

# SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PARENTAIS DE GUANDU BASEADA NA DIVERGÊNCIA GENÉTICA MULTIVARIADA<sup>1</sup>

VALÉRIA CARPENTIERI PÍPOLO<sup>2</sup>, ANTONIO EDUARDO PÍPOLO<sup>3</sup>, DEONISIO DESTRO<sup>4</sup> e EDSON PEREZ GUERRA<sup>5</sup>

**RESUMO** - Vinte e cinco genótipos de guandu foram avaliados em relação a oito caracteres. Foram estimadas suas divergências genéticas por meio de técnicas multivariadas, visando orientar o estabelecimento de populações básicas para o melhoramento. O agrupamento pelo método de Tocher, a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis, possibilitou a divisão dos 25 genótipos em cinco grupos. Com base na divergência genética e nos caracteres agronômicos chaves, foram recomendados os cruzamentos dos genótipos 21 e 24 (grupo IV) com os genótipos 4 e 5 (grupo III) e com os genótipos 1, 2, 3, 6 e 8 (grupo I); e dos genótipos 4 e 5 com os 1, 2, 3, 6 e 8.

Termos para indexação: método de Tocher, distância generalizada de Mahalanobis, caracteres agronômicos, melhoramento genético.

## SELECTION OF PIGEON PEA PARENTS GENOTYPES BASED ON MULTIVARIATE GENETIC DIVERGENCE

**ABSTRACT** - Twenty-five pigeon pea genotypes were evaluated based on eight characteristics. By means of multivariate technics their genetic divergences were estimated in order to obtain the basic populations to be used in a breeding program. The grouping by the Tocher method, based on Mahalanobis generalized distances, made it possible to organize the 25 genotypes in five groups. Based on genetic divergence and on key agronomic characters it was recommended to cross: the genotypes 21 and 24 (group IV) with genotypes 4 and 5 (group III) and with genotypes 1, 2, 3, 6 and 8 (group I); the genotypes 4 and 5 with the genotypes 1, 2, 3, 6 and 8.

Index terms: Tocher's method, Mahalanobis generalized distance, agronomic characters, genetic breeding.

## INTRODUÇÃO

No Brasil, muitas leguminosas potencialmente úteis na alimentação humana têm sido pouco estudadas, deixando de ser produzidas e consumidas como novas fontes protéicas.

Dentre as leguminosas, o guandu (*Cajanus cajan* L. Millsp) destaca-se como fonte de alimento humano pelo seu teor protéico, servindo ainda como planta forrageira e adubo verde.

O guandu, pela sua estrutura floral típica, é considerado uma cultura autógama; entretanto, a taxa de cruzamento pode variar em decorrência do local, da proximidade das populações, do número de plantas envolvidas e da presença de insetos (Werner, 1979). No Estado do Rio de Janeiro, Menezes (1953) encontrou uma taxa de cruzamento natural médio de 18%. Como conseqüência dessa alogamia, observa-se uma grande variabilidade genética dentro das populações.

A exploração adequada da variabilidade genética do germoplasma do guandu, por meio da identificação de parentais produtivos e da realização de hibridações entre genótipos com satisfatória diver-

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 21 de junho de 1995.

<sup>2</sup> Enga. Agra., M.Sc., Prof. Assistente, do Dep. de Agron. da Univ. Estadual de Londrina, Caixa Postal 6.001, CEP 86051-970 Londrina, PR.

<sup>3</sup> Eng. Agr., M.Sc., EMBRAPA (Centro Nacional de Pesquisa de Soja (CNPSo), Caixa Postal 1.061, CEP 86047-900 Londrina, PR.

<sup>4</sup> Eng. Agr., D.Sc., Prof. Adjunto, do Dep. de Agron. da Univ. Estadual de Londrina.

<sup>5</sup> Eng. Agr., Mestrando em Genética e Melhoramento na UEL.

gência genética, aumentaria a eficiência do melhoramento genético para a obtenção de novas cultivares. Trabalhando com soja, Destro, 1991 observou que altas  $D^2$  (Distância Generalizada de Mahalanobis) nem sempre foram associadas a altas produtividades; entretanto, baixas  $D^2$  foram, geralmente, associadas a baixas produtividades. Os melhores resultados foram obtidos nos cruzamentos com  $D^2$  intermediária. Portanto, na escolha de parentais a serem utilizados nas hibridações, deve-se dar ênfase tanto ao comportamento próprio das cultivares quanto às suas divergências genéticas (Miranda et al., 1988; Cruz, 1990; Rangel et al., 1991; Destro, 1991).

