIRE FILHO *et al.*, 2005).

2.2. Técnicas de análise da variabilidade genética em germoplasmas

2.2.1 Análise da diversidade genética

De acordo com Costa *et al.* (2011), para que as variedades cultivadas sejam estabelecidas, é necessário que se tenha diversidade genética suficiente para permitir a seleção de indivíduos que possam ser utilizados em programas de melhoramento. Assim, o estudo dos componentes da variabilidade da espécie é essencial, especialmente para espécies nativas que são pouco estudadas, cuja extensão da diversidade ainda não é totalmente conhecida.

Rocha *et al.* (2003) relatam que parâmetros genéticos como herdabilidade, correlação entre caracteres e coeficiente de variação são extremamente importantes, permitindo descobrir a variabilidade genética, o nível de expressão do componente genético das variáveis e a existência de correlação entre eles.

Além dos parâmetros genéticos, citados anteriormente, é importante ter o conhecimento sobre a associação entre os principais componentes morfoagronômicos de uma planta, para que se compreenda a influência que um caráter exerce sobre a expressão de outros caracteres. No melhoramento genético de plantas, busca-se não somente a melhoria de um caráter específico, mas também, o aprimoramento de outras características da planta (CRUZ *et al.*, 2004).

Em programas de melhoramento, combinações de parentais geneticamente diferentes, possibilitam a obtenção de populações segregantes com ampla variabilidade genética, o que aumenta a probabilidade de recuperação de linhagens superiores para as características de interesse. Assim, as análises de divergência genética têm se constituído num importante instrumento, auxiliando os melhoristas na quantificação da variabilidade genética e na identificação das características com maior contribuição para a dissimilaridade estimada (CRUZ; REGAZZI, 1994).

A avaliação da diversidade genética entre os acessos de um BAG resulta em informações sobre potenciais genitores a serem utilizados em programas de melhoramento, possibilita a identificação de duplicatas e o intercâmbio de germoplasma entre pesquisadores (COSTA *et al.*, 2011).

Existem duas formas de se estudar a diversidade genética: a forma quantitativa e a forma preditiva. Entre as análises de natureza quantitativa, citam-se as análises dialélicas,

nas quais são necessários os cruzamentos entre os genitores e sua posterior avaliação. Já as de natureza preditiva se baseiam em diferenças morfológicas, de qualidade nutricional, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em alguma medida de dissimilaridade que possa expressar o grau de diversidade genética entre os genitores (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Netto, Oliveira e Andrade (2002) afirmam que a caracterização de acessos em bancos de germoplasma por meio da avaliação das variáveis morfológicas, fisiológicas e bioquímicas e moleculares é de grande importância para o melhorista na escolha das estratégias de cruzamentos e seleção em programas de melhoramento de plantas.

Segundo Diniz Filho (2000), na caracterização da diversidade genética das espécies vegetais, animais ou de microorganismos, os pesquisadores têm o interesse de agrupar genótipos similares, de maneira que as maiores diferenças ocorram entre os grupos que se formam.

Netto, Oliveira e Andrade (2002) citam que a forma mais adequada para a caracterização dos acessos é a utilização de técnicas de análise multivariada, que se apresenta como uma solução para agrupar e/ou descrever um grupo de indivíduos considerando todo o conjunto de descritores utilizados na caracterização.

Técnicas multivariadas, como análise discriminante, componentes principais, análise de coordenadas e de agrupamentos, podem ser aplicadas no estudo da diversidade genética. A adoção de uma das técnicas citadas, varia de acordo com o tipo de resultado que se busca e com as informações disponíveis, sejam morfológicas, fisiológicas, ecológicas ou genético-moleculares (DINIZ FILHO, 2000).

Cruz, Ferreira e Pessoni (2011), acrescentam ainda que alguns cuidados devem ser tomados, por exemplo, a padronização ou não das observações e a transformação dos dados. Outro ponto a ser mencionado diz respeito à maneira de amostragem dos dados, a mesma deve ser feita de maneira que as informações coletadas sejam representativas dos genótipos a serem analisados. Tomados esses cuidados pode-se diminuir o risco de extrapolações incorretas sobre relações de similaridade. Após ajustes iniciais o próximo passo é a escolha da medida de distância (dissimilaridade) a ser usada na formação da matriz de distância entre pares de indivíduos, para que, posteriormente, possam ser aplicados os métodos multivariados que são capazes de produzir uma estrutura de grupos.

2.2.2 Técnicas multivariadas

A análise multivariada refere-se a todos os métodos estatísticos que analisam simultaneamente múltiplas medidas em cada indivíduo ou objeto sob investigação. Qualquer análise simultânea de mais de duas variáveis pode ser, de certo modo, considerada como análise multivariada. Para que essa análise seja considerada verdadeiramente multivariada, todas as variáveis devem ser aleatórias e inter-relacionadas de tal forma que seus diferentes efeitos não podem ser interpretados de maneira significativa separadamente. Há ainda outros autores que afirmam que o propósito da análise multivariada é medir, explicar e prever o grau de relacionamento entre variates (combinação linear de variáveis). Assim, a característica multivariada baseia-se nas múltiplas combinações de variáveis (variates) e não somente sobre o número de variáveis ou observações (VIALE, 2019).

A análise multivariada fornece coeficientes de distância genética entre os genótipos. Assim, parte-se do princípio de que quanto maior a distância genética entre dois genótipos, maiores são as chances de combinações mais promissoras. Linhagens que possuem grande número de alelos em comum para um determinado caráter, são consideradas como similares, e inadequadas para produzir cruzamentos superiores. Contrariamente, linhagens divergentes com diferenças na frequência dos locos considerados, podem ser apropriadas para cruzamentos (CHIORATO, 2004).

Johnson & Wichern (1992) listam os seguintes objetivos dos métodos de análises multivariadas: i) redução do volume de dados, representando-os de forma mais simples possível para melhor interpretação e sem o sacrifício de informações valiosas; ii) agrupamento e classificação; iii) investigação da interdependência entre variáveis (natureza e grau de relacionamento entre variáveis, ou predição dos valores de uma ou mais variáveis com base em observações feitas sobre outras); e iv) construção de hipóteses e testes estatísticos a respeito de parâmetros de populações multivariadas.

Segundo Cruz (1990), para a identificação de materiais genéticos superiores, numa população, os melhoristas necessitam avaliar vários caracteres de natureza agronômica, morfológica, fisiológica, comercial etc. A seleção com base em um ou poucos caracteres acaba resultando em materiais com desempenho não tão favorável para caracteres não considerados. Isto pode levar à rejeição precoce do material por parte de agricultores, consumidores, indústrias etc.

Assim Duarte (1997), afirma que, para aumentar a probabilidade de êxito, num programa de melhoramento genético, deve-se combinar grande número de caracteres, com análise estatística eficiente em extrair as informações principais contidas numa grande massa de dados.

Existem dois tipos básicos de dados: qualitativos (não-métricos) e quantitativos (métricos). Os dados qualitativos são atributos, características ou categorias que identificam e descrevem um conteúdo ou objeto. Eles descrevem a diferença entre tipos e elementos indicando a presença ou ausência de uma característica ou propriedade. Muitas propriedades são discretas no sentido de que se algo tem uma determinada característica então todas as outras estão excluídas. Em contraste, dados quantitativos ou escalas métricas são feitas de modo que os conteúdos podem ser identificados como diferindo em quantidade ou grau. Variáveis medidas metricamente refletem quantidades relativas de grau ou distância. Onde se puder fazer medidas de quantidade ou magnitude, tal como o nível de produtividade por área, medidas métricas são apropriadas (VIALI, 2019).

Kendall (1980), citado por Cruz (1987), reitera que a análise multivariada compreende várias técnicas que se distinguem em:

a) Técnicas de Avaliação da Interdependência: estuda as relações de um conjunto de variáveis entre si. Como exemplos: “Cluster Analysis” ou Análise de Agrupamento; Componentes Principais; Correlações Canônicas; Análise Fatorial e Escala.

b) Técnicas de Avaliação da Dependência: estuda a dependência de uma ou mais variáveis em relação às outras. Como exemplos: Regressão; Relação Funcional; Múltipla Contingência e Análise Discriminante.

