



Diversidade genética entre acessos de feijão-guandu por meio de caracteres morfoagronômicos em região do cariri paraibano

Genetic divergence among pigeonpea accessions based on morphoagronomic traits in the region in cariri of Paraíba, Brazil

Lucyelly Dâmela Araújo Borborema¹; Esdras da Oliveira França Junior²; Ranoel José de Sousa Gonçalves³; Joelma Sales dos Santos³; Ana Paula Medeiros dos Santos Rodrigues⁴; Antonio Francisco de Mendonça Júnior⁴

¹Universidade Federal de Campina Grande. E-mail: lucyellyd@gmail.com. ²Empresa de Planejamento, Produção, Agropecuária e Irrigação Ltda. E-mail: esdrasjr_esam@yahoo.com.br. ³Universidade Federal de Campina Grande. E-mails: ranoelgoncalves@hotmail.com; joelma_salles@yahoo.com.br. ⁴Universidade Federal Rural de Pernambuco. E-mails: paula.medeiros@ufrpe.br; antonio.mendoncajunior@ufrpe.br.

ARTIGO

Recebido: 11/11/2019
Aprovado: 18/03/2020

Palavras-chave:
Cajanus cajan
Melhoramento vegetal
Genótipos

Key words:
Cajanus cajan
Plant breeding
Genotype.

RESUMO

Com objetivo de quantificar a divergência genética entre 22 acessos de feijão-guandu por meio da análise de agrupamentos com base em caracteres morfoagronômicos, além de indicar cruzamentos mais promissores para dar continuidade ao programa de melhoramento da espécie de feijão-guandu foi realizado a presente pesquisa. O delineamento experimental empregado foi o delineamento inteiramente casualizado. Foi realizado o teste de agrupamento de médias, segundo Scott e Knott a 5% de probabilidade. Os dados de médias dos caracteres desses acessos foram submetidos à análise de divergência genética. Foi aplicado o método de agrupamento pela ligação média entre grupos, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e método de agrupamento de Tocher. A importância relativa dos caracteres, também foram avaliadas. Existe ampla variabilidade genética entre os acessos de feijão-guandu, presentes no banco de germoplasma, e facilmente identificada por meio de caracteres morfoagronômicos. Quatro grupos distintos de acessos de feijão-guandu foram detectados, evidenciando a existência de diversidade entre os acessos. Os cruzamentos mais promissores são aqueles envolvendo como parentais os acessos dos grupos distintos e mais divergentes: Grupos IV e I, IV e II, IV e III, III e II, e II e I. O número de dias para o florescimento foi o caractere que mais contribuiu para divergência genética.

ABSTRACT

In order to quantify the genetic divergence between 22 accessions of pigeonpea by analyzing clusters based on morpho agronomic characters, in addition to indicating more promising crosses to continue the pigeonpea species improvement program, this study was carried out. The experimental design used was the completely randomized design. The averaging cluster test was performed, according to Scott Knott at 5% probability. The data of means of the characters of these accessions were submitted to the analysis of genetic divergence. The method of grouping by unweighted-pair group method with arithmetic means was applied, using the generalized Mahalanobis distance (D^2) and Tocher's grouping method. The relative importance of the characters was also assessed. There is ample genetic variability between pigeonpea accessions, present in the germplasm bank, and easily identified by means of morpho agronomic characters. Four distinct groups of pigeonpea accessions were detected, showing the existence of diversity between accessions. The most promising crossings are those involving the accessions of distinct and more divergent groups as parents: Groups IV and I, IV and II, IV and III, III and II, and II and I. The number of days to flowering was the character that most contributed to genetic divergence.