Este trabalho teve como objetivo avaliar o comportamento de 25 genótipos de guandu com respeito a oito caracteres e estimar a divergência genética por meio de técnicas multivariadas, visando identificar os parentais adequados a programas de melhoramento genético.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 25 genótipos de guandu (Tabela 1) oriundos do Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR), do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/UNESP, Jaboticabal, SP, onde foi realizado o experimento.

O período de avaliação foi de dezembro de 1987 a janeiro de 1989. O delineamento experimental utilizado foi o Látice Quadrado Incompleto 5X5, com duas repetições. As parcelas foram constituídas por duas linhas de 5,0m de comprimento, espaçadas 0,60m uma da outra, com a densidade de 10 plantas/metro linear. A bordadura foi constituída por duas linhas do genótipo  $L_6$ /ESALQ.

Os caracteres avaliados foram os seguintes:

NDF: Número de dias para o florescimento. Corresponde ao período entre a emergência e o florescimento de 50% das plantas;

NDM: Número de dias para a maturidade. Corresponde ao período entre a emergência e o dia em que 50% das plantas estiverem maduras;

APG: Altura do primeiro galho (m). Distância medida entre o colo e o primeiro galho da planta;

AP: Altura da planta (m). Determinada na maturidade das vagens, considerando-se a distância entre o colo da planta e as flores superiores mais altas;

**TABELA 1. Identificação e instituição de origem dos genótipos de guandu avaliados.**

Identificação do Genótipo	Instituição de Origem
1. I 546-A <sup>1</sup>	IAPAR
2. I 546-B <sup>1</sup>	IAPAR
3. I 546-C <sup>1</sup>	IAPAR
4. I 549-A <sup>2</sup>	IAPAR
5. I 549-B <sup>2</sup>	IAPAR
6. I 549-C <sup>2</sup>	IAPAR
7. I 818-A <sup>3</sup>	IAPAR
8. I 818-B <sup>3</sup>	IAPAR
9. I 818-C <sup>3</sup>	IAPAR
10. I 819-A <sup>3</sup>	IAPAR
11. I 819-B <sup>3</sup>	IAPAR
12. I 819-A <sup>3</sup>	IAPAR
13. I 820-A <sup>4</sup>	IAPAR
14. I 820-B <sup>4</sup>	IAPAR
15. I 820-C <sup>4</sup>	IAPAR
16. I 823-A <sup>5</sup>	IAPAR
17. I 823-B <sup>5</sup>	IAPAR
18. I 823-C <sup>5</sup>	IAPAR
19. I 823-D <sup>5</sup>	IAPAR
20. ICP-703 <sup>5</sup>	ICRISAT/INDIA
21. ICPL-87 <sup>6</sup>	ICRISAT/INDIA
22. KaKi <sup>6</sup>	SL-IAC
23. Fava Larga <sup>6</sup>	SL-IAC
24. $L_6$ -ESALQ <sup>6</sup>	ESALQ/USP
25. DF-1 <sup>7</sup>	FCAV/Jaboticabal

<sup>1</sup> Seleção realizada no IAPAR, dentro do genótipo I 546.

<sup>2</sup> Seleção realizada no IAPAR, dentro do genótipo I 549.

<sup>3</sup> Seleção realizada no IAPAR, dentro do genótipo I 818.

<sup>4</sup> Seleção realizada no IAPAR, dentro do genótipo I 820.

<sup>5</sup> Seleção realizada no IAPAR, dentro do genótipo I 823.

<sup>6</sup> Genótipos mantidos no Banco de Germoplasma do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), SP.

<sup>7</sup> Genótipos mantidos no Banco de Germoplasma do Departamento de Fitotecnia da FCAV-UNESP de Jaboticabal, SP.

PP: Produtividade por planta (g). Avaliada após a deubilha, por meio do peso dos grãos das plantas individuais;

PCS: Peso de cem sementes (g). Determinado a partir do peso médio de amostras aleatórias;

%O: Porcentagem de óleo. Avaliado pelo teor do extrato etéreo, determinado conforme método proposto pela AOAC (1970);

%P: Porcentagem de proteína. O teor de nitrogênio foi determinado pelo método de micro-Kjedahl (AOAC, 1970) e então multiplicado pelo fator 6,25, para obtenção do teor de proteína bruta.

