

AValiação de Genótipos de Feijão-caupi de Porte Semiprostrado na Região Meio-Norte do Brasil

**Michel Alves Barros¹; Maurisrael de Moura Rocha², Regina Lucia Ferreira Gomes³; Kaesel Jackson
Damasceno e Silva²**

¹Engº Agrônomo, Mestre em Agronomia, Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI. E-mail: michelbarrosphb@hotmail.com

²Engº Agrônomo, Pesquisador, Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, Teresina, PI.

³Engª Agrônoma, Professora, Universidade Federal do Piauí, Campus Agrícola da Socopo, Teresina, PI.

Resumo – O objetivo deste trabalho foi avaliar e selecionar genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado com base na produtividade de grãos e seus componentes. Foram avaliados 20 genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado em nove ambientes na região Meio-Norte do Brasil, no período de 2010 a 2011. Os caracteres avaliados foram: número de dias para o início da floração (NDIF), valor de cultivo (VC), acamamento (ACAM), comprimento de vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PG). Foram realizadas análises de variância conjunta dos ambientes e comparação das médias pelo teste Scott-Knott ($P < 0,05$). Os genótipos apresentaram maior variabilidade para os caracteres NDIF, VC, COMPV, NGV e P100G. Embora os genótipos não tenham diferido para PG, a cultivar BRS Xiquexique obteve a maior média em valor absoluto. A linhagem MNC02-701F-2 apresentou superioridade para os caracteres IG e NGV, e obteve a segunda colocação em termos de PG.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, produtividade, componentes de produção, interação genótipos x ambientes.

Introdução

No Brasil, o feijão-caupi destaca-se por sua importância socioeconômica para as famílias das regiões Norte e Nordeste, constituindo-se em um dos principais componentes da dieta alimentar na zona urbana e, especialmente, para as populações rurais, gerando emprego e renda para milhares de pessoas (FREIRE FILHO et al., 2005). O feijão-caupi é cultivado, praticamente, em toda a região Meio-Norte, porém, existem áreas de concentração, caracterizadas como tradicionais produtoras e áreas potencialmente estratégicas, como a expansão da fronteira do Sudoeste piauiense e especialmente, o Sul do Maranhão (FROTA; PEREIRA, 2000). Nessa área de expansão, em cultivos de sequeiro (primeira safra), o feijão-caupi pode ser utilizado como cultura principal nos monocultivos, na rotação de culturas, safrinha ou cultivos sequenciados, não apenas com bons resultados econômicos, pois a cultura tem um custo muito competitivo, o que tem feito aumentar o interesse dos produtores, mas também na melhoria das condições físico-químicas do solo (FROTA; PEREIRA, 2000; FREIRE FILHO et al., 2011). Em relação a outras culturas, pode-se dizer que o feijão-caupi ainda é pouco melhorado. Entretanto, possui uma ampla variabilidade genética para praticamente todos os caracteres de interesse agrônomo. As

cultivares brasileiras são, quase em sua totalidade, de crescimento indeterminado e de portes semiprostrados e prostrados (FREIRE FILHO et al., 2009). O objetivo deste trabalho foi avaliar e selecionar genótipos de feijão-caupi de porte semi-prostrado para a produtividade de grãos e seus componentes na região Meio-Norte do Brasil.

Material e Métodos

Foram avaliados 20 genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado, sendo 14 linhagens e 6 cultivares (testemunhas), provenientes do Programa de Melhoramento de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte. Os ensaios foram conduzidos na região Meio-Norte do Brasil, nos anos agrícolas de 2010 e 2011. Os ambientes de avaliação consistiram da combinação de local e ano, resultando em nove ambientes nos estados do Piauí e Maranhão: Balsas, MA, 2010/2011; Bom Jesus, PI, 2010/2011; Buriti, MA, 2010; Campo Grande do Piauí, PI, 2011; São João do Piauí, PI, 2011; e São Raimundo das Mangabeiras, MA, 2010/2011. Em todos os ensaios, as sementeiras ocorreram no sistema de cultivo de sequeiro, levando em consideração a época das chuvas na região Meio-Norte do Brasil. Já as colheitas, ocorreram sempre no final do período chuvoso.

Os ensaios foram conduzidos em delineamento de blocos completos casualizados, com 20 tratamentos e quatro repetições. Cada parcela apresentou as dimensões de 3,0 m x 5,0 m, constando de quatro fileiras de 5 m, tendo como área útil às duas fileiras centrais de 1,6 m x 5 m (8,00 m²). O espaçamento entre fileiras foi de 0,80 m, e dentro da fileira, de 0,25 m.

Foram avaliados visualmente no campo, na área útil da parcela, os seguintes caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF); valor de cultivo (VC) e acamamento (ACAM). Os dados de VC e ACAM foram transformados para $\sqrt{x+0,5}$. Os caracteres relacionados à produção avaliados em laboratório foram: comprimento de vagem (COMPV); número de grãos por vagem (NGV); peso de 100 grãos (P100G); índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PG).