INTRODUÇÃO

Originária da Índia e introduzida no Brasil desde os períodos da escravidão, o feijão-guandu (*Cajanus cajan* (L.) Millspaugh), é uma leguminosa autógama diploide ($2n = 2x = 22$), e que dependendo da região onde é cultivado, tanto a campo quanto em quintais, pode também, ser conhecido por “andu”, “guandu” e “guando. Em direta relação ao aumento do interesse por leguminosas no Brasil a partir da última década, tem crescido o uso em larga escala do feijão-guandu como adubo verde, alimentação humana, alimento para ruminantes, tanto em pastagens exclusivas e consorciadas como em forma de forragem verde, feno e componente de mistura de silagem, além de sua utilização em sistemas de recuperação de solos e/ou pastagens degradados (SOUZA et al., 2007).

O grande número de ovinos e caprinos observados em regiões como o cariri paraibano, sendo esta, por exemplo, a região responsável pela maior produção de leite de caprinos no Brasil, proporciona uma demanda maior de alimentos que venha a suprir as necessidades alimentícias destes animais. Neste tocante, frente às limitações edafoclimáticas destas regiões, além das características próprias dos agricultores e ou produtores, é cada vez maior a procura por espécies vegetais que venham a produzir satisfatoriamente nessas regiões. Assim, o feijão-guandu, pode ser uma ótima alternativa para atender tal demanda, além de possibilitar o atendimento do crescente consumo humano desta leguminosa que vem ocorrendo nas regiões semiáridas do nordeste brasileiro.

Poucas informações são disponíveis acerca de genótipos de feijão-guandu mais adaptados às condições particulares dos produtores de determinada região, face à escassez de pesquisas inerentes, fato este, também observado para região do cariri paraibano. No entanto, atualmente é possível inferir que se tenha considerável diversidade genômica desta espécie, nas diversas regiões produtoras do Brasil, oriunda principalmente de introduções de plantas provenientes de outras localidades.

Em etapas iniciais dos programas de melhoramento de qualquer espécie vegetal, a caracterização de cada genótipo é de fundamental importância para que a possível variabilidade existente possa ser utilizada de forma eficiente no desenvolvimento de novas cultivares, e de acordo com as características das regiões para as quais serão destinadas. E ainda, em programas de melhoramento envolvendo a seleção de genótipos superiores, é necessário, além de dispor de informações a respeito do germoplasma a ser utilizado, saber também de suas potencialidades genéticas e de parâmetros genéticos intrínsecos às características que serão melhoradas.

Segundo Rodrigues et al. (2010), a divergência genética é um dos mais importantes parâmetros avaliados por melhoristas de plantas na fase inicial de um programa de melhoramento genético. Em programas que envolvem hibridações, estes estudos fornecem parâmetros para a identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitem maior efeito heterótico na progênie (CARVALHO et al., 2003). A quantificação da diversidade genética pode ser realizada por meio de caracteres agrônômicos, morfológicos e moleculares entre outros (AMORIM et al., 2007).

Segundo Miranda et al. (1988), um dos parâmetros para a escolha de genitores a serem utilizados em programas de melhoramento, é a divergência genética, quantificada, em geral, por estatísticas multivariadas como a distância generalizada de Mahalanobis. O estudo da diversidade genética entre acessos de uma espécie, além de possibilitar a identificação de materiais genéticos muito próximos ou duplicados, indica aqueles genótipos mais distantes geneticamente, os quais poderão ser recomendados para futuros programas de policruzamentos no desenvolvimento de cultivares melhoradas (SCAPIM et al., 1999).

Com intuito de escolher genitores que possibilitem a formação de população segregante para a seleção de genótipos favoráveis à obtenção de novos cultivares, assim, objetivou-se quantificar a divergência genética entre 22 acessos de feijão-guandu por meio da análise de agrupamentos com base em caracteres morfoagronômicos, além de indicar cruzamentos mais promissores para dar continuidade ao programa de melhoramento da espécie.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido em área experimental pertencente ao Centro de Desenvolvimento Sustentável do Semiárido – CDSA, da Universidade de Federal de Campina Grande - UFCG, no município de Sumé - PB, cujas coordenadas geográficas são: 7° 40' 18" Latitude Sul e 36° 52' 54" Longitude Oeste e a altitude média é de 518 m. Possui precipitação média anual de 538 mm, temperatura média de 22,9 °C e segundo a classificação de Köppen o clima da região é do tipo Bsh (Semiárido quente com chuvas de verão). Foi utilizada um telado pertencente ao CDSA.

