

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE LINHAGENS DE FEIJÃO-MUNGO (*Vigna radiata* (L.) Wilczek)¹

Glauco Vieira Miranda²

Antônio Daniel Fernandes Coelho²

Aldo Shimoya²

Ronaldo Rodrigues Coimbra²

Izabel Cristina dos Santos²

1. INTRODUÇÃO

O feijão-mungo é leguminosa nativa da Ásia, sendo cultivada principalmente nesse continente (6). É planta anual, de porte ereto ou semi-ereto, apresentando muitas ramificações recobertas de pêlos, com altura variando entre 0,3 e 1,5 m (12, 13). Reproduz-se por autofecundação, com cerca de 4 a 5% de fecundação cruzada (10). É de fácil adaptação às condições tropicais e subtropicais, em que os melhores cultivares produzem acima de 2000 kg/ha. A produção mundial de mungo verde é estimada em 1,5 milhão de toneladas por ano, em aproximadamente 3,8 milhões de hectares. A Índia é o maior produtor, seguida pela Tailândia (12). A forma de consumo é variável, os grãos secos cozidos são consumidos misturados com arroz, ou servem para o preparo de sopas e doces, ou são usados para obtenção de brotos de feijão, que é a forma de consumo mais utilizada no Brasil (6). Pode, ainda, ser utilizado como boa opção para forragem, feno, adubo verde e cultura de

¹ Aceito para publicação em 12.03.1999.

² Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. 36571-000 Viçosa, MG.

cobertura. Os grãos apresentam teor de proteína variando de 19,5 a 31,2% e são ricos em minerais e vitaminas, semelhante ao do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) (12).

ALLARD (1) e VIEIRA (11) afirmam que a introdução e avaliação de linhagens de outras regiões podem constituir o método de melhoramento mais simples, econômico e rápido de se obterem linhagens adaptadas ao cultivo. No entanto, quando se deseja obter novas variedades com características superiores às linhagens introduzidas, os programas de melhoramento de plantas baseiam-se na hibridação. Para se obterem linhagens superiores ao progenitores, os melhoristas têm utilizado progenitores que apresentam altas médias e ampla diversidade genética para as características de interesse econômico.

Em geral, análises de divergência genética visam à identificação de progenitores adequados para obtenção de heterose e recombinação em programa de melhoramento (2). A divergência genética pode ser avaliada por meio de técnicas biométricas ou processos preditivos. Dentre os modelos biométricos que visam à determinação da divergência genética dos progenitores, citam-se as análises dialélicas. No entanto, quando se deseja avaliar um número muito grande de progenitores, as análises dialélicas tomam-se inviáveis, devido ao grande número de híbridos que teriam que ser produzidos. Por dispensarem a obtenção de híbridos, os métodos preditivos da divergência têm merecido considerável ênfase. Estes tomam por base diferenças morfológicas, fisiológicas etc. apresentadas pelos progenitores, geralmente quantificadas por meio de uma medida de dissimilaridade como as distâncias Euclidianas ou de Mahalanobis. Na predição da divergência genética podem ser empregados vários métodos multivariados. Dentre esses, citam-se as análises por componentes principais e variáveis canônicas, e os métodos aglomerativos. Enquanto estes necessitam de uma medida de dissimilaridade, aqueles têm como objetivo avaliar a similaridade dos progenitores por intermédio de uma dispersão gráfica, que geralmente considera dois eixos cartesianos (5).

O objetivo deste trabalho foi estudar a divergência genética entre 30 linhagens de feijão-mungo por meio de técnicas multivariadas.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas 30 linhagens de feijão-mungo provenientes do Banco de Germoplasma da Universidade Federal de Viçosa. Aquelas com iniciais KY e Brasil 20 são oriundas do Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia (INPA), e as demais do "Asian Vegetable Research and Development Center" (AVRDC).