Já para Mingoti (2005), a estatística multivariada pode ser dividida em: técnicas exploratórias, onde estão incluídas a análise de componentes principais, correlações canônicas, métodos de agrupamento e análise de discriminante; e técnicas de inferência estatística, dentre estas estão incluídas a análise de variância multivariada e a análise de regressão múltipla.

Duarte (1997) afirma que as técnicas de maior utilização compreendem um conjunto de métodos estatísticos exploratórios, cujos objetivos centram-se, especialmente, no estudo da diferenciação entre objetos ou indivíduos e no do relacionamento entre

variáveis. Essa abordagem caracteriza as técnicas indivíduo-dirigidas e variável dirigidas, respectivamente.

Embora a aplicação em larga escala das análises multivariadas seja relativamente recente, as principais técnicas de análise foram propostas há bastante tempo. A análise de componentes principais, que se constitui num procedimento básico do qual deriva vários outros métodos multivariados, foi concebida por Karl Pearson, em 1901 (SOUSA, 1988).

Segundo Sousa (1988), na realidade, todo esse desenvolvimento teórico somente alcançou popularidade com o avanço da informática. Isso porque os métodos multivariados, exigem operações algébricas com matrizes, difíceis de serem implementadas manualmente para grandes volumes de dados, próprios de pesquisas aplicadas. Atualmente, diante dos recursos computacionais disponíveis, esse entrave já não mais existe.

As técnicas multivariadas já são utilizadas de diversas formas no melhoramento de plantas, porém Reis (1997) afirma que o importante na estatística multivariada não está nos cálculos, pois os mesmos já são de fácil execução em programas computacionais, e sim em escolher o método adequado ao tipo de dado e interpretar os resultados de maneira a retirar as conclusões mais corretas.

2.2.3 Análises multivariadas em germoplasmas de feijão-caupi

Bertini *et al.* (2009) afirmam que o melhoramento de espécies autógamas, como o feijão-caupi, baseia-se, principalmente, na seleção de parentais seguida de hibridação para formação de uma população base e avanço de geração, com seleção simultânea para mais de uma característica (rendimento, porte, resistência a pragas e doenças e qualidade do grão). Sendo assim, os estudos sobre divergência genética podem ser de grande importância pois fornecem estimativas para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Vários trabalhos para avaliar a divergência genética entre acessos de feijão-caupi, utilizando análises multivariadas, já foram realizados, seja através de avaliações morfoagronômicas (BERTINI; TEÓFILO; DIAS, 2009; BERTINI *et al.*, 2010) ou marcadores moleculares (DIAS, 2009; XAVIER, 2005).

Quanto mais divergentes forem os parentais, maior a variabilidade resultante na população segregante, e maior a probabilidade de reagrupar os alelos em novas combinações favoráveis (BARBIERI *et al.*, 2005).

Bertini, Teófilo e Dias (2009), Pires *et al.* (2012), Santos *et al.* (2014) e Gomes *et al.* (2016) realizaram trabalhos para caracterizar a variabilidade genética de caracteres e quantificar a divergência genética entre acessos de feijão-caupi por meio de análise multivariada, visando à seleção de parentais superiores. Os acessos estudados apresentaram elevada variabilidade genética para a maioria dos caracteres avaliados.

Bertini, Teófilo e Dias (2009) indicaram cruzamentos entre os acessos CE-246 e CE-93, CE-246 e CE-785, CE-246 e CE-873 podendo estes resultarem em novas combinações gênicas. Santos *et al.* (2014) indicaram cruzamentos entre a linhagem Pingo-de-ouro-2 com as cultivares BRS 17-Gurgueia e BRS-Paraguassu para obtenção de híbridos com maior efeito heterótico.

No trabalho de Gomes *et al.* (2016) a maior divergência foi verificada entre a cultivar BRS Tumucumaque e a linhagem MNC04-762F-3, enquanto a linhagem MNC04-792F-143 e a cultivar BRS Tumucumaque apresentaram maior similaridade.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Localização do experimento

O experimento foi conduzido a campo na área experimental do Banco Ativo de Germoplasma de feijão-caupi (BAG-caupi), situada no Campus do Pici - UFC, Fortaleza, Ceará-Brasil nas coordenadas geográficas com latitude 03° 44'S e longitude 38° 34'W. O clima é tropical e a classificação do clima é Aw de acordo com a metodologia de Köppen e Geiger. A temperatura média anual em Fortaleza foi 26,3±1,7°C e pluviosidade média anual de 1.448 mm.

3.2 Material vegetal

Foram multiplicados e caracterizados 76 acessos de feijão-caupi provenientes do BAG-caupi (tabela 1), as sementes haviam sido obtidas na safra de 2011 e estavam acondicionadas e conservadas em câmara fria sob temperatura e umidade controladas. O cultivo foi feito sob regime irrigado, no período de agosto a novembro de 2018.

Tabela 1. Genótipos de feijão-caupi do Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Ceará

N°	Registro	Nome do acesso	N°	Registro	Nome do acesso
1	CE-07	Das Almas	39	CE-148	TVu 1248
2	CE-14	Potomac	40	CE-156	TVu 1593
3	CE-27	Quem-Quem	41	CE-160	TVu 1976
4	CE-28	Cacheado	42	CE-161	TVu 1977
5	CE-30	Galanção	43	CE-162	TVu 1981
6	CE-32	Pitombeira	44	CE-171	TVu 4279
7	CE-33	José do Santo	45	CE-175	TVu 4369
8	CE-44	Novato	46	CE-181	Caupi Branco
9	CE-46	Milagroso	47	CE-190	Costa Rica V-11
10	CE-48	Selecionado de CE-42	48	CE-191	Costa Rica V-12
11	CE-51	Selecionado de CE-13	49	CE-192	Costa Rica V-15
12	CE-52	CE-52	50	CE-194	Costa Rica V-39
13	CE-53	Selecionado de CE-13	51	CE-196	Costa Rica V-43
14	CE-54	Selecionado de CE-13	52	CE-226	Guerrero-109
15	CE-58	IR-58.71	53	CE-229	Chiapas-277
16	CE-62	Selecionado de CE-1	54	CE-230	Progresso-66 (grená)

17	CE-69	Selecionado de CE-1	55	CE-243	Malhado Preto
18	CE-74	Praiano	56	CE-252	TVu 179-P1
19	CE-83	Azulão-2	57	CE-262	TVu 381
20	CE-90	Ferrugem	58	CE-465	TVu 2934
21	CE-91	TVu 966	59	CE-578	CE-578
22	CE-101	Hagreen-66	60	CE-599	Selecionado de CE-394
23	CE-102	7907-Purple Hull	61	CE-646	BR3-Tracateua
24	CE-105	Clay-23	62	CE-656	CNCx 188-13-1E/P
25	CE-106	Australia-67	63	CE-726	CNCx 658-26E
26	CE-108	Mississippi Silver-24	64	CE-895	CNCx 333-33E
27	CE-117	Iron K-892-C15-63	65	CE-899	CNCx 333-38 E
28	CE-119	Selecionado de CE-31	66	CE-924	Epace 11-Jaguaribe
29	CE-124	Selecionado de CE-92	67	CE-931	Selecionado de CE-10
30	CE-131	TVu 106	68	CE-935	BRS Gurgueia
31	CE-133	TVu 756	69	CE-936	Canapuzinho
32	CE-135	TVu 793	70	CE-938	BRS Paraguaçu
33	CE-136	TVu 1015	71	CE-959	BRS Potiguar
34	CE-137	TVu 1204	72	CE-960	TVu 379
35	CE-139	TVu 1233	73	CE-962	-
36	CE-140	TVu 1240	74	CE-967	TVu 382
37	CE-141	Selecionado de CE-134	75	CE-970	-
38	CE-143	Selecionado de CE-48	76	CE-971	-

3.3 Condução do experimento

Os acessos foram semeados em linhas de 5 m de comprimento com espaçamento de 2 m entre fileiras e 0,5 m entre plantas, totalizando 10 plantas por acesso. No momento do semeio foi realizado adubação com NPK de acordo com as recomendações da cultura e ao longo de todo o ciclo foram realizadas capinas e controle de pragas.

Cerca de quinze dias após o semeio foi realizado o desbaste, deixando uma planta por cova e, também, o transplantio para as covas onde as sementes não germinaram, procurando-se sempre manter dez plantas em cada fileira por parcela.