Foram realizadas análises de variância conjunta dos ambientes e comparação das médias dos genótipos pelo teste de Scott-Knott ($P < 0,05$). Os dados foram analisados, utilizando-se o software Genes, Genética Quantitativa e Estatística Experimental, versão 2009.7.0 (CRUZ, 2006).

Resultados e Discussão

Os genótipos diferiram para todos os caracteres pelo Teste F (Tabela 1). Para o caráter NDIF, a variação foi em torno de 40,90 dias (14-MNC03-761F-1) a 44,25 dias (8-MNC02-677F-5). A linhagem 14-MNC03-761F-1 foi a mais precoce em valor absoluto. A média das linhagens (43,14) foi estatisticamente igual à média geral dos genótipos e superior a média das testemunhas. A média geral dos genótipos foi de 42,72 dias, valor este inferior ao encontrado por Rocha et al. (2011) e superior ao obtido por Benvindo et al. (2010).

O ACAM variou de 1,32 (6-MNC02-676F-1 e 9-MNC02-680F-12) a 1,80 (19-BR 17-Gurguéia) (Tabela 1). A média geral dos genótipos foi de 1,53, resultado esse semelhante ao encontrado por Rocha et al. (2008), com 1,58 e inferior ao encontrado por Benvindo et al. (2010), com índice de 2,90.

Para o caráter VC, a escala de notas variou de 1,56 (19-BR 17-Gurguéia) a 1,85 (14-MNC03-761F-1) (Tabela 1). Foram formados dois grupos (A e B), sendo que o grupo A representou 35% dos genótipos, formado pelas linhagens 3 (MNC01-649F-2-11), 5 (MNC02-675F-9-5), 6 (MNC02-676F-1), 8 (MNC02-677F-5), 9 (MNC02-680F-12), 10 (MNC02-689F-2-8) e 14 (MNC03-761F-1), que foram superiores às médias das

testemunhas e dos genótipos. O grupo B foi formado pelos demais genótipos, que apresentaram médias inferiores a 1,74. A média das linhagens foi superior à média geral dos genótipos e das testemunhas. A média geral dos genótipos (1,70) foi inferior ao encontrado por Silva e Neves (2011), mas, superior à obtida por Rocha et al. (2008; 2011).

O caráter COMPV apresentou médias variando de 18,02 cm (19-BR 17-Gurguéia) a 22,92 cm (7-MNC02-677F-2) (Tabela 1). Essa linhagem teve média superior às médias das testemunhas (19,72 cm) e genótipos (20,49 cm), porém, não diferiu da média das linhagens. A média geral desse caráter foi de 20,49 cm, superior à obtida por Silva e Neves (2011) e similar à encontrada por Santos et al. (2009), com média de 20,51 cm. Quanto ao NGV, as médias dos genótipos variaram de 12,29 (17-BRS Juruá) a 15,47 (11-MNCO2-701F-2). As médias gerais dos genótipos, linhagens e testemunhas foram similares. A média geral dos genótipos (14,20) foi superior à obtida por Santos et al. (2009) e idêntica à encontrada por Silva e Neves (2011), porém, inferior ao valor obtido por Rocha et al. (2011).

O caráter P100G apresentou variação de 12,77 g (19-BR 17-Gurguéia) a 21,45 g (13-MNCO3-736F-6) (Tabela 1). A testemunha BR 17-Gurguéia também apresentou baixo P100G nos trabalhos conduzidos por Silva e Neves (2011). A média das linhagens foi similar à média dos genótipos e das testemunhas. A média geral dos genótipos foi de 18,84 g, valor esse inferior ao encontrado por Rocha et al. (2011) e semelhante ao encontrado por Silva e Neves (2011). O IG variou de 71,28 na linhagem MNCO1-649F-2-11 a 80,43, na linhagem MNCO2-701F-2. A média das linhagens foi similar às médias dos genótipos e das testemunhas. A média geral dos genótipos foi de 75,60%, resultado esse idêntico ao encontrado por Silva e Neves (2011), mas inferior ao encontrado por Rocha et al. (2011).

A PG variou de 684,91 kg ha⁻¹ (17-BRS Juruá) a 1.187,08 kg ha⁻¹ (16-BRS Xiquexique). Em termos de genótipos, a cultivar BRS Xiquexique foi o que obteve maior média em valor absoluto (1.187,08 kg ha⁻¹). A média das linhagens foi similar às médias dos genótipos e das testemunhas (P<0,05). Quanto às linhagens, destacou-se em valor absoluto a 11-MNC02-701F-2, com 1.167,54 kg ha⁻¹. A produtividade média obtida no ensaio é considerada alta, comparado à média nacional (369,00 kg ha⁻¹) (FREIRE FILHO et al., 2011) e do estado do Piauí (740,74 kg ha⁻¹). Essa média foi superior às médias encontradas por Rocha et al. (2011), com produtividade média de 860,65 kg ha⁻¹; e Silva e Neves (2011), com produtividade média de 851,59 kg ha⁻¹, no entanto, inferior à média obtida por Nunes (2012), que obteve 1.564,24 kg ha⁻¹.