O ensaio foi conduzido em Gurupi, Estado de Tocantins, em Latossolo Vermelho-Amarelo, que apresentou, na camada de 0 a 20 cm,

textura argilosa, 3% de matéria orgânica, baixos teores de P e K (3 ppm e 23 ppm, respectivamente), teores médios de Ca + Mg (2,0 ppm + 0,4 ppm), baixo teor de Al (5%) e acidez média, de acordo com a COMISSÃO DE FERTILIDADE DE SOLOS DE GOIÁS (3). Foi realizada uma adubação de plantio com 400 kg/ha de 4-14-8 e uma cobertura com 30 kg/ha de N aos 25 dias. Os tratos culturais foram realizados sempre que necessário, deixando o ensaio livre de plantas daninhas e pragas.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. A parcela foi constituída de duas fileiras de 5,0 m de comprimento e com 15 plantas por metro linear de sulco, totalizando 5,0 m².

As características avaliadas foram a população de plantas, cor de semente, brilho da semente, altura de inserção da vagem superior, altura da planta na maturação (medida da superfície do solo até a parte mais alta da planta) e rendimento de grãos (kg/ha).

Foram feitas as análises de variância das quatro características avaliadas. Os rendimentos médios dos 30 genótipos foram avaliados pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

A análise da divergência genética foi feita por meio da técnica de variáveis canônicas e de agrupamento. Na análise de variáveis canônicas utilizaram-se as matrizes de covariância residual e fenotípica entre as características avaliadas. Quando se utiliza este procedimento, é comum a transformação das variáveis originais em variáveis padronizadas e não correlacionadas, de modo que a matriz de dispersão se iguale à identidade. A técnica consiste em transformar as variáveis avaliadas em um novo conjunto de variáveis, que são funções lineares das médias das características avaliadas nas linhagens. O número de variáveis canônicas é igual ou menor ao valor mínimo entre o número de características e o número de graus de liberdade de tratamentos. Um valor numérico (score) de cada variável é calculado para cada uma das linhagens. Com estes scores, constrói-se um gráfico de dispersão, que permite a avaliação da divergência genética.

Para a análise de agrupamento, utilizou-se o método de otimização de Tocher, com base na matriz de distância generalizada de Mahalanobis, também descrito por RAO (9) e CRUZ e REGAZZI (5).

As análises de variância, bem como os cálculos das variáveis canônicas, foram realizados utilizando-se o Programa Genes (4).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados médios das 30 linhagens avaliadas, quanto às características estudadas, encontram-se no Quadro 1. Os efeitos das linhagens foram significativos ($P < 0,05$) pelo teste F para todas as

características avaliadas, exceto população de plantas. Esses resultados indicam a existência de variabilidade genética e, conseqüentemente, a possibilidade de se obterem ganhos genéticos para as características em avaliação.

QUADRO 1 - Resultados médios da população de plantas (POP) altura de planta (AV), altura de inserção da vagem superior (AP), cor de semente (CS), brilho de semente (BS) e rendimento de grãos (REND) em kg/ha de 30 linhagens de feijão-mungo avaliadas em Gurupi, TO, em 1994/5

Código	Linhagens	POP. (mil)	AV (cm)	AP (cm)	CS	BS	REND (kg/ha) ^{1/}
1	KY 1945	135	67	79	Verde-clara	Opaco	1038 ab
2	KY 2013	126	54	60	Verde-clara	Brilhante	751 ab
3	MBCB-1	186	54	62	Verde-clara	Brilhante	1122 ab
4	KY 2184	148	51	58	Verde-escura	Opaco	1223 ab
5	VC 3012	156	51	58	Verde-clara	Opaco	1041 ab
6	VC 3828	110	50	62	Verde-escura	Opaco	1119 ab
7	V 2010	166	49	57	Verde-clara	Opaco	856 ab
8	KY 2273	151	64	78	Verde-clara	Opaco	1246 a
9	VC 2771 A	138	42	51	Verde-clara	Brilhante	1036 ab
10	VC 3975	139	54	64	Verde-escura	Opaco	902 ab
11	VC 4049	127	44	51	Verde-escura	Opaco	976 ab
12	VC 2984	143	50	59	Verde-escura	Opaco	641 b
13	KY 2007	157	64	77	Verde-escura	Opaco	942 ab
14	KY 1381	129	52	64	Verde-escura	Opaco	1211 ab
15	VC 1628 A	162	50	61	Verde-clara	Brilhante	1049 ab
16	Ouro Verde	147	58	67	Verde-escura	Opaco	1177 ab
17	Loctao	147	52	60	Verde-clara	Brilhante	1066 ab
18	KY 2984	159	52	57	Verde-clara	Brilhante	1084 ab
19	Brasil 20	164	63	73	Verde-clara	Opaco	891 ab
20	VC 2750 R	131	44	51	Verde-clara	Opaco	785 ab
21	VC 2802 A	222	54	60	Verde-clara	Brilhante	1286 ab
22	VC 2764 B	112	54	63	Verde-clara	Brilhante	1078 ab
23	VC 2764 A	137	51	60	Verde-clara	Brilhante	1196 ab
24	VC 3004 R	155	43	51	Verde-escura	Opaco	783 ab
25	VC 2768	142	42	52	Verde-clara	Brilhante	1138 ab
26	KY 8	145	57	65	Verde-clara	Brilhante	1166 ab
27	V 3726	183	39	44	Verde-clara	Brilhante	1088 ab
28	VC 3984	147	51	57	Verde-clara	Brilhante	1151 ab
29	VC 3061 A	126	60	70	Verde-escura	Opaco	1008 ab
30	VC 1973 A	117	52	60	Verde-clara	Opaco	1084 ab