Durante todo o ciclo houve o controle de plantas daninhas por meio de capina manual, com uso de enxadas. O controle fitossanitário foi realizado com a utilização de defensivos agrícolas.

3.4 Descritores avaliados

Ao longo do desenvolvimento da cultura foram tomadas as anotações de acordo com os descritores recomendados pelo International Board for Plant Genetic Resources IBPGR/IPGRI. Os caracteres qualitativos usados, em um total de 14, foram os referentes à morfologia da planta, tais como:

Tabela 2. Descritores utilizados e numeração atribuída a cada classe dentro do descritor

1 Pigmento na plântula	8 Cor da vagem	
1 Ausência	1 Amarela	
2 Presença	2 Rosa	
	3 Rajada	
	4 Roxa	
2 Cor da flor	9 Forma da vagem	
1 Violeta clara	1 Reta cilíndrica	
2 Violeta	2 Curva cilíndrica	
3 Branca	3 Reta achatada	
	4 Curva achatada	
3 Tipo de inflorescência	10 Cor do grão	
1 Simples	1 Marrom	9 Branca roxa
2 Composta	2 Branca	10 Vinagre
	3 Preta	11 Branca preta
	4 Creme	12 Rajada marrom
	5 Mosq. Roxo	13 Branca halo marrom
	6 Mosq. Marrom	14 Branca mosq. marrom
	7 Branca marrom	15 Roxa
	8 Branca halo mosq. marrom	
4 Hábito de crescimento	11 Forma do grão	
1 Indeterminado	1 Ovoide	
2 Determinado	2 Rômbica	
	3 Reniforme	
5 Forma do folíolo central	12 Brilho da semente	
1 Lanceolado	1 Intermediário	
2 Hastiforme	2 Brilhosa	
3 Rômbica	3 Opaca	
4 Ovoide		
6 Porte da planta	13 Textura da semente	
1 Semiprostrado	1 Lisa	
2 Semiereto	2 Rugosa	
3 Ereto		
4 Prostrado		
7 Posição das vagens	14 Resistência a doenças causadas por vírus	
1 Nível da folhagem	0 Ausência de sintomas	
2 Acima e no nível da folhagem	1 25% com sintomas	
3 Acima da folhagem	2 50% com sintomas	
	3 75% com sintomas	
	4 100% com sintomas	

A numeração foi atribuída de acordo com a frequência que a característica apareceu nas avaliações, por exemplo: a cor da flor violeta clara recebeu o número 1 pois foi a mais frequente, ou seja, foi a que mais apareceu nos 76 genótipos estudados. Para os demais caracteres usou-se a mesma lógica para atribuir a numeração às classes.

Os caracteres quantitativos usados, em um total de cinco, foram aqueles referentes aos aspectos agronômicos da cultura, sendo utilizados cinco descritores para avaliação: Floração Inicial-FI, Comprimento da Vagem-CV, Número de Grãos por Vagem-NGV, Peso de 100 Grãos-P100G e Ciclo. Os caracteres citados acima, qualitativos e quantitativos, foram convertidos em variáveis multicategóricas.

Foram feitas ainda observações como: Número médio de dias da emergência à floração plena- NMDEFP; Número médio de dias da emergência à formação de vagem- NMDEFV; Número médio de dias da emergência à maturação fisiológica- NMDEMF; Número médio de dias da emergência ao ponto de colheita-NMDEPC; Número de vagens por planta- NVP; e Produção por planta- P/Pl.

3.5 Análises genético-estatísticas

3.5.1 Variabilidade genética analisada por meio do índice de Shannon e Weaver (H')

Com base na distribuição da frequência dos acessos nas diferentes classes fenotípicas de cada descritor, foi estimado o índice de Shannon e Weaver (H'), segundo Moreira (1994), de acordo com a fórmula demonstrada abaixo. Esse índice também pode ser considerado um método para medir o nível de entropia dos caracteres, segundo Renyi (1961). O cálculo do índice de Shannon e Weaver foi realizado em planilha Excel.

$$H' = \frac{\left[N \ln(N) - \sum_{i=1}^S n_i \ln(n_i) \right]}{N}$$

Em que:

H' = Índice de Shannon-Weaver

ni=Número de indivíduos amostrados da i-ésima espécie.

N=número total de indivíduos amostrados.

S=número total de espécies amostradas.

ln=logaritmo de base neperiana.

3.5.2 Análises de agrupamento

As distâncias genéticas entre os 76 acessos de feijão-caupi foram avaliadas com base nas variáveis multicategóricas obtidas a partir dos 14 caracteres qualitativos e 5 quantitativos. Após padronização das variáveis, as estimativas das distâncias genéticas foram baseadas na análise de componentes principais, nos quadrados das distâncias euclidiana e no método aglomerativo de Ward e, assim foi construído um primeiro dendrograma.

Outro dendrograma também foi obtido utilizando-se apenas os descritores selecionados com base no nível de entropia, onde os descritores com valores baixos de H' ($< 0,75$) associados a valores de frequência acima de 50% em uma determinada classe foram descartados. Baixos valores para entropia estão associados a uma menor quantidade da categoria fenotípica para o descritor aplicado e a uma maior instabilidade na proporção entre frequência dos acessos nas diferentes categorias fenotípicas (OLIVEIRA, 2011). O cálculo das distâncias e análises de agrupamento foi realizado por meio do programa Minitab versão 18.1.

Os resultados obtidos para caracteres fenológicos e de produção foram analisados por meio de estatística descritiva e do teste de correlação de Pearson, ambos também foram realizados por meio do programa Minitab versão 18.1.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Valores de entropia ($H < 0,75$) associados à frequência acima de 50% foram observados para oito descritores: pigmento na plântula, tipo de inflorescência, hábito de crescimento, forma da vagem, forma do grão, textura do grão, número de grãos por vagem e ciclo, sendo estes os descritores sugeridos para descarte. Desta forma a redução no número de descritores qualitativos foi de 42,1 % (Tabela 3).

Tabela 3. Número de classes fenotípicas (NCF) e níveis de entropia de Renyi (H') para os descritores multicategóricos aplicados aos 76 acessos de feijão-caupi.

Descritores	NCF	H'	Descritores	NCF	H'
Pigmento na plântula	2	0,18	Forma do Grão	4	0,63
Cor da Flor	3	0,97	Brilho da Semente	3	0,92
Tipo de Inflorescência	2	0,10	Textura do Grão	2	0,74
Hábito de crescimento	2	0,36	Floração Inicial	5	2,79
Forma do Folíolo Central	5	0,76	Comprimento de Vagem	5	0,70
Porte da Planta	4	0,73	Número de Grãos por Vagem	3	0,72
Posição da vagem	3	0,81	Peso de 100 Grãos	5	0,83
Cor da Vagem	4	0,93	Ciclo	5	0,57
Forma da Vagem	4	0,60	Reação a Doenças causadas por vírus	5	0,92
Cor do grão	15	0,78			

No estudo de seleção de descritores morfoagronômicos em bananeira por meio de procedimentos uni e multivariados, utilizando o coeficiente de entropia para o descarte dos dados qualitativos, foram sugeridas para descarte 37 dos 65 descritores avaliados, sendo descartados 57% do número de descritores qualitativos (BRANDÃO, 2011).