No total foram submetidos à avaliação todos 22 acessos de feijão-guandu pertencentes ao banco de germoplasma da espécie, em delineamento inteiramente casualizado (DIC) com três repetições, sendo a parcela constituída de uma planta por vaso. A semeadura foi efetuada manualmente com três sementes por vaso cuja capacidade é de 15 litros, foi realizado o desbaste em cada vaso deixando apenas uma única semente. A irrigação foi realizada duas vezes ao dia, uma pela manhã logo cedo e outra ao final da tarde, sendo a umidade no solo presente nos vasos monitorada com o auxílio de tensiômetro digital modelo AMT – 300.

O substrato utilizado para preenchimento dos vasos foi resultado da mistura de solo e esterco de ovino/caprino adquiridos de criadores da região. O solo foi coletado da camada 0 – 20 cm no Campus de Sumé da UFCG, em seguida esse solo foi destorroado, peneirado e posteriormente homogeneizado juntamente com o esterco curtido com auxílio de uma betoneira. A homogeneização foi no sentido de deixar em cada vaso a proporção de 2 (duas) partes de solo para 1(uma) parte de esterco curtido.

Os acessos pertencentes ao banco de germoplasma, foram coletados em diferentes cidades localizadas no cariri paraibano. Sendo estes obtidas em feiras livres e/ou em propriedades de agricultores/produtores da região (Tabela 1).

Tabela 1. Número do tratamento no experimento (Trat.), acessos de feijão-guandu e respectivos locais de coleta (todas cidades localizadas no cariri do estado da Paraíba).

Trat.	Acesso	Procedência	Trat.	Acesso	Procedência
1	G-SU/01-J18	SUMÉ	12	G-COX/12-F18	COXIXOLA
2	G-SU/02-J18	SUMÉ	13	G-SB/13-F18	SERRA BRANCA
3	G-MO/03-J18	MONTEIRO	14	G-SB/14-F18	SERRA BRANCA
4	G-MO/04-J18	MONTEIRO	15	G-SJC/15-F18	SÃO JOÃO DO CARIRI
5	G-ZA/05-J18	ZABELÊ	16	G-PA/16-M18	PARARI
6	G-PR /06-J18	PRATA	17	G-SA/17-M18	SANTO ANDRÉ
7	G-TA/07-F18	TAPEROÁ	18	G-CA/18-M18	CAMALAU
8	G-TA/08-F18	TAPEROÁ	19	G-AM/19-M18	AMPARO
9	G-SJ/09-F18	SÃO JOSÉ DOS CORDEIROS	20	G-GU/20-M18	GURJÃO
10	G-LI/10-F18	LIVRAMENTO	21	G-OV/21-M18	OURO VELHO
11	G-CON/11-F18	CONGO	22	G-OV/22-M18	OURO VELHO

Os dados foram submetidos a análise de variância para avaliação da existência de variabilidade genética entre os acessos. Foi realizado o teste de agrupamento de médias, segundo Scott e Knott (1974) a 5% de probabilidade. Essas análises foram processadas mediante o programa computacional GENES (CRUZ, 2008).

Os dados de médias dos caracteres desses acessos foram submetidos à análise de divergência genética. Foi aplicado o método de agrupamento pela ligação média entre grupos (UPGMA), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e método de agrupamento de Tocher. A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética observada entre os acessos foi realizada seguindo a metodologia empregada MORAIS et al. (1998) e por meio da participação dos componentes de D^2 , relativos a cada característica, no total de dissimilaridade observada. Todas as análises foram realizadas conforme descrito por Cruz et al. (2012).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi observado efeito altamente significativo pelo teste F a 1% de probabilidade, para a fonte de variação “acessos”, em todos caracteres, indicando assim, haver variabilidade genética entre eles (Tabela 2). As estimativas dos coeficientes de variação ambiental (CV) foram de 7,89%, 10,41%, 8,50 e 25,55%, para número de dias para o florescimento (NDF), altura de plantas (AP), diâmetro de caule (DC) e altura do primeiro ramo (APR), respectivamente. Os valores da razão $b = CV_g / CV_e$ só superou 2,0 para o NDF (3,02), sendo neste caso, possível inferir que não somente há alta variabilidade entre os acessos de feijão-guandu, mas também uma situação bastante favorável para a seleção de clones resistentes (GONÇALVES et al., 2019).