^{4/}Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si, pelo teste de Tukey (P < 0,05).

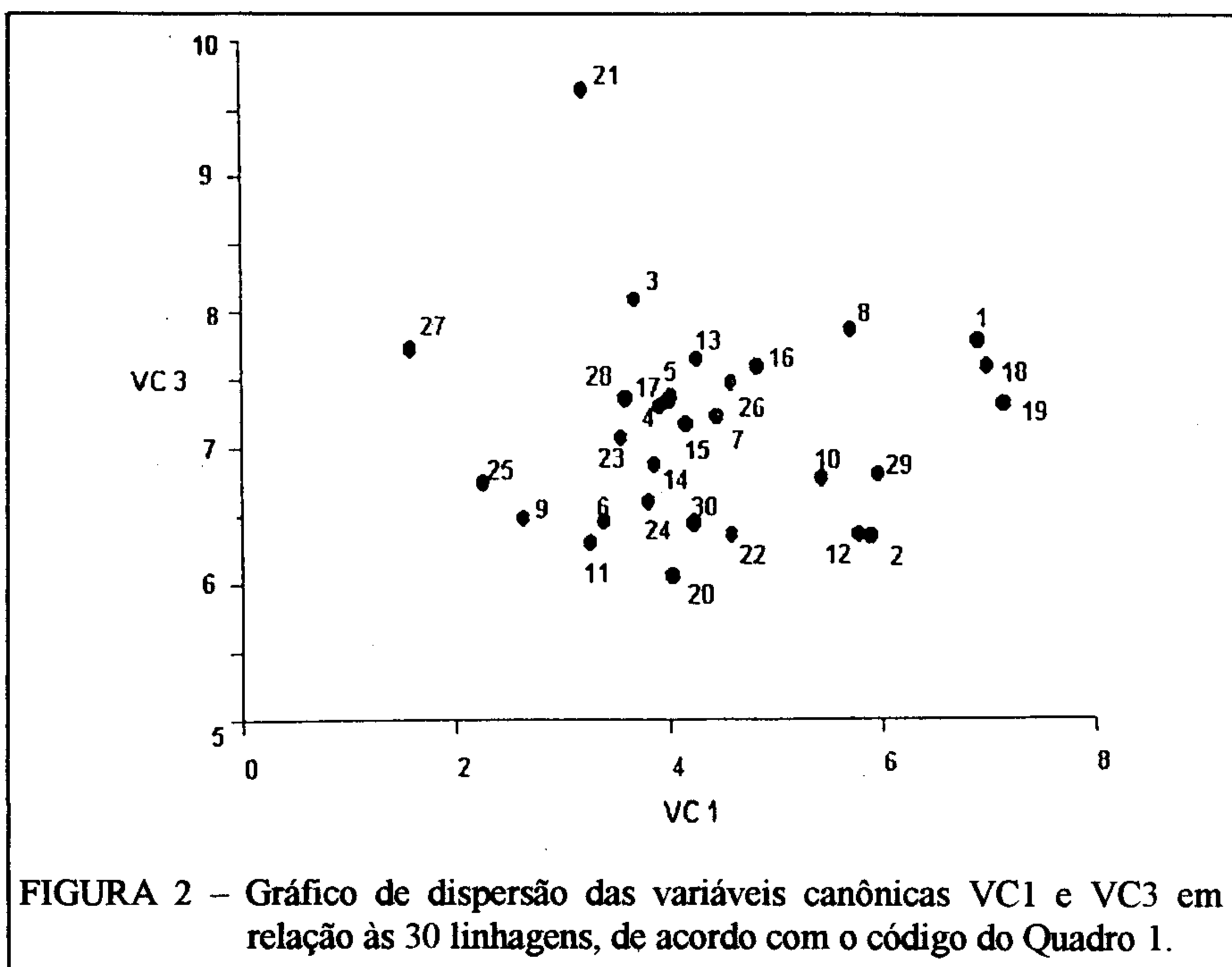
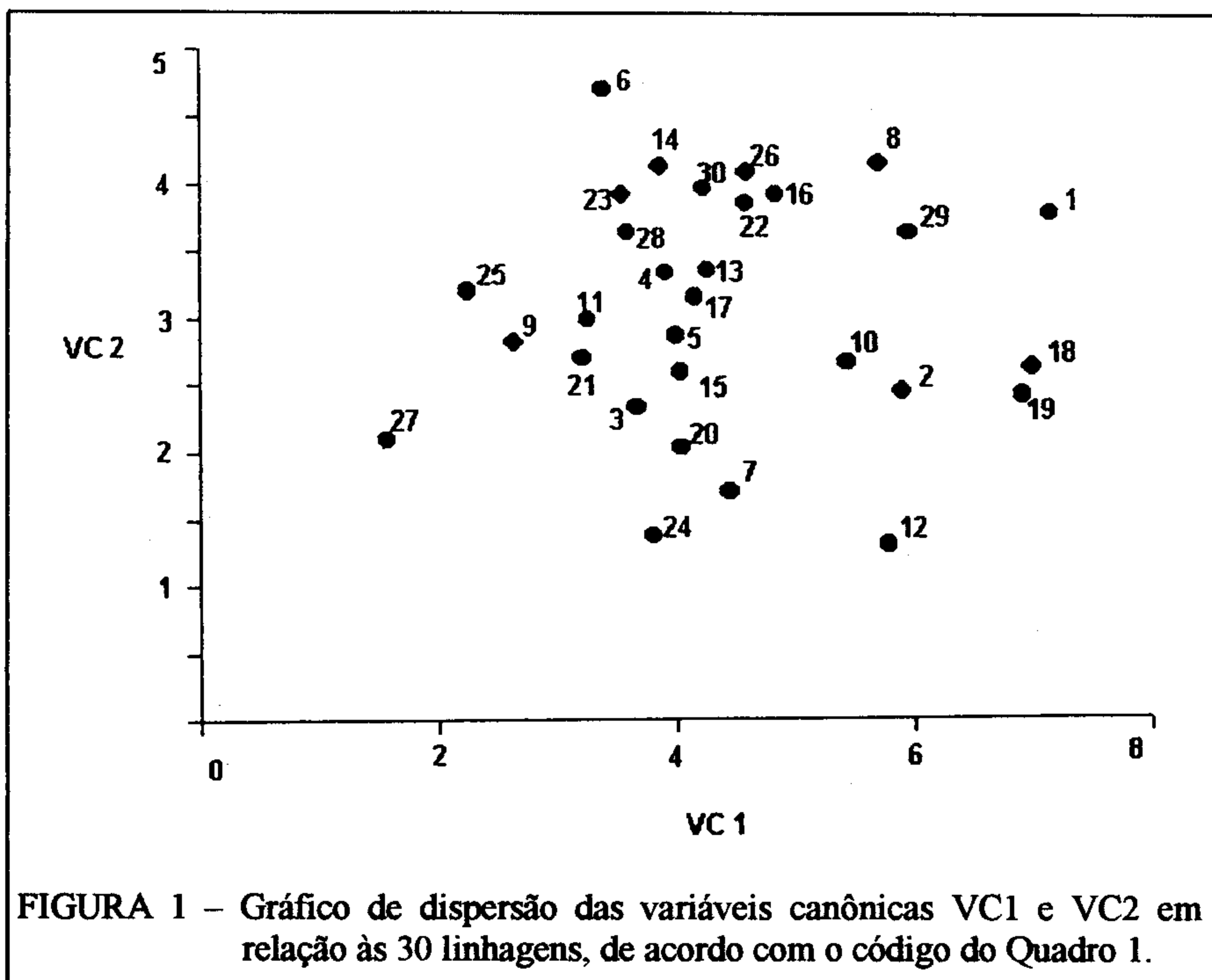
O rendimento médio de grãos do ensaio foi de 1.031 kg/ha, variando de 641 kg/ha para a linhagem VC 2984 até 1.286 kg/ha para a VC 2802A.