Além das análises de variância univariadas e comparação de médias pelo critério proposto por Scott & Knott (1974), foram obtidos ainda:

a) estimativa da distância generalizada ( $D^2$ ) de Mahalanobis (1936);

b) estabelecimento de grupos similares, baseado em  $D^2$ , utilizando-se o método de otimização proposto por Tocher, citado por Rao (1952). Exemplo pormenorizado desse método é apresentado por Singh & Chaudhary (1977);

c) análise gráfica da divergência, utilizando-se variáveis canônicas. Com esse procedimento, são obtidas informações sobre a distância genética, por meio da dispersão dos escores de cada genótipo em sistema cartesiano, cujos eixos são estabelecidos pelo primeiro par canônico (Rao, 1952).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 2 mostra existirem diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) entre médias dos 25 genótipos de guandu em todos os caracteres avaliados e os coeficientes de determinação genotípica (b) são elevados, estando acima de 74%. Esses resultados evidenciam uma situação bastante favorável ao melhoramento, sugerindo a possibilidade de discriminar, com boa eficiência, genótipos parentais superiores, entre os 25 avaliados. Com exceção do caráter produtividade por planta, cujo C.V. foi alto (31,11%), nos demais caracteres eles variaram de 0,93% a 20,61%, apresentando-se em níveis aceitáveis em termo de precisão experimental para ensaios conduzidos no campo. O C.V. alto de produtividade por planta resultou da maturação desuniforme dos grãos e da baixa produtividade, em virtude da ocorrência de caruncho ainda no campo, causando dificuldades nas avaliações. Portanto, a maturação uniforme dos grãos na planta e a tolerância ao caruncho são caracteres que devem ser considerados num programa de melhoramento genético do guandu.

O método de agrupamento proposto por Tocher (citado por Rao, 1952), a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis, possibilitou a divisão dos 25 genótipos em cinco grupos (Tabela 3). O grupo I conteve 16 genótipos, correspondendo a 64% dos genótipos estudados; os grupos II e III foram formados por três genótipos cada um, representando 12%;

o grupo IV apresentou dois genótipos (8%) e o grupo V, apenas um genótipo (4%). Os genótipos I 818-A(7) e I 818-C(9) foram os mais relacionados geneticamente, sendo a distância entre eles a de menor magnitude ( $D^2 = 4,68$ ). Os genótipos mais divergentes geneticamente foram ICPL-87(21) e DF-1(25), que também apresentaram a maior distância ( $D^2 = 15.628,38$ ).

Diversos autores têm recomendado a utilização de parentais com a maior divergência possível para maximizar a heterose manifestada nos híbridos, aumentar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas e ampliar a base genética. Portanto, as informações da Tabela 3 devem ser utilizadas para recomendação de cruzamentos. Tendo-se por base a estatística multivariada, espera-se encontrar alto grau de similaridade entre os genótipos pertencentes a um mesmo grupo. Dessa forma, devem-se evitar cruzamentos dentro de um mesmo grupo (Destro, 1991).

A identificação de genótipos com base somente na divergência genética, não considerando seus comportamentos próprios, pode não ser uma boa estratégia para um programa de melhoramento. Assim, a recomendação de cruzamentos em programas de melhoramento entre genótipos divergentes, mas que apresentem desempenho superior nas principais características de importância agrônômica, parece ser a mais indicada.

No melhoramento genético do guandu, dentre os oito caracteres estudados, três merecem destaque: AP, %O e %P. O caráter AP foi considerado pela sua importância na adaptação da cultura à colheita mecânica, desejando-se plantas baixas. Os caracteres %O e %P foram considerados pela sua importância na alimentação humana, sendo ideal genótipos com altos teores desses componentes nos grãos. Conforme podemos observar na Tabela 4, os dois genótipos que se destacaram com porte baixo e alto teor de proteína foram os de número 21 e 24. Os genótipos que se destacaram com alto teor de óleo foram os de número 1 a 6 e 8. Esses genótipos foram mencionados na Fig. 1, permitindo uma visualização gráfica das divergências.

Na quantificação da divergência genética entre os parentais, tem sido utilizada, rotineiramente, tanto a técnica da conglomeração, baseada na distância

**TABELA 2. Resultados da análise de variância dos oito caracteres em 25 genótipos de guandu, com as respectivas médias, coeficientes de variação (C.V.) e de determinação genotípica (b%).**

F.V.	GL	Quadrado médio*							
		NDF	NDM	APG	AP	PP	PCS	%O	%P
Blocos	1	0,06	7,18	3,331	0,054	67,2	8,84	0,331	0,606
Genótipos	24	1.127,71*	1.857,84*	0,268*	0,362*	174,8*	35,69*	2,704*	4,700*
Resíduos	24	2,52	2,85	0,041	0,079	44,8	5,78	0,178	0,389
Média		103,78	180,74	1,21	2,28	21,52	14,79	2,05	16,20
C.V. (%)		1,53	0,93	16,72	12,28	31,11	16,25	20,61	3,85
b (%)		99,78	99,85	84,64	78,25	74,35	83,80	93,41	91,71

\* Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

**TABELA 3. Grupos de genótipos parentais de guandu estabelecidos pelo método de agrupamento proposto por Tocher, a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis.**

Grupo	Genótipos																	
I	1,	2,	3,	4,	5,	6,	7,	8,	9,	10,	11,	12,	13,	14,	15,	16,	17,	18
II	19,	23,	25															
III	4,	5,	22															
IV	21,	24																
V	20																	

Distância máxima = 15.628,38 entre os genótipos 21 e 25.

Distância mínima = 4,68 entre os genótipos 7 e 9.

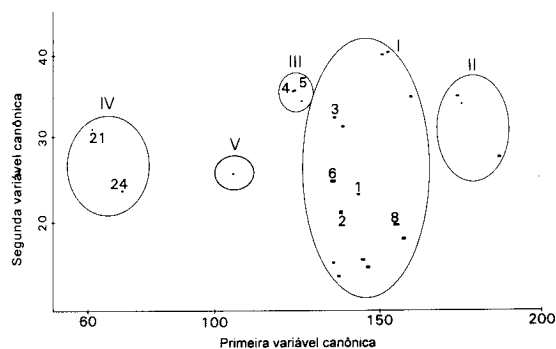
generalizada ( $D^2$ ) de Mahalanobis, quanto a análise das variáveis canônicas. No último caso, a divergência genética é avaliada pela dispersão gráfica dos escores relativos aos genótipos estudados em eixos cartesianos. Em geral, os pesquisadores têm optado pela representação gráfica, quando as duas primeiras variáveis canônicas retiverem acima de 70% da variabilidade total disponível (Cruz, 1990).

Nesta pesquisa, a dispersão presente na Fig. 1 foi feita em relação às duas primeiras variáveis canônicas, que retiveram 97,8% da variação total, sendo, portanto, satisfatório para este estudo. As médias dos 25 genótipos de guandu nos oito caracteres estuda-

dos encontram-se na Tabela 4. Considerando-se como caracteres agrônômicos mais importantes a altura da planta (AP), a porcentagem de proteína (%P) e a porcentagem de óleo (%O), podem-se recomendar os seguintes cruzamentos: genótipos 21 e 24 (grupo IV) com os genótipos 4 e 5 (grupo III) e 1, 2, 3, 6 e 8 (grupo I); genótipos 4 e 5 (grupo III) com 1, 2, 3, 6 e 8 (grupo I). Dessa maneira, seriam feitos apenas 24 cruzamentos, representando apenas 8% do total que poderia ser realizado no dialelo completo entre os 25 genótipos avaliados, os quais permitiriam a obtenção de até 300 combinações.