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) foram altas (superiores a 80%) para todas variáveis analisadas (Tabela 2), possibilitando inferir que a maior parte da variabilidade fenotípica foi de natureza genética, indicando que a seleção baseada nessas características poder ser realizada com eficiência.

Pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade foi possível observar a formação de 4 grupos distintos para as variáveis número de dias para o florescimento – NDF e para o diâmetro

do caule - DC, 3 para a altura de plantas - AP e 2 grupos distintos para altura do 1º ramo – APR.

Para o NDF, foi observado que 11 acessos ficaram presentes em um agrupamento mais tardio, com uma variação de 169,33 a 190,00 dias para o florescimento, outro grupo composto por G-ZA/05-J18 e G-OV/21-M18 tiveram variação de 146,67 a 160,00 dias, 4 acessos ficaram agrupados naqueles que tiveram uma variação de 118,00 a 140,67 dias e um último grupo, também composto por 4 acessos, que ficaram num agrupamento mais precoce com relação aos dias para o florescimento (81,33 a 99,67 dias) (Tabela 2). Na variável altura de planta - AP, verificou-se a formação do grupo de menor altura, tendo este uma variação de 1,72 a 1,98 m (G-SU/01-J18, G-COX/12-F18, N G-CA/18-M18 e G-OV/20-M18), a formação de um grupo de altura intermediária, com variação de 2,10 a 2,28 m (G-TA/08-F18, G-SB/14-F18, G-PA/16-M18, G-SA/17-M18 E G-OV/22-M18) e os 13 acessos restantes ficaram agrupados naquele com maior variação de AP (2,33 a 2,88 metros) (Tabela 2).

Com relação ao DC, foi observado que 10 acessos ficaram presentes num agrupamento com maior DC (1,55 a 1,77 cm), outro grupo composto pelos acessos G-ZA/05-J18, G-TA/08-F18, G-SB/13-F18, G-AM/19-M18 e G-OV/21-M18 tiveram presente no agrupamento com variação de 1,39 a 1,50 cm, 2 acessos ficaram agrupados em um terceiro grupo, composto pelos acessos G-PA/16-M18 e G-AS/17-M18, com diâmetro de caule de 1,27 e 1,34 cm, respectivamente. Por fim, para a variável APR, foi possível observar que houve a formação de um agrupamento composto por aqueles acessos com menor altura, variando de 0,29 e a 0,55 cm (10 acessos) e aqueles que ficaram presente no agrupamento de maiores APR, com variação entre 0,77 a 1,20 cm (12 acessos) (Tabela 2).

Guedes et al. (2017) comenta que a percepção da variabilidade existente para caracteres pode contribuir para definir a aptidão agrícola do genótipo de feijão-guandu. Neste aspecto, para a utilização do guandu como planta forrageira anual, é desejável que as plantas fossem relativamente baixas, entre 90 a 130 cm, florescimento precoce, entre 70 a 90 dias e colmo menos espesso, uma vez que esse ideótipo facilita os tratos culturais mecanizados, além da possibilidade consorciação com outras culturas anuais como milho, sorgo e milheto, para produção de feno ou silagem.

Tabela 2. Resumo das análises de variância para caracteres quantitativos e agrupamento de médias de 22 acessos de feijão-guandu coletados no cariri paraibano.