No entanto, somente a linhagem mais produtiva diferiu da menos produtiva, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade; as demais foram semelhantes (Quadro 1). Portanto, o rendimento médio de grãos das linhagens pode ser considerado de interesse menor em relação à diversidade genética. O comportamento dessas linhagens, nos Estados de Tocantins e Minas Gerais, foi descrito por MIRANDA *et al.* (8) e VIEIRA e NISHIHARA (13), respectivamente. MIRANDA *et al.* (8) verificaram que a linhagem KY 2273 foi a mais produtiva e respondeu bem à melhoria do ambiente. Além desta, as linhagens KY 1381, Loctao, VC 2764A, VC 2764B e VC 1973A foram as mais produtivas e responderam de forma intermediária à melhoria ambiental, apresentando estabilidade de entanto, se houver a necessidade de optar entre uma população com média de produção intermediária e ampla diversidade ou outra com alta média e diversidade intermediária, deve-se preferir esta última. Dessa forma, o trabalho dispensado para aumentar a produção nesta população, para atingir os níveis produtivos de uma população com alta média, não é compensador, apesar dos maiores ganhos genéticos na primeira população.

As duas primeiras variáveis canônicas representaram 77,32% da variação total (Quadro 2). CRUZ e REGAZZI (5) recomendam que no caso das duas primeiras variáveis não representarem o mínimo de 80% da variação total, torna-se necessário complementar a análise com a dispersão gráfica em relação à terceira ou, até mesmo, à quarta variável canônica. Neste trabalho, como as três primeiras variáveis canônicas representaram 93,01% da variação total, os resultados de dispersão gráfica em relação às variáveis canônicas 1 e 2 foram complementados com os resultados da dispersão gráfica em relação às variáveis canônicas 1 e 3 (Figuras 1 e 2).

QUADRO 2 - Variáveis canônicas obtidas da análise das características: população de plantas, altura da vagem superior, altura da planta e rendimento de grãos

Variáveis canônicas	Variância	Variância acumulada (%)
VC1	1,828213	54,619609
VC2	0,759998	77,325273
VC3	0,525165	93,015086
VC4	0,233797	100,000000



Na Figura 1, observa-se que existe uma ampla distribuição das linhagens no plano cartesiano. Assim, as linhagens mais distantes em relação a esse conjunto são V 3726 (27), VC 2768 (25), VC 2771A (9), VC 3004R (24), VC 2984 (12), KY 2013 (2), KY 2984 (18), Brasil 20 (19), KY 1945 (1), VC 3061 "A"(29) e KY 2273 (8). Por outro lado, as demais formam um conjunto mais uniforme no que diz respeito à diversidade genética. Desta forma, são indicados os cruzamentos entre as linhagens que possuam altas médias para rendimento de grãos e estejam mais distantes no plano cartesiano. Na Figura 2, as linhagens mais distantes são VC 2802A (21), MBCB-1 (3), V 3726 (27), VC 2768 (25), VC 2771A (9), KY 2273 (8), KY 1945 (1), KY 2984 (18) e Brasil 20 (19). As demais formam um grupo mais homogêneo. Observa-se, portanto, que a terceira variável canônica acrescenta as linhagens VC 2802A e MBCB-1.

A análise de agrupamento, utilizando o método de otimização de Tocher, divide as linhagens em nove grupos heteróticos (Quadro 3). Pelo fato de as médias de rendimento de grãos, da maioria das linhagens, serem idênticas estatisticamente, e as linhagens dentro de cada grupo não apresentarem alguma característica de interesse, os cruzamentos indicados são os intergrupos. As estimativas das distâncias generalizadas de Mahalanobis entre pares de genótipos mostraram que as linhagens KY 1945 e V 3726 são as mais distantes, e Ouro Verde e KY-8 as mais próximas (dados não apresentados). As mais distantes pertencem aos agrupamentos IV e IX (Quadro 3).