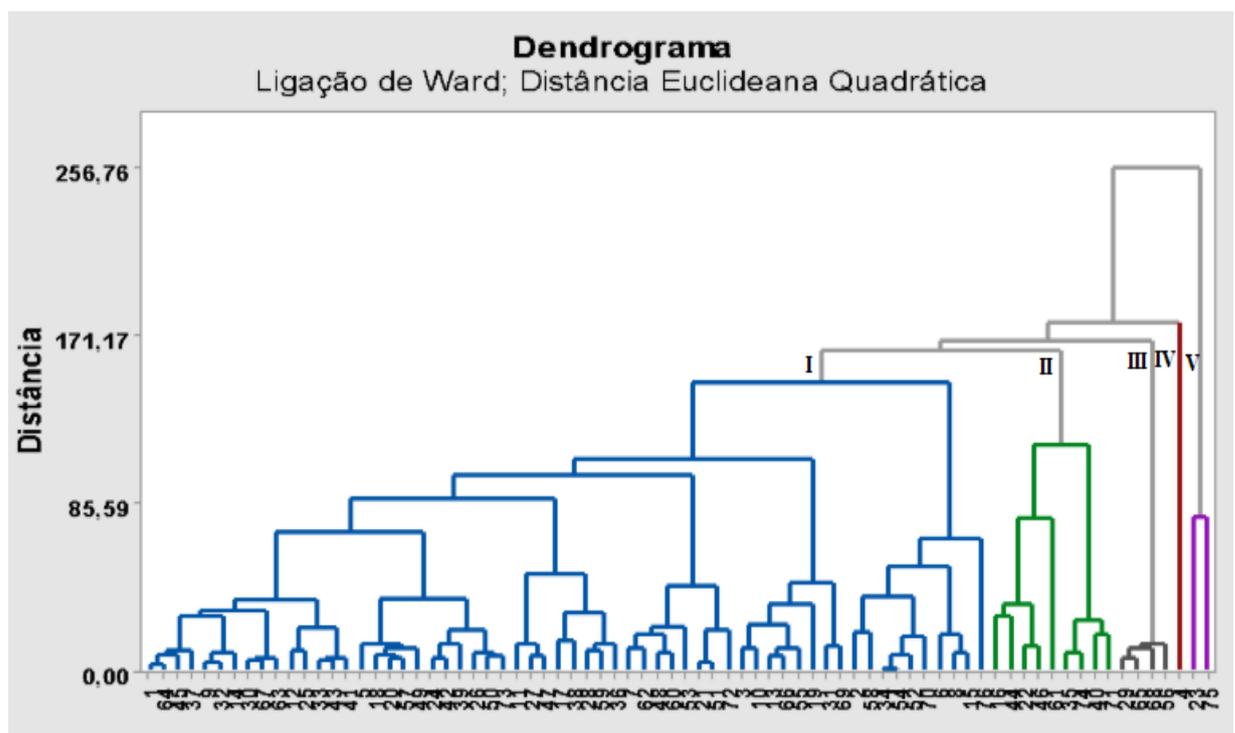
Dos descritores avaliados nesse trabalho, os que apresentaram menores valores de entropia foram: tipo de inflorescência e pigmento na plântula, com nível de entropia de 0,10 e 0,18, respectivamente, implicando em baixa variabilidade entre esses caracteres, podendo ser considerados como descritores que menos influenciam na diferenciação entre os acessos de feijão-caupi avaliados nesse trabalho.

O descritor tipo de inflorescência embora tenha sido indicado para descarte é um importante descritor para potencial uso na seleção genótipos para o melhoramento visando o aumento da produtividade.

Floração inicial foi o descritor que apresentou o mais elevado nível de entropia (2,79), entretanto, descritores como: cor da flor (0,97), cor da vagem (0,93), brilho da semente (0,92) e reação a doenças (0,92) também apresentaram valores elevados e distribuição de frequências bem distribuídas entre as classes observadas, indicando alta variabilidade entre esses caracteres, sendo assim considerados bons descritores na diferenciação entre os acessos avaliados.

Os dendrogramas construídos com base na análise de agrupamento dos genótipos podem ser observados nas figuras 1 e 2. O primeiro dendrograma foi elaborado considerando-se todos os caracteres avaliados, nele observa-se a formação de cinco grupos. Sendo importante salientar que os genótipos classificados são homogêneos dentro do grupo, mas heterogêneos entre os grupos.

Figura 1. Dendrograma gerado a partir da matriz de dissimilaridade genética entre 76 acessos de feijão-caupi.



O grupo I é composto por 60 dos 76 acessos, sendo formados por genótipos que apresentam as características mais frequentes. O grupo II é composto por nove acessos, sendo explicado por conter acessos que possuem comprimento de vagem pequena a média, peso de 100 grãos que os classifica como pequenos e médios e ciclo precoce a médio com floração iniciando a partir dos 31 e 41 dias, respectivamente.

O grupo III contém os acessos que apresentam hábito de crescimento determinado e porte da planta ereto, sendo importantes características para o melhoramento visando a obtenção de cultivares adaptados à mecanização.

O grupo IV é composto por apenas um acesso, o mesmo se diferencia dos demais por ser o único que apresenta tipo de inflorescência composta. Com base no nível de entropia o descritor tipo de inflorescência seria descartado por apresentar um valor baixo, porém para o melhoramento visando o aumento da produtividade é um descritor importante para potencial uso na seleção de genitores.

O grupo V é composto por apenas dois acessos e se caracteriza por apresentar os acessos que se diferenciam dos demais por serem os únicos que apresentam pigmentação de antocianina na fase de plântula.

Os genótipos que mais se distanciaram foram o 1(CE-07 - Das Almas) e o 75(CE-970) com um nível de distância de 256,757, sendo assim considerados os mais divergentes entre os genótipos estudados.

O segundo dendrograma foi elaborado considerando-se apenas os descritores que apresentaram valores elevados de entropia. Os descritores com valores baixos de H' ($< 0,75$) associados a valores de frequência acima de 50% em uma determinada classe foram descartados, nele observa-se uma nova organização dos acessos (Figura 3).

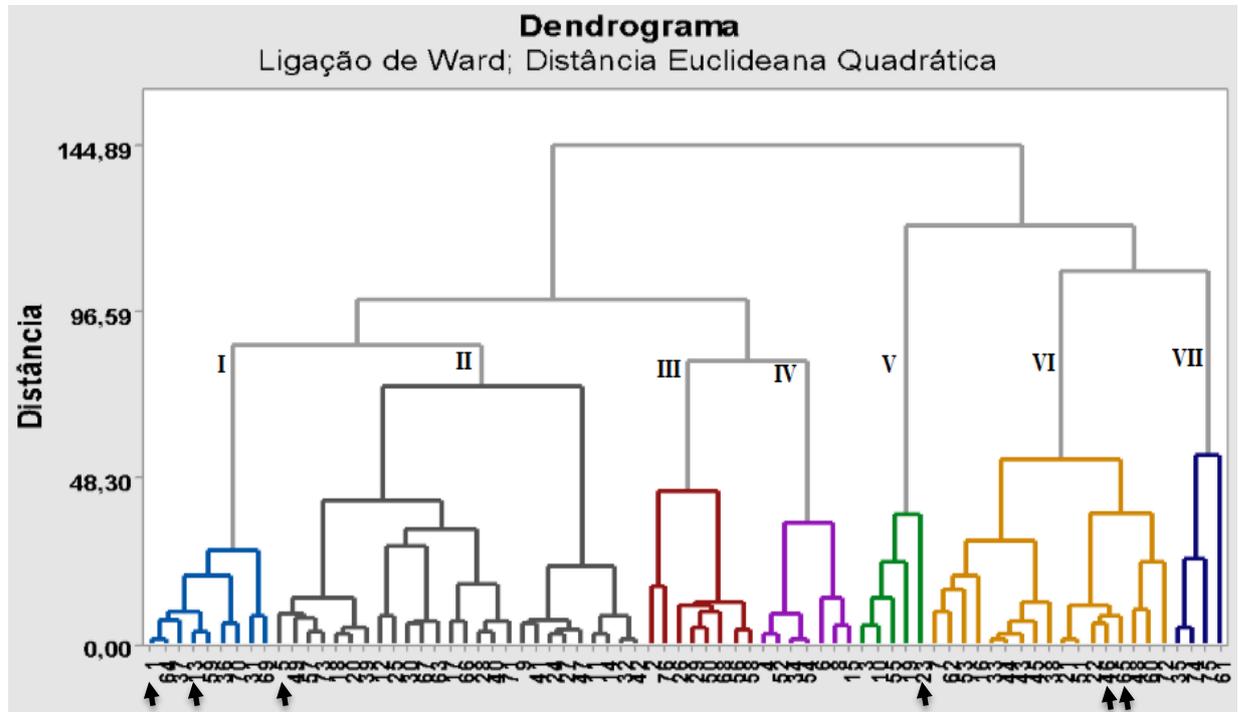
O agrupamento I é composto por 9 genótipos, os quais apresentam a combinação de vagens distribuídas somente no nível da folhagem ou no nível da folhagem e acima desta, brilho da semente intermediário e P100G que os caracteriza como pequenos e médios.