Acessos	Caracteres Quantitativos ¹			
	NDF	AP	DC	APR
G-SU/01-J18	95,67 d ²	1,76 c	1,08 d	0,35 b
G-SU/02-J18	177,33 a	2,33 a	1,69 a	0,84 a
G-MO/03-J18	172,33 a	2,33 a	1,55 a	1,02 a
G-MO/04-J18	190,00 a	2,74 a	1,65 a	1,20 a
G-ZA/05-J18	146,67 b	2,53 a	1,42 b	0,55 b
G-PR /06-J18	181,00 a	2,52 a	1,77 a	1,00 a
G-TA/07-F18	179,67 a	2,46 a	1,64 a	1,00 a
G-TA/08-F18	140,67 c	2,17 b	1,39 b	0,50 b
G-SJ/09-F18	179,67 a	2,61 a	1,67 a	0,93 a
G-LI/10-F18	169,33 a	2,73 a	1,62 a	0,77 a
G-CON/11-F18	170,00 a	2,71 a	1,61 a	0,79 a
G-COX/12-F18	98,33 d	1,92 c	1,07 d	0,37 b
G-SB/13-F18	122,67 c	2,41 a	1,39 b	0,45 b
G-SB/14-F18	99,00 d	2,14 b	1,10 d	0,33 b
G-SJC/15-F18	183,67 a	2,74 a	1,66 a	1,00 a
G-PA/16-M18	118,00 c	2,10 b	1,27 c	0,41 b
G-SA/17-M18	134,67 c	2,28 b	1,34 c	0,48 b
G-CA/18-M18	81,33 d	1,88 c	1,00 d	0,29 b
G-AM/19-M18	176,33 a	2,43 a	1,50 b	0,85 a
G-GU/20-M18	99,67 d	1,72 c	1,16 d	0,36 b
G-OV/21-M18	160,00 b	2,25 b	1,44 b	0,79 a
G-OV/22-M18	188,00 a	2,88 a	1,67 a	1,06 a
F (acessos)	136,36**	0,0597**	0,0150**	0,0318**
MÉDIA	148,36	2,35	1,44	0,70
CV (%)	7,89	10,41	8,50	25,55
$b = CVg/CVe$	3,02	1,23	1,86	1,53
h_a^2 (%)	97	82	91	88

¹AP: Altura de plantas (m); DC: Diâmetro do caule (cm); APR: Altura do 1º ramo (cm); NDF: número de dias para florescimento. ²Médias seguidas pelas mesmas letras nas colunas pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott-Knott ($P < 0,05$); **Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; *Não-significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Assim, nenhum dos acessos avaliados apresentou essas três qualidades simultaneamente para serem classificadas como aptidão de forrageira anual, principalmente pelo fato de não ter sido possível verificar acessos com alturas menor que 1,76 metros. Destacam-se os acessos G-SU/01-J18, G-COX/12-F18, G-CA/18-M18 e G-GU/20-M18 que não diferiram, pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, ficando presentes no agrupamento de menor porte, ou seja, menor altura de planta - AP, estes, também, foram os que ficaram presentes no agrupamento referente aos acessos com florescimento precoce (81,33 a 99,00 dias para o florescimento), e os mesmos, juntamente com o acesso G-SB/14-F18, estão presentes no agrupamento com caule menos espesso (Tabela 2). Por outro lado, plantas de porte alto, caule espesso, maior número de ramos, florescimento contínuo, grãos claros e perenicidade, são desejáveis para implementação como bancos de proteínas forrageiro, além de fornecimento de grão para alimentação humana. Nesse sentido, para a seleção destes ideótipos de planta para cada tipo de aptidão, será necessário recombinar os acessos promissores para reunir as características de interesse em um único genótipo.