QUADRO 3 - Agrupamento de 30 linhagens de feijão mungo obtido pelo método de otimização de Tocher utilizando a distância generalizada de Mahalanobis

Grupos heteróticos	Linhagens
I	16, 26, 13, 17, 4, 5, 28, 23, 30, 22, 14, 15, 11, 6
II	9, 25
III	20, 24, 7, 10, 12
IV	18, 19, 1, 29
V	8
VI	2
VII	3
VIII	21
IX	27

Observa-se concordância entre a análise de variáveis canônicas e o método de otimização de Tocher (Figuras 1 e 2 e Quadro 3). Todas as linhagens que se mostraram dispersas nos planos cartesianos das Figuras 1

e 2 apresentaram-se nos grupos heteróticos de II a IX no método de Tocher. Estes resultados confirmam CRUZ e REGAZZI (5), que recomendam que as variáveis canônicas devem representar um mínimo de 80% da variação total. No presente trabalho, o agrupamento de Tocher mostrou-se de mais fácil interpretação, devido ao grande número de linhagens.

A análise das variáveis canônicas permite o descarte daquelas características que contribuíram pouco para a variabilidade genética apresentada entre as linhagens avaliadas, possibilitando economia de tempo, mão-de-obra e recursos financeiros em futuros estudos. São descartadas aquelas características que apresentaram o maior coeficiente de ponderação nas variáveis canônicas menos importantes, ou seja, as últimas variáveis. A altura da vagem apresentou o maior coeficiente de ponderação (1,964775) na quarta variável canônica (Quadro 4), sendo recomendado o seu descarte. A possibilidade de descarte da altura de vagem é confirmada pela sua alta correlação genotípica com altura da planta (1,000) (Quadro 5).

QUADRO 4 - Coeficientes de ponderação associados às variáveis padronizadas: população de plantas (POP), altura da vagem superior (AP), altura de planta (AV) e rendimento de grãos (REND)				
Variáveis padronizadas	POP	AP	AV	REND
VC1	-0,111379	0,749653	0,442013	-0,826068
VC2	-0,681908	0,472903	-0,308086	0,847952
VC3	0,778629	0,442107	-0,260737	0,295903
VC4	0,075010	-1,736149	1,964775	0,029082

QUADRO 5 - Correlação genotípica entre as características população (POP), altura da vagem superior (AP), altura de planta (AV) e rendimento de grãos (REND)				
	POP	AP	AV	REND
POP	1,000	-0,2024	-0,2378	0,0159
AP	-0,2024	1,000	1,000	-0,0578
AV	-0,2378	1,000	1,000	-0,9500
REND	0,0159	-0,0578	-0,9500	1,000

4. CONCLUSÕES

a) Para a formação da população-base visando ao melhoramento intrapopulacional, são indicados os cruzamentos entre os grupos heteróticos determinados pelo método de otimização de Tocher ou as linhagens mais dispersas na análise gráfica das variáveis canônicas (V 3726, VC 2768, VC 2771A, VC 3004R, VC 2984, KY 2013, KY 2984, Brasil 20, KY 1945, VC 3061, KY 2273, VC 2802A e MBCB-1).

b) A análise gráfica das variáveis canônicas foi concordante com o método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

c) Foram identificados nove grupos heteróticos.

d) As linhagens KY 1945 e V 3726 são as mais divergentes geneticamente, e Ouro Verde e KY-8 as menos divergentes.

e) A característica altura da vagem poderá ser descartada em estudos posteriores.