No grupo II estão agrupados 26 acessos, com vagens somente no nível da folhagem ou tanto no nível da folhagem como acima desta e floração inicial precoce, de 31 a 40 dias, ou média, de 41 a 50 dias. O grupo III possui 8 genótipos cujas plantas possuem porte que varia de ereto, semiereto ou prostrado e cor da flor violeta ou violeta claro.

No agrupamento IV a combinação é de genótipos considerados tardios com floração inicial compreendida entre 51 e 60 dias, e cor do grão marrom, creme ou branco, o grupo é constituído por 7 acessos. O grupo V agrupa 5 acessos, os quais possuem vagens de cor roxa ou rajada e forma do folíolo central hastiforme ou lanceolada.

No grupo VI encontram-se 17 genótipos cujas características que explicam o agrupamento é a combinação de sementes opacas ou brilhosas com floração inicial classificando-os em precoces ou médios. O grupo VII é formado por 4 genótipos que possuem a flor de cor branca, peso de 100 grãos que os classifica como extra pequenos, grandes ou extragrandes e comprimento de vagens pequena, médio-pequena ou extragrande.

Figura 2. Dendrograma gerado a partir dos caracteres escolhidos com base no nível de entropia ($< 0,75$) e frequência (acima de 50%).



Assim, o segundo dendrograma passou a agrupar os genótipos de acordo com caracteres que interessam mais aos produtores como: porte da planta; floração inicial; posição das vagens; e características do grão como brilho, cor e peso, sendo importantes descritores para realizar-se a seleção de acessos que são mais interessantes para serem utilizados em programas de melhoramento.

A partir dos dados quantitativos realizou-se uma estatística descritiva onde foram obtidas informações sobre os valores mínimos, máximos, média, desvio-padrão, variância e coeficiente de variação (%) dos 76 acessos avaliados (Tabela 3).

A floração plena (NMDEFP) dos 76 acessos apresentou uma grande variabilidade, com acessos que iniciaram a floração aos 33 dias após a emergência e outros que iniciaram apenas aos 58 dias, a média de dias para a floração plena ficou em 44 dias. A precocidade no florescimento é mais indicada para a produção, pois tendem a reduzir o tempo da cultura em campo. Variedades com florescimento precoce a média têm a vantagem de reduzir o ciclo da cultura, dando chance ao agricultor ter mais ciclos durante o ano (MACHADO et al. 2008).

A formação de vagens (NMDEFV) apresentou uma variância de 33,77, esta ocorrência está distribuída dentro do intervalo de 35 a 70 dias, com média aos 47 dias. Após

40 dias da emergência foi observado o início do processo de maturação das vagens (NMDEMF) para alguns genótipos, sendo estes considerados precoces, aos 76 dias a maturação dos mais tardios, a média para maturação fisiológica foi de 55 dias.

Além disso, ocorreu variação entre os acessos em relação ao ponto de colheita (NMDEPC), em que os mais precoces iniciaram aos 51 dias e os mais tardios aos 82 dias, a média ficou em torno de 61 dias. Bertini; Teófilo e Dias (2009), obtiveram uma média de 67 dias, porém, com uma variação menor entre os acessos, variando de 62 a 76 dias

Tabela 4. Estatística descritiva dos caracteres quantitativos dos 76 acessos de feijão-caupi.

Caracteres*	Mínimo	Máximo	Média	Desv. Pad.	Variância	CV%
NMDEFP	33,00	58,00	44,83	4,686	21,957	10,45
NMDEFV	35,00	70,00	47,96	5,811	33,772	12,12
NMDEMF	40,00	76,00	55,68	6,648	44,192	11,94
NMDEPC	51,00	82,00	61,91	5,690	32,378	9,19
NVP	2,57	53,13	22,90	11,97	143,27	52,27
P/PL (g)	5,50	139,38	54,52	32,41	1050,29	59,44

*NMDEFP- Número médio de dias da emergência à floração plena; NMDEFV- Número médio de dias da emergência à formação de vagens; NMDEMF- Número médio de dias da emergência à maturação fisiológica; NMDEPC- Número médio de dias da emergência à maturação ponto de colheita; NVP- Número de vagens por planta; P/PL (g)- produção por planta em gramas.

A variabilidade dos descritores NMDEFP, NMDEFV, NMDEMF e NMDEPC, pode ser observada por meio da variância e do coeficiente de variação (CV%) identificando-se para este último parâmetro valores entre 9,19 a 12,12%, que são menores que os CV% dos descritores número de vagens (NVP) e produção por planta (P/PL), que apresentam respectivamente 52,27 e 59,44%. Oliveira et al. (2015), também obtiveram resultados semelhantes ao avaliar a variabilidade de distintos caracteres de 9 cultivares de *V. unguiculata*, coletados na microrregião Cruzeiro do Sul, Acre, Brasil, sendo a variável número de vagens por planta um dos descritores de maior variabilidade, com CV% de 23,35.

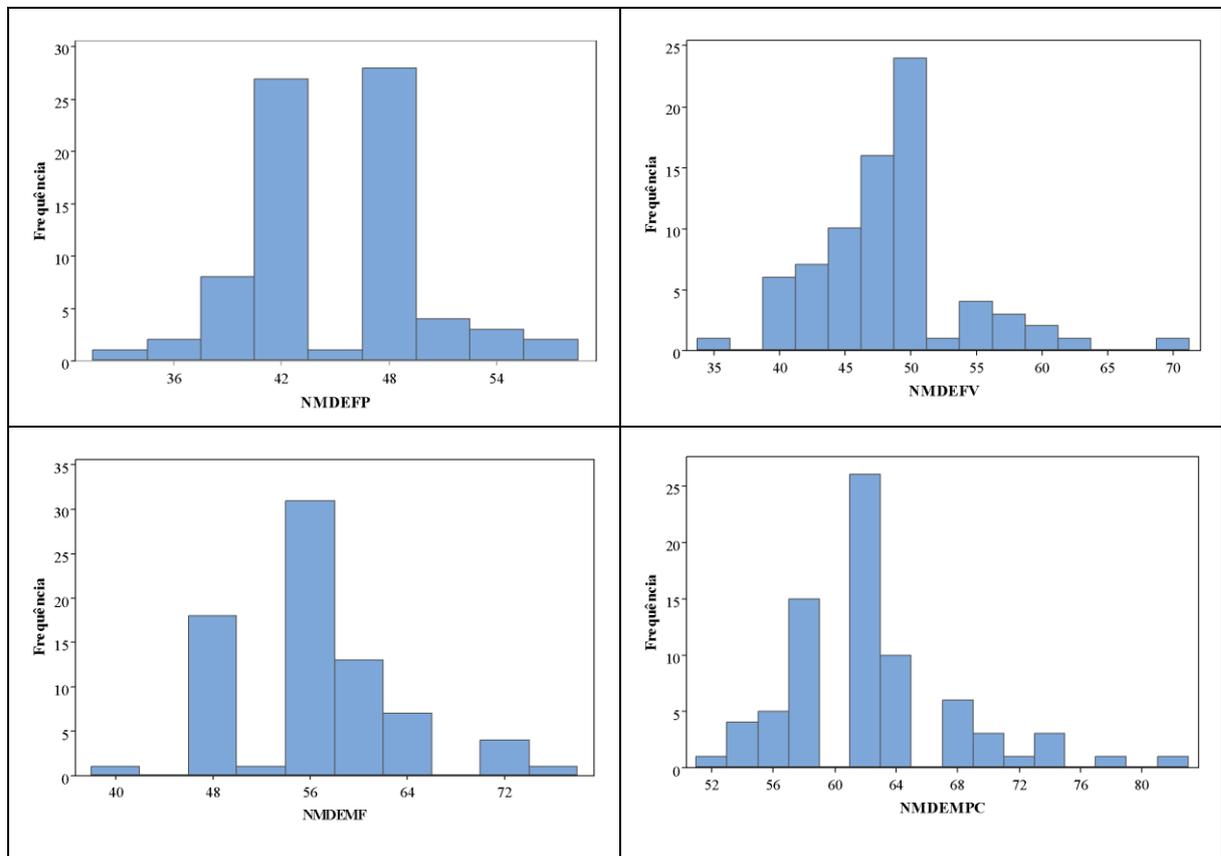
Aproximadamente 53% dos acessos iniciam a floração plena entre 42 e 48 dias após a emergência, sendo classificados como de ciclo precoce a médio, respectivamente (Figura 4A), enquanto, que a maioria dos acessos começam a formar as vagens entre 40 e 50 dias (Figura 4B). No entanto, cerca de 91% dos acessos iniciam o processo de maturação no intervalo de 48 a 64 dias (Figura 4C), e 67% atingem o ponto de colheita (NMDEPC), entre 58 a 64 dias (Figura 4D). Porém, dentre os acessos que mais divergiram, o 23 (CE-102) foi o único acesso a iniciar a floração e a colheita mais precoce, aos 33 e 51 dias, respectivamente, já os acessos 8 (CE-44 ou Novato), 4 (CE-28 ou Cacheado) e 2 (CE-14 ou