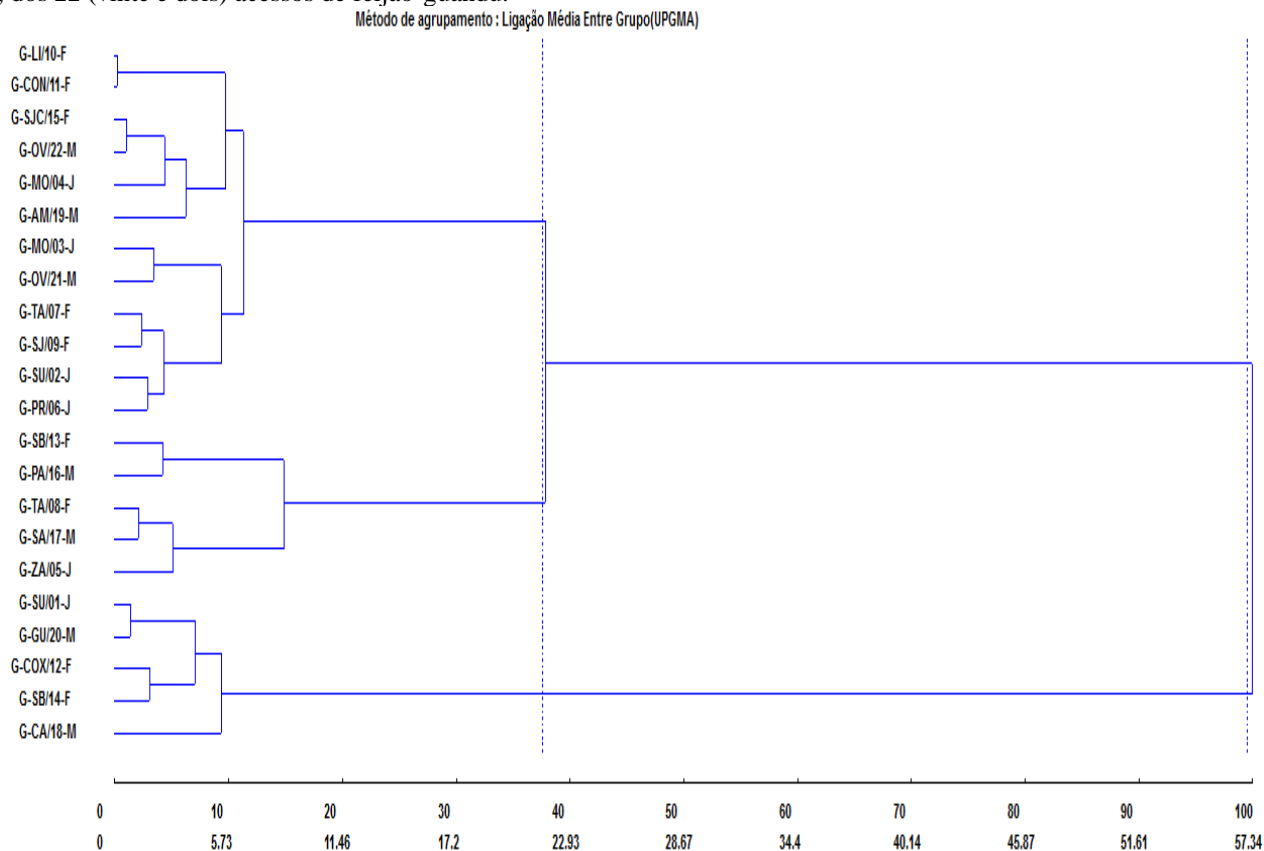
Em relação ao agrupamento de pelo método UPGMA, baseado na distância generalizada de Mahalanobis (D^2) (Figura 1), é possível observar certa semelhança na capacidade discriminante dos acessos em relação ao método de Tocher (Tabela 3), sendo bem verdade, que o primeiro método evidencia a formação de mais subgrupos.