**TABELA 4.** Comparações entre médias de 25 genótipos de guandu em relação a oito caracteres avaliados.

Genótipo	NDF	NDM	APG	AP	PP	PCS	%O	%P
1	114.0 D	183.5 C	1.30 A	2.40 A	27.2 A	18.4 A	3.64 A	15.9 B
2	109.5 D	173.0 D	1.20 A	2.29 A	22.2 A	16.4 A	3.53 A	14.8 B
3	97.5 E	184.0 C	1.20 A	2.28 A	30.0 A	22.0 A	4.03 A	14.8 B
4	84.0 F	175.0 D	0.95 A	2.15 A	17.5 A	16.5 A	4.62 A	15.9 B
5	84.0 F	175.5 D	0.68 A	2.09 A	30.4 A	13.2 A	3.14 A	15.6 B
6	104.0 E	175.5 D	0.95 A	2.15 A	15.3 A	9.3 A	3.62 A	15.3 B
7	125.5 B	187.5 C	1.46 A	2.49 A	19.6 A	14.1 A	1.54 B	15.8 B
8	122.5 C	187.5 C	1.45 A	2.52 A	16.0 A	12.5 A	2.83 A	16.4 B
9	126.5 B	187.5 C	1.19 A	2.36 A	17.3 A	12.5 A	1.59 B	16.6 B
10	109.5 D	174.5 D	1.29 A	2.32 A	14.2 A	15.3 A	1.91 B	16.5 B
11	119.0 C	175.0 D	1.28 A	2.38 A	24.4 A	15.7 A	1.94 B	15.4 B
12	118.0 C	175.0 D	1.65 A	2.38 A	11.5 A	9.2 A	2.48 B	16.0 B
13	109.5 D	164.0 E	1.52 A	2.49 A	19.8 A	16.8 A	1.68 B	15.3 B
14	111.0 D	164.0 E	1.59 A	2.45 A	12.7 A	12.8 A	0.19 B	16.5 B
15	109.5 D	209.0 B	1.43 A	2.54 A	31.6 A	16.6 A	0.56 B	15.6 B
16	99.0 E	206.0 B	1.20 A	2.53 A	35.8 A	14.1 A	1.34 B	15.6 B
17	99.5 E	186.0 C	1.03 A	2.60 A	29.3 A	16.4 A	2.10 B	14.6 B
18	100.5 E	209.0 B	1.46 A	2.76 A	26.5 A	15.6 A	1.62 B	15.9 B
19	126.0 B	230.0 A	1.51 A	2.68 A	16.1 A	16.2 A	0.64 B	16.3 B
20	75.5 G	142.0 F	1.02 A	2.37 A	45.0 A	21.8 A	0.98 B	16.0 B
21	39.0 I	109.5 G	0.36 A	0.96 B	11.6 A	5.8 A	1.24 B	20.8 A
22	83.5 F	175.0 D	1.33 A	2.68 A	25.2 A	14.8 A	1.07 B	16.2 B
23	128.5 B	230.5 A	1.81 A	2.30 A	4.8 A	18.1 A	1.53 B	16.4 B
24	54.5 H	109.5 G	0.28 A	1.09 B	8.2 A	5.4 A	1.19 B	21.2 A
25	144.5 A	230.5 A	1.25 A	1.94 A	26.1 A	20.7 A	2.22 B	15.8 B

**FIG. 1.** Dispersão dos escores de 25 genótipos de guandu em relação às duas primeiras variáveis canônicas.

## CONCLUSÕES

1. Neste estudo de divergência genética, foi possível dividir os 25 genótipos em cinco grupos. O grupo I conteve 16 genótipos, correspondendo a 64% dos genótipos estudados; os grupos II e III foram formados por três genótipos cada um, representando 12%; o grupo IV apresentou dois genótipos (8%); e o grupo V, apenas um genótipo (4%).

2. Tendo como base o estudo da divergência genética e os caracteres agrônômicos mais importantes (AP, %O, %P), os cruzamentos recomendados foram os seguintes: genótipos 21 (ICPL-87) e 24

(L6-ESALQ) com os genótipos 4(I 549-A), 5(I 549-B), 1(I 546-A), 2(I 546-B), 3(I 546-C), 6(I 549-C) e 8(I 818-B), obtendo-se 14 cruzamentos; genótipos 4 (I 549-A) e 5(I 549-B) com 1(I 546-A), 2(I 546-B), 3(I 546-C), 6(I 549-C) e 8(I 818-B), obtendo-se 10 cruzamentos, totalizando 24 cruzamentos. Dessa maneira, seriam feitos apenas 8% do total de 300 cruzamentos, que poderiam ser realizados no dialelo completo entre os 25 genótipos avaliados.

### REFERÊNCIAS

- AOAC. **Official methods of analysis of the Association of Official Analytical Chemists**. 11. ed. Washington: A.O.A.C., 1970. 1015p.
- CRUZ, C.D. **Aplicações de algumas técnicas multivariada no melhoramento de plantas**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1990. 188p. Tese de Doutorado.
- DESTRO, D. **Capacidade de combinação de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) apropriados para o consumo humano**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1991. 158p. Tese de Doutorado.
- MAHALANOBIS, P.C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings National Institute of Science**, v.2, p.49-55, 1936.
- MENEZES, O.B. de. Cruzamento natural em Guandu (*Cajanus indicus* Spreng). **Revista de Agricultura**, Piracicaba, v.28, p.281-284, 1953.
- MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D.; COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum*, L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, p.929-937, 1988.
- RANGEL, P.H.N.; CRUZ, C.D.; VENCOSKI, R.; FERREIRA, R.P. Selection of local lowland rice cultivars based on multivariate genetic divergence. **Revista Brasileira de Genética**, v.14, n.2, p.437-453, 1991.
- RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley and Sons, 1952. 390p.
- SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v.30, p. 507-512, 1974.
- SINGH, R.K.; CHAUDHARY, B.D. **Biometrical methods in quantitative genetic analysis**. New Delhi: Kalyani Publ., 1977. 304p.
- WERNER, J.C. O potencial do Guandu (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.) como planta forrageira. **Zootecnia**, Nova Odessa, v.17, n.2, p.73-100, 1979.