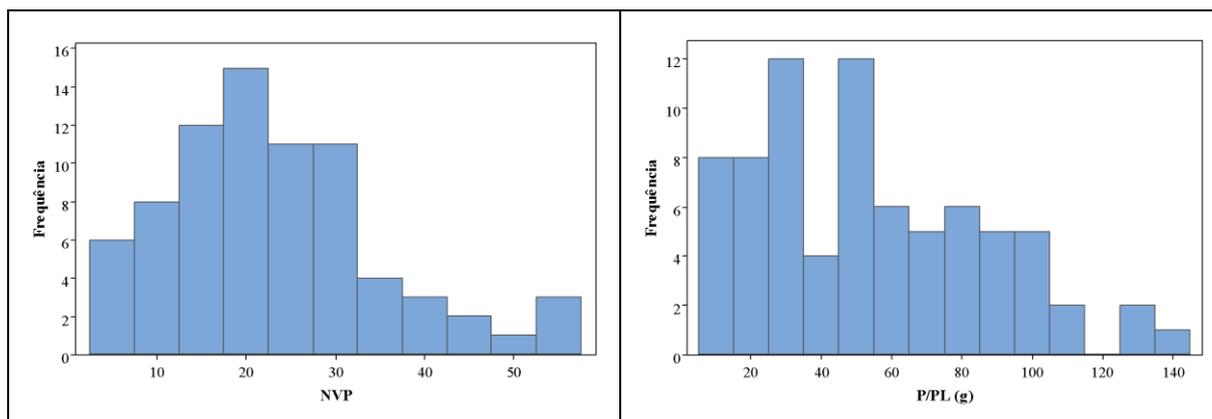
Potomac) são os mais tardios com início da floração entre 54 a 58 dias e colheita de 74 a 82 dias.

A maioria dos acessos produzem de 15 a 30 vagens por planta (Figura 4E), porém, os acessos 9 (CE-46 ou Milagroso), 5 (CE-30 ou Galanjão) e o 1 (CE-07 ou Das Almas) têm NVP superior a 50. A diferença observada para o NVP encontradas pode ser devido à variabilidade genética dos genótipos avaliados, o que sugere que alguns desses acessos sejam mais adaptadas que outras às condições edafoclimáticas existentes durante a condução do experimento, (SILVA E OLIVEIRA, 2011).

Observou-se para a característica P/Pl (g), distribuição mais uniforme, com cerca de 93% produzindo menos de 100 g e somente 5 acessos com produção superior, com destaque para os CE-30 e o CE-07, que produziram mais de 130g/planta (Figura 3F). Genótipos que apresentaram menores valores de produção, deve-se ao menor número de sementes por vagem e do menor valor de massa de 100 sementes das mesmas, assim como fatores como a qualidade das sementes e as condições ambientais.

Figura 3. Distribuição dos acessos com base no Número Médio de Dias da Emergência a Floração Plena (A), à Formação de Vagens (B), à maturação fisiológica (C), ao ponto de colheita (D), número de vagens (E) e produção por planta (F).





As variáveis NVP e P/PL são altamente correlacionadas ($0,886$; $p=0,000$) (Tabela 4). Sendo assim, os acessos com maior número de vagens tendem a ser os mais produtivos, porém, estas variáveis apresentam variação independente das demais relacionadas ao ciclo fenológico.

Tabela 5. Coeficientes de correlação de Pearson obtidos para os seis caracteres quantitativos avaliados considerando-se os 76 acessos de feijão-caupi estudados.

	NMDEFP	NMDEFV	NMDEMFC	NMDEMPC	NVP
NMDEFV	0,768* 0,000				
NMDEMFC	0,754 0,000	0,933 0,000			
NMDEMPC	0,749 0,000	0,925 0,000	0,890 0,000		
NVP	-0,016 0,894	0,004 0,974	0,061 0,603	0,038 0,745	
P/PL (g)	0,035 0,767	0,015 0,900	0,093 0,422	0,101 0,384	0,886 0,000

* Célula de cima- coeficiente de correlação e célula abaixo- Valor- p

As variáveis NMDEFV, NMDEMFC e NMDEMPC estão altamente correlacionadas entre si (Tabela 4). Todas essas características são fenológicas e estão relacionadas com o desenvolvimento da planta, então fisiologicamente devem estar relacionadas. Sendo assim, os acessos com início da formação das vagens mais precoce tendem a apresentar relação semelhante para a maturação fisiológica e ponto de colheita.

Dos genótipos estudados nesse trabalho, pode-se indicar seis para programas de melhoramento genético da espécie, um deles foi o que mais divergiu dos demais, o 23 (CE-102 ou 7907 - Purple Hull) que foi o mais precoce, porém apresenta NVP e P/PL baixos. Os outros cinco combinam floração inicial e ciclo que os classifica como médios, NVP acima

da média dos demais estudados e produção acima de 100 g por planta, sendo eles: o 1 (CE-07 ou Das Almas), o 5 (CE-030 ou Galanjão), o 13 (CE-53 ou Selecionado de CE-13), o 46 (CE-181 ou Caupi Branco) e o 66 (CE-924 ou Epace 11-Jaguaribe).

Considerando o segundo dendrograma feito com os caracteres excluídos pelo nível de entropia, dos acessos citados acima, o CE-07 e o CE53 pertencem ao grupo I, o CE-30, que apresentou maior produção por planta (134,38 g/planta), pertence ao grupo II, o CE 102 pertence ao grupo V e o CE-181 e CE-924 estão no grupo VI.

Dessa forma, cruzamentos entre os acessos pertencentes à grupos distintos podem gerar novos cultivares com características desejáveis.

Cruzamentos entre o 23 (CE-102 ou 7907-Purple Hull) e o 1 (CE-07 ou Das Almas) ou o 5 (CE-030 ou Galanjão) são indicados. O acesso 23 (CE-102 ou 7907 - Purple Hull) é o mais precoce com floração inicial aos 33 dias, porém, apresenta NVP e P/Pl baixos, 9,8 e 20,0, respectivamente. Os acessos 5 (CE-30 ou Galanjão) e o 1 (CE-07 ou Das Almas) foram os de maior número de vagem e produção por plantas, sendo que o CE-30 produziu 53 vagens por planta e obteve uma produção de 139,38 g/planta e, o CE-07 produziu o mesmo número de vagens, mas com uma produção por planta de 134,38g.

Com base nesses resultados referentes a divergência genética e aos caracteres morfoagronômicos estes acessos podem ser usados nos programas de melhoramento genético da espécie como genitores (parentais) em cruzamentos para gerar populações segregantes as quais serão avançadas e aplicados métodos de seleção para o desenvolvimento de novos cultivares, assim como, por suas características, podem ser diretamente indicados para cultivo aos produtores.

CONCLUSÕES

Os descritores cor da flor, forma do folíolo central, posição da vagem, cor da vagem, cor do tegumento, brilho da semente, floração inicial, peso de 100 grãos e Reação a doenças causadas por vírus podem ser utilizados para analisar a variabilidade genética entre acessos de feijão-caupi.

Dos genótipos estudados nesse trabalho, pode-se indicar seis para programas de melhoramento genético da espécie o 1 (CE-07 ou Das Almas), o 5 (CE-030 ou Galanjão), o 13 (CE-53 ou Selecionado de CE-13), o 23 (CE-102 ou 7907 - Purple Hull), o 46 (CE-181 ou Caupi Branco) e o 66 (CE-924 ou Epace 11-Jaguaribe).