É possível destacar que 54,54% dos 22 acessos avaliados estariam presentes no primeiro grupo (I). Se for considerando a porcentagem próxima aos 40% para a dissimilaridade genética de acordo com o UPGMA (Figura 1), verifica-se a formação de três grupos distintos, um a menos que observado pelo método de Tocher. Onde o grupo I é representado pelos acessos G-LI/10-F18, G-CON/11-F18, G-SJ/09-F18, G-SJC/15-F18, G-MO/03-J18, G-TA/07-F18, G-AM/19-M18, G-SU/02-J18, G-MO/04-J18, G-OV/22-M18, G-PR/06-J18; o grupo II pelo acesso G-OV/21-M18, o grupo III com os acessos G-TA/08-F18, G-SA/17-M18, G-ZA/05-J18, G-PA/16-M18, G-SB/13-F18 e finalizando com o grupo IV onde estão incluídos os acessos G-SU/01-J18, G-GU/20-M18, G-COX/12-F18, G-CA/18-M18, G-SB/14-F18. A inconsistência dos dois métodos, especificamente, ficou relacionado ao acesso G-OV/21-M18, onde no método de dissimilaridade genética de

acordo com o UPGMA enquadrou este acesso juntamente com todos os presentes no grupo I, entretanto é importante evidenciar que entres esses acessos, o G- OV/21-M18 foi o que não se apresentou no mesmo grupo que os demais para todos os

4 (quatro) caracteres avaliados pelo teste de Skott-Knott a 5% de probabilidade (Tabela 2). Assim, são fortes os indícios que esse acesso pode ser uma boa escolha parental para etapas de hibridações, pois apresenta divergência com demais.

Figura 1. Dendrograma obtido por meio da distância de Mahalanobis e pelo método de agrupamento UPGMA de dissimilaridade genética, dos 22 (vinte e dois) acessos de feijão-guandu.



Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos (RODRIGUEZ et al., 2010). Já nos métodos de otimização, os grupos são estabelecidos aperfeiçoando determinado critério de agrupamento, diferindo dos métodos hierárquicos pelo fato de os grupos formados serem mutuamente exclusivos (CRUZ et al., 2012).

Tabela 3. Agrupamento estabelecido pelo método de Tocher entre 22 (vintes e dois) acessos de feijão-guandu (*Cajanus cajan*).

Grupos	Acessos
I	G-LI/10-F18, G-CON/11-F18, G-SJ/09-F18, G-SJC/15-F18, G-MO/03-J18, G-TA/07-F18, G-AM/19-M18, G-SU/02-J18, G-MO/04-J18, G-OV/22-M18, G-PR/06-J18
II	G- OV/21-M18
III	G-TA/08-F18, G-SA/17-M18, G-ZA/05-J18, G-PA/16-M18, G-SB/13-F18
IV	G-SU/01-J18, G-GU/20-M18, G-COX/12-F18, G-CA/18-M18, G-SB/14-F18

Em relação a importância relativa (S_j) de cada caractere morfoagronômico para o estudo da diversidade genética entre os 22 acessos de feijão-guandu. Os caracteres que mais contribuíram para diversidade genética foi o NDF (75,17%), seguida por APR (14,10 %) e DC (6,00%). A variável que menos contribuiu para a divergência foi a altura da planta - AP, que apresentou uma variação de 4,73% (Tabela 4).

Tabela 4. Importância relativa (S_j) de caracteres para o estudo da diversidade genética entre 22 (vinte e dois) acessos de feijão-guandu (*Cajanus cajan*).

Caracteres	S _j	Valor (%)
NDF	8333,16	75,17
AP	524,46	4,73
DC	664,64	6,00
APR	1563,20	14,10

AP: Altura de plantas (cm); DC: Diâmetro do caule; APR: Altura do 1º ramo; NDF: número de dias para florescimento.

Diante do exposto, alguns cruzamentos podem ser sugeridos, seguindo-se o princípio de se cruzar os acessos mais distantes e com melhores características agrônômicas (SUDRÉ

et al., 2005), como por exemplo os acessos presentes no grupo I com os presentes no grupo IV.

Por fim, é preciso deixar evidente que outros caracteres devem ser empregados para uma recomendação mais precisa dos parentais os quais devem ser empregados na etapa de hibridação entre parentais. Entretanto, o estudo realizado evidencia a importância de caracteres morfoagronômicos para avaliar a divergência genética, possibilitando assim uma opção viável como ferramenta na avaliação da divergência genética na cultura do feijão-guandu.