5. RESUMO

Para se obterem novas variedades com maiores médias das características de interesse econômico, os programas de melhoramento de plantas baseiam-se na hibridação de progenitores que apresentam altas médias e ampla diversidade genética. As análises de divergência genética visam à identificação de progenitores adequados para obtenção de heterose e recombinação em programa de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre 30 linhagens de feijão-mungo, por meio de duas técnicas de análises multivariadas: variáveis canônicas e agrupamento. As linhagens foram agrupadas com base no método de otimização de Tocher, usando como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis. Concluiu-se que para a formação da população-base, visando o melhoramento intrapopulacional, são indicados os cruzamentos entre os grupos heteróticos determinados pelo método de otimização de Tocher ou as linhagens mais dispersas na análise gráfica das variáveis canônicas (V 3726, VC 2768, VC 2771A, VC 3004R, VC 2984, KY 2013, KY 2984, Brasil 20, KY 1945, VC 3061, KY 2273, VC 2802A e MBCB-1); a qual foi concordante com o método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis. Foram identificados nove grupos heteróticos. As linhagens KY 1945 e V 3726 são as mais divergentes geneticamente, e Ouro Verde e KY-8 as menos divergentes. A característica altura da vagem poderá ser descartada em estudos de avaliação da diversidade genética de feijão-mungo.

6. SUMMARY

(GENETIC DIVERGENCE OF MUNGBEAN LINES (*Vigna radiata* (L.) Wilczek))

To obtain new varieties with higher means of traits of high economic importance, plant breeding programs are based in crossing of parents that have high yield and high genetic divergence. Genetic divergence analyses aim to identify the best parents to obtain heterosis and recombination in breeding programs. The objective of this paper was to evaluate genetic divergence among 30 mungbean lines using canonical variable analysis and cluster analysis. The lines were grouped according to D^2 statistics of Mahalanobis' generalized distance. It was concluded that: nine heterotic groups were identified: Ouro Verde and KY-8 being the most similar, while KY 1945 and V 3726 the most dissimilar; KY 1945 was recommended to be crossed with V 3726; crossing among heterotic groups determined by cluster analysis or line dispersal in graphics analysis of canonical variables (V 3726, VC 2768, VC 2771A, VC 3004R, VC 2984, KY 2013, KY 2984, Brasil 20, KY 1945, VC 3061, KY 2273, VC 2802A and MBCB-1) is indicated to form base population aiming at intrapopulation breeding; graphics analysis of canonical variables was in agreement with cluster analysis based in Mahalanobis' generalized distance. The character height of pods can be discarded in studies of mungbean genetic divergence evaluation.

7. LITERATURA CITADA

1. ALLARD, R.W. *Principles of plant breeding*. New York, John Wiley e Sons, 1960. 485 p.
2. ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. *Indian Jour. Genet.*, 41: 226-236, 1981.
3. COMISSÃO DE FERTILIDADE DE SOLOS DE GOIÁS. *Recomendações de corretivos e fertilizantes para Goiás. 5ª aproximação*. Goiânia, UFG/EMGOPA, 1988. 101p.
4. CRUZ, C.D. *Programa Genes*. Viçosa, Ed. UFV, 1997. 442p.
5. CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2ª ed. Viçosa, Ed. UFV, 1997. 390p.
6. DUQUE, F.F.; PESSANHA, G.G. & QUEIROZ, P.H.S.de. Estudo preliminar sobre o comportamento de 21 cultivares de feijão-mungo em Itaguaí, RJ. *Pesq. Agropec. Brasil.*, 22: 593-598, 1987.
7. HALLAUER, A. R. & MIRANDA FILHO, J. B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468 p.
8. MIRANDA, G.V., SANTOS, I.C., PELUZIO, J.M., BESSA, J.C.A. & COIMBRA, R.R. Comportamento de linhagens de feijão mungo no sul do Estado de Tocantins. *Hort. Brasil.*, 14: 148-151, 1996.
9. RAO, C.R. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York, John Wiley, 1952. 390 p.

10. RHEENEN, H.A. van. Preliminary study of natural cross-fertilization in mungbean. *Netherlands Jour. of Agric. Sc.*, 12: 260-262, 1964.
11. VIEIRA, C. *Curso de melhoramento de plantas*. Viçosa, UREMG, 1964. 249 p.
12. VIEIRA, R.F. A cultura do feijão-mungo. *Inf. Agrop.*, 16(174): 37-46, 1992.
13. VIEIRA, R.F. & NISHIHARA, M.K. Comportamento de cultivares de mungo-verde (*Vigna radiata*) em Viçosa, Minas Gerais. *Rev. Ceres*, 39: 60-83, 1992.