Cruzamentos entre o 23 (CE-102 ou 7907 - Purple Hull) e o 1 (CE-07 ou Das Almas) ou o 5 (CE-030 ou Galanjão) são indicados para programas de melhoramento buscando-se genótipos superiores em precocidade e produtividade.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVES, L. W. R.; MONTAGNER, A. E. A. D. **Avaliação de cultivares de feijão-caupi em diferentes espaçamentos e sistemas de plantio no Cerrado amapaense** Macapá: Embrapa Amapá, 2016. 18 p.
- ANDRADE JÚNIOR, A.S. de. **Viabilidade da irrigação, sob risco climático e econômico, nas microrregiões de Teresina e Litoral Piauiense**. 2000. 566 p. Tese (Doutorado) – ESALQ, Piracicaba, 2000.
- BERTINI, Cândida Hermínia Campos de Magalhães; TEÓFILO, Elizita Maria; DIAS, Francisco Tiago Cunha. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 40, n. 1, p.99-105, mar. 2009. Disponível em: <<http://ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/410/306>>. Acesso em: 28 out. 2019.
- BERTINI, Cândida Hermínia Campos de Magalhães et al. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum: Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p.613-619, jan. 2009. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/asagr/v32n4/a07v32n4.pdf>>. Acesso em: 28 out. 2019.
- 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. 105 f. Dissertação (Mestrado em Botânica) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 1997.
- BRANDÃO, L. P. **Seleção de descritores morfoagronômicos em bananeira por meio de procedimentos uni e multivariados**. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. 69p. 2011.
- BRASIL. Ministério do meio ambiente. **Biodiversidade**, Plantas para o futuro, Brasília-DF, [20--]
- BRASÍLIA. Wellington Silva Teixeira e Stelito Assis dos Reis Neto. Companhia Nacional de Abastecimento-CONAB (Ed.). **Perspectivas para a agropecuária**. 6. ed. Brasília: Conab, 2018. 104 p.
- BROWN, A. H. D.; MARSHALL, D. R.; FRANKEL, O. H.; WILLIAMS, J. T. **The use of plant genetic resources**. Cambridge: Cambridge University, 1989. 382p
- CARDOSO, M. J.; MELO, F. B.; ATHAYDE SOBRINHO, C. Produtividade de grãos de Feijão-caupi (Cv. Brs Novaera) relacionado a doses de fósforo sob irrigação. In: Congresso Nacional De Feijão-caupi, 2. 2009, Belém. **Anais...** . Belém: Conac, 2009. p. 746 - 749. Disponível em: <<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/663799/1/Produtividade0001.pdf>>. Acesso em: 25 set. 2019.
- CARTA DE SERVIÇOS. /Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. - Brasília-DF: [201-] 41p
- CHIORATO, A. F. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (Phaseolus vulgaris L.) do banco de germoplasma do instituto agrônômico-IAC**. Piracicaba, 2004. 98p,

Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” Universidade de São Paulo.

COSTA, Tatiana Santos et al. Diversidade genética de acessos do banco de germoplasma de mangaba em Sergipe. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v. 46, n. 5, p.499-508, maio 2011. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/pab/v46n5/07.pdf>>. Acesso em: 04 out. 2019.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v.2. 585p.

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

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1994. 390p.

CRUZ, C.D. **Algumas técnicas de análise multivariada no melhoramento de plantas**. Piracicaba, ESALQ/USP, 1987. 75 p. (Monografia)

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba, 1990. 188 p. Tese (Doutorado) - ESALQ/USP.

CRUZ, C.D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p

CRUZ, Cosme Damião; FERREIRA, Fábio Medeiros; PESSONI, Luiz Alberto. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: Suprema, 2011. 620 p

DE QUEIRÓZ, Manoel Abilio; GOEDERT, C. O.; RAMOS, SRR. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido; Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999. 1999.

DIAS, Francisco Tiago Cunha. **Utilização de Técnicas Multivariadas e Moleculares na Caracterização e Seleção de Genótipos de Feijão-caupi de Porte Ereto e Ciclo Precoce**. 2009. 98 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2009. Disponível em: <<http://www.dominiopublico.gov.br/download/texto/cp139144.pdf>>. Acesso em: 19 out. 2019.

DINIZ FILHO, J. A. **Métodos filogenéticos comparativos**. Ribeirão Preto: Holo, 2000. 120 p.

FREIRE FILHO, F. R.; CARDOSO, M. J.; RIBEIRO, V. Q. ATHAYDE SOBRINHO, C. & SILVA, P. H. S. da. **Introdução, avaliação e utilização de germoplasma de feijão macassar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)**. Relatório Técnico Anual da Unidade de Execução de Âmbito Estadual de Teresina 1990. Teresina, p. 126-131, 1991.

FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V.Q; **Feijão-caupi: Avanços Tecnológicos**. 1º ed. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 519 p

FREIRE FILHO, F. R.; CARDOSO, M. J.; ARAÚJO, A. G. de; SANTOS, A.A. dos; SILVA, P. H. S. da. **Características botânicas e agrônômicas de cultivares de feijão macassar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)**. Teresina: EMBRAPA-UEPAE de Teresina, 1981. 40p. (EMBRAPA- Teresina. Boletim de Pesquisa, 4).

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; SITTOLIN, I. M.; SILVA, S. M. S. e. Produtividade de linhagens de caupi de porte enramador em ambiente de cerrado. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento De Plantas, 1, 2001, Goiânia. **Anais...** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2001b. 4 p. 1 CD-ROM. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 113).

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; SITTOLIN, I. M.; SILVA, S. M. S. e. Produtividade de linhagens de caupi de porte ereto e semi-ereto em ambiente de cerrado. In: Congresso Brasileiro De Melhoramento De Plantas, 1, 2001, Goiânia. **Anais...** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2001a. 4 p. 1 CD-ROM. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 113).

FREIRE FILHO, F. R.; SANTOS, A. A. dos; ARAÚJO, A. G. de; CARDOSO, M. J.; RIBEIRO, V. Q.; GOMES, S. M. F. Melhoramento do feijão macassar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) no Piauí - período 1980-1983. In: Seminário De Pesquisa Agropecuária do Piauí, 4, 1986, **Anais...** Teresina, 1986, Teresina, EMBRAPA-UEPAE de Teresina, 1986. p.204-229.

FREIRE FILHO, Francisco Rodrigues et al. **Coleção ativa de germoplasma de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) e de outras espécies do gênero *Vigna*, da Embrapa Meio-Norte, no período de 1976 a 2003.** Teresina: Embrapa, 2011. 126 p.

Disponível em:

<<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/84204/1/DOC209.pdf>>. Acesso em: 02 out. 2019.

FREIRE FILHO, Francisco Rodrigues et al. Melhoramento genético de caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) na região do Nordeste. In: QUEIROZ, Manoel Abílio de; GOEDERT, Clara Oliveira; RAMOS, Semíramis Rabelo R. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro.** Petrolina: Embrapa, 2009. p. 304-333. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes/-/publicacao/153831/recursos-geneticos-e-melhoramento-de-plantas-para-o-nordeste-brasileiro>>. Acesso em: 05 set. 2019.

FREIRE FILHO, Francisco Rodrigues et al. **Produção, Melhoramento Genético e Potencialidades do Feijão-caupi no Brasil.** In: Reunião de Biofortificação, 4, 2011, Teresina. Artigo. Teresina: Reunião de Biofortificação, 2011. p. 1 - 21. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/39360/1/Producaomelhoramento.pdf>>. Acesso em: 28 out. 2019.

FUKUDA, Marco. **Pesquisa melhora geneticamente o feijão-de-corda.** 2017. Disponível em: <<https://agencia.ufc.br/pesquisadores-usam-melhoramento-genetico-no-feijao-de-corda/>>. Acesso em: 02 out. 2019.

GOMES, Luiara Paiva et al. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi por meio de análise multivariada. In: Congresso Nacional De Feijão-caupi, 4. 2016, Sorriso. **Resumos.** Sorriso: Conac, 2016. p. 167 - 167. Disponível em: <<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1052483/1/26108.pdf>>. Acesso em: 04 nov. 2019.