CONCLUSÕES

Existe ampla variabilidade genética entre os acessos de feijão-guandu, presentes no banco de germoplasma, e facilmente identificada por meio de caracteres morfoagronômicos.

Quatro grupos distintos de acessos de feijão-guandu foram detectados, evidenciando a existência de diversidade entre os acessos.

Os cruzamentos mais promissores são aqueles envolvendo como parentais os acessos dos grupos distintos e mais divergentes: Grupos IV e I, IV e II, IV e III, III e II, e II e I.

O número de dias para o florescimento é o caractere que mais contribuiu para divergência genética.

AGRADECIMENTO(S)

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – Brasil – CNPq pelo apoio na realização do presente trabalho, inclusive por disponibilizar bolsa, pois o projeto foi desenvolvido pelo programa PIBIC/CNPq-UFCG. Aos agricultores que cederam as sementes do feijão-guandu e a Universidade Federal de Campina Grande pela estrutura e disponibilizada.

REFERÊNCIAS

AMORIM, E. P.; RAMOS, N. P.; UNGARO, M. R. G.; KIIHL, T. A. M.; Divergência genética em genótipos de girassol. *Ciência e Agrotecnologia*, v. 31, p.1637-1644, 2007.

CRUZ, C. D., Programa Genes - versão Windows. Editora UFV. Viçosa, MG. 2008. 278p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514p.

GODOY, R.; BATISTA, L. A. R.; SOUZA, F. H. D. de.; PRIMAVESI, A. C. Caracterização de linhagens puras selecionadas de guandu (*Cajanus cajan* (L.) Millsp). *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 32, n. 3, p. 546-555, 2003.

GONÇALVES, R. J. de S.; CARVALHO, R. de C.; MALUF, W. R.; ANDRADE, M. A.; GONÇALVES NETO, A. C.; ALVES, M. Z. Resistance to *Meloidogyne enterolobii* in sweet potatoes. *Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias*. v.51, n.1, p. 318-332, 2019.

GUEDES, F. L.; SOUZA, I. M. de; ALMEIDA, B. K. da S.; SOUZA, H. A. de; POMPEU, R. C. F. F.; PONTE FILHO, F. A. M. da; GAMA, L. B. dos S. Variabilidade genética de feijão guandu adaptado para regiões de fotoperíodo neutro. Comunicado Técnico 166. Sobral – CE: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2017. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/172153/1/CNPC-2017-COT-166.pdf>>. Acesso em: 10 maio. 2018.

MORAIS, O. P.; SILVA, J. C.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; NEVES, P. de C. F. Divergência genética entre os genitores da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.28, p. 150-158, 1998.

MIRANDA, J. E. C.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, A. S. Análise de trilha e divergência genética de cultivares e clones de batata-doce. *Revista Brasileira Genética*., v.11, n.4, p. 881-892, 1988.

RODRIGUES, H. C. de A.; CARVALHO, S. P. de; CARVALHO, A. A. de; CARVALHO FILHO, J. L. S. de; CUSTÓDIO, T. N. Avaliação da diversidade genética entre acessos de mamoneira (*Ricinus communis* L.) por meio de caracteres morfoagronômicos. *Revista Ceres*, v. 57, p. 773-777, 2010.

SCAPIM, C. A.; PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; BRACCINI, A. L.; OLIVEIRA, V. R. Avaliação da diversidade genética em *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh, por meio da análise multivariada. *Revista Ceres*, v. 46, n. 266, p. 347-356, 1999.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A. Cluster analyses method for grouping means in the analyses of variance. *Biometrics*, Raleigh, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SOUZA, F. H. D.; FRIGERI, F.; MOREIRA, A.; GODOY, R. Produção de sementes de guandu. Documentos 69. 1ª Edição. São Carlos - SP: Embrapa Pecuária Sudeste, 2007. Disponível em:

<<http://www.cppse.embrapa.br/servicos/publicacaogratis/documentos/Documentos69pdf/view>>. Acesso em: 22 mar. 2018.