GUERRA, Miguel Pedro et al. A diversidade dos recursos genéticos vegetais e a nova pesquisa agrícola. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 28, n. 3, p.521-528, 13 maio 1998. Disponível em:

<https://www.researchgate.net/profile/Miguel_Guerra3/publication/262477838_The_diversity_of_plant_genetic_resources_and_the_new_approaches_in_the_agronomic_research/links/54b78d870cf2bd04be33a190/The-diversity-of-plant-genetic-resources-and-the-new-approaches-in-the-agronomic-research.pdf>. Acesso em: 07 set. 2019.

HAWKES, J. G. **Germplasm collection, preservation, and use**. In: FREY, K. J., ed. *Plant Breeding II*. Ludhiana: Kalyani Publishers, 1982. p. 57-83. IBPGR. Annual Report 1987. Rome, 1988.

INTERNATIONAL, Bioversity. **História**: Como o IBPGR se tornou o IPGRI se tornou o Bioversity International. Disponível em: <<https://www.bioversityinternational.org/about-us/who-we-are/history/>>. Acesso em: 31 set. 2019.

JOHNSON, R.A. & WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. 3^o ed. Englewood Cliffs, New Jersey: Prentice-Hall Intern. 1992. 642 p.

KENDALL, M. **Multivariate analysis**. High Wycombe, Charles Griffin, 1980. 209 p.

LEAL, von Daniken de Jesus. **Seleção de descritores morfoagronômicos e análise de dissimilaridade genética em acessos de bananeira (Musa spp.)**. 2014. 104 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas - Bahia, 2014.

LIVRO de Registro dos Acessos do Banco de germoplasma de Feijão-caupi. Fortaleza: UFC, CCA, Laboratório de Análises de Sementes - LAS, 1963. Não paginado.

MACHADO, C. F.; TEIXEIRA, N. J. P.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; GOMES, R. L. F. Identificação de genótipos de feijão-caupi quanto à precocidade, arquitetura da planta e produtividade de grãos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 39, n. 01, p. 114-123, 2008.

Manual de Curadores de Germoplasma - Vegetal: Multiplicação Regeneração de Acessos. / Semíramis Rabelo Ramalho Ramos, Manoel Abílio de Queiroz, José Flávio Lopes e Francisco Rodrigues Freire Filho. - Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, v.39, n.2, 2009.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: UFMG, 2005. 295p.

NASCIMENTO, Hoston Tomás Santos do. Apresentação. In: FREIRE FILHO, Francisco Rodrigues et al. **Coleção ativa de germoplasma de feijão-caupi (Vigna unguiculata (L.) Walp.) e de outras espécies do gênero Vigna, da Embrapa Meio-Norte, no período de 1976 a 2003**. Teresina: Embrapa, 2011. p. 8-8. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/84204/1/DOC209.pdf>>. Acesso em: 01 out. 2019.

NETTO, Déa Alécia M.; OLIVEIRA, Antônio Carlos; ANDRADE, Ramiro V. Análise da Variabilidade Genética da Coleção Nuclear de Milho Tipo Duro. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 24, 2002, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis: Embrapa, 2002. p. 1 - 5. Disponível em:

<<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/473783/1/Analisevariabilidade.pdf>>. Acesso em: 10 out. 2019.

OLIVEIRA, F. J.; FILHO, C. J. A.; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 5, p. 605-611, 2003.

OLIVEIRA, M. M. **Diversidade genética em espécies silvestres e híbridos interespecíficos de manihot (euphorbiaceae - magnoliophyta)**. Cruz das AlmasBahia, 2011, 34-35p. (Dissertação) Mestrado em Fitotecnia. Universidade Federal de Recôncavo, 2011.

PASA, Maria Corette. A importância da biodiversidade brasileira. **Biodiversidade**, Rondonópolis, v. 7, n. 1, p.2-2, 2008. Disponível em: <<http://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/biodiversidade/article/view/42/35>>. Acesso em: 07 set. 2019.

PIRES, Carolline de Jesus et al. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi pertencentes ao banco ativo de germoplasma da embrapa meio-norte por meio de análise multivariada. in: Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 2., 2012, Belém. **Anais...** . Belém: Cbrg, 2012. p. 1 - 5. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/79163/1/5201.pdf>>. Acesso em: 04 nov. 2019.

ROCHA, M.M. et al. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural**, v.8, n.1, p.135-141, 2003.

ROCHA, Maurisrael de Moura; SILVA, Kaesel Jackson Damasceno e; MENEZES-JÚNIOR, José Ângelo Nogueira de. Cultivares: Qualidade de grãos. In: VALE, Júlio César do; BERTINI, Cândida; BORÉM, Aluízio. **Feijão-caupi: Do plantio à colheita**. Viçosa: Ufv, 2017. p. 124.

SANTOS, Jeferson Antônio da Silva et al. Desempenho agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-caupi cultivados no ecótono Cerrado/Pantanal. **Bragantia**, Campinas, v. 73, n. 4, p. 377-382, dez. 2014 . Disponível em <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0006-87052014000400005&lng=pt&nrm=iso>. Acessos em 04 nov. 2019. Epub 21-Out-2014. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.0250>.

SILVA, A. L. J.; NEVES, J. Produção de feijão-caupi semi-prostrado em cultivos de sequeiro e irrigado. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.6, n.1, p.29-36, jan.- mar. 2011.

SILVA, Ana Virgília de Almeida et al. INTRODUÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE FEIJÃO-CAUPI NO BAG DA UFC. In: V CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2018, Fortaleza- Ceará. **Anais...** . Fortaleza: Rg News, 2018. v. 4, p. 386 - 386.

SILVA, Pedro Chaves da; NODA, Hiroshi; FILHO, Danilo Fernandes da Silva. Diversidade Fenotípica em Variedades de Feijão Caupi (*Vigna Unguiculata* L. Walp.) Originárias da Amazônia Brasileira, Peruana e Colombiana. In: Jornada de Iniciação Científica PIBIC CNPQ/FAPEAM/LNPA, 18, 2009, Manaus. **Anais...** . Manaus: Inpa, 2009. p. 85 - 88. Disponível em:

<<https://repositorio.inpa.gov.br/bitstream/123/132/1/Pedro%20Chaves%20da%20Silva.pdf>>. Acesso em: 23 set. 2019.

SOUZA, J. de. **Análise em componentes principais e suas aplicações**, métodos estatísticos nas ciências sociais. v. 2. Brasília: Thesaurus, 1988. 62 p.

TEIXEIRA et al., Produção, componentes de produção e suas inter-relações em genótipos de feijão-caupi [*Vigna Unguiculata* (L.) Walp.] de porte ereto. **Revista Ceres**, v. 54, n. 314, p. 374-382, julho-agosto, 2007. Disponível em: <<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=305226821003>>. Acesso em 23 set. 2019.

TEÓFILO, E. M; SILVA, F. D. B; COSTA NETO, J. V; FREITAS, J. B. S; MEDEIROS FILHOS, S; RAFAEL M. S. S. **Introdução, manutenção e caracterização de germoplasmas de feijão caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp)**. In: Relatório de Pesquisa 2003 – Projeto FUNCAP/ FCPC 14/2001. Departamento de Fitotecnia do CCA-UFC, Fortaleza. 2003.

TEÓFILO, Elizita Maria et al. Coleção de Germoplasma de Feijão-caupi da Escola de Agronomia da Universidade Federal Do Ceará. In: Congresso Nacional de Feijão Caupi, 3., 2013, Recife. **Anais...** . Recife: Conac, 2013. p. 1 - 5. Disponível em: <<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/963397/1/182e.pdf>>. Acesso em: 25 out. 2019.

VALOIS, Afonso Celso Candeira A biodiversidade e os recursos genéticos. In: QUEIROZ, Manoel Abílio de; GOEDERT, Clara Oliveira; RAMOS, Semíramis Rabelo R. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**. Petrolina: Embrapa, 2009. p. 304-333. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes/-/publicacao/153831/recursos-geneticos-e-melhoramento-de-plantas-para-o-nordeste-brasileiro>>. Acesso em: 05 set. 2019.

VIALI, Lorí. **Estatística multivariada**. Disponível em: <<http://www.pucrs.br/ciencias/viali/especializa/realizadas/ceea/multivariada/textos/Introducao.pdf>>. Acesso em: 08 out. 2019.

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