Conclusões

Os genótipos apresentaram maior variabilidade para o número de dias para o início da floração, valor de cultivo, comprimento de vagem, número de grãos por vagem e peso de 100 grãos. Embora os genótipos não tenham diferido quanto à produtividade de grãos, a cultivar BRS Xiquexique obteve a maior média em valor absoluto. A linhagem MNC02-701F-2 apresentou superioridade para os caracteres índice de grãos e número de grãos por vagem e obteve a segunda colocação em produtividade de grãos.

Referências

BENVINDO, R.N.; SILVA, JOSÉ A.L.; FREIRE FILHO, F.R.; ALMEIDA, A.L.G.; OLIVEIRA, J.T.S.; BEZERRA, A.A.C. Avaliação de genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado em cultivo de sequeiro e irrigado. **Comunicata Scientiae**, v.1, n.1, p. 23-28, 2010.

- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa, MG: UFV, v. 2, 2006. 585p.
- FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 519 p.
- FREIRE FILHO, F.R.; ROCHA, M.M.; DAMASCENO-SILVA, K.J.; RIBEIRO, V.Q.; NOGUEIRA, M.S.R. Feijão-caupi: melhoramento genético, resultados e perspectivas. In: SIMPÓSIO NORDESTINO DE GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2009, Fortaleza. O melhoramento genético no contexto atual: **Anais...** Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical: SBMP - Regional Ceará, 2009. p. 25-59.
- FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q.; ROCHA, M.M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; NOGUEIRA, M. S.R.; RODRIGUES, E.V. **Feijão-caupi: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica. 2011. 81 p.
- FROTA, A.B.; PEREIRA, P.R. Caracterização da produção do feijão caupi na região Meio-Norte do Brasil. In: CARDOSO, M.J. (ed). **A Cultura do Feijão Caupi no Meio-Norte do Brasil**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2000. p. 9-25.
- NUNES, H.F. **Adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de genótipos de feijão-caupi do tipo fradinho em cultivos de sequeiro e irrigado**. 2012. 106 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina.
- ROCHA, M.M.; OLIVEIRA, J.T.S; DAMASCENO-SILVA, K.J.; FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q.; BARROS, F.R.; RODRIGUES, E.V. **Seleção de genótipos de feijão-caupi tipo comercial canapu no semiárido piauiense**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2011. 133p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 99).
- SANTOS, J.F.; GRANGEIRO, J.I.T.; BRITO, L.M.P.; OLIVEIRA, M.M.; OLIVEIRA, M.E.C. Novas variedades de caupi para a microrregião do Brejo Paraibano. **Tecnologia & Ciência Agropecuária**, v.3, n.3, p.7-12, 2009.
- SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A. Componentes de produção e suas correlações em genótipos de feijão-caupi em cultivo de sequeiro e irrigado. **Revista Ciência Agrônômica**, v.42, p. 702-713, 2011.

Tabela 1. Médias dos caracteres número de dias para o início da floração (NDIF), acamamento (ACAM), valor de cultivo (VC), comprimento de vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PG), obtidas a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado, em nove ambientes na Região Meio-Norte do Brasil, no período de 2010 a 2011.

Genótipos ¹	NDIF (dias)	ACAM ⁽¹⁾ (notas)	VC ⁽¹⁾ (notas)	COMPV (cm)	NGV	P100G (g)	IG (%)	PG (kg ha ⁻¹)
1 – MNC01-649F-1-3	43,75 a	1,64 a	1,66 b	21,03 a	14,72 a	19,39 a	72,27 a	1.045,74 a
2 – MNC01-649F-2-1	43,65 a	1,64 a	1,69 b	21,49 a	14,30 a	19,53 a	74,09 a	1.033,71 a
3 – MNC01-649F-2-11	43,35 a	1,54 a	1,74 a	21,28 a	14,22 a	19,30 a	71,28 a	980,00 a
4 – MNC02-675F-5	42,95 a	1,56 a	1,71 b	19,91 b	14,96 a	19,11 a	75,20 a	984,41 a
5 – MNC02-675F-9-5	41,75 b	1,33 a	1,80 a	19,72 b	13,01 b	19,17 a	75,14 a	1.029,55 a
6 – MNC02-676F-1	43,15 a	1,32 a	1,82 a	19,88 b	13,45 b	17,40 a	74,29 a	1.060,45 a
7 – MNC02-677F-2	43,90 a	1,40 a	1,70 b	22,92 a	14,23 a	20,19 a	75,28 a	925,85 a
8 – MNC02-677F-5	44,25 a	1,50 a	1,81 a	20,04 b	12,93 b	20,37 a	75,73 a	992,25 a
9 – MNC02-680F-12	43,50 a	1,32 a	1,78 a	19,54 b	13,53 b	17,29 a	72,87 a	939,39 a
10 – MNC02-689F-2-8	42,45 b	1,37 a	1,74 a	21,17 a	14,37 a	19,84 a	76,39 a	968,13 a
11 – MNC02-701F-2	43,80 a	1,60 a	1,65 b	21,26 a	15,47 a	19,61 a	80,43 a	1.167,54 a
12 – MNC03-736F-2	42,95 a	1,62 a	1,59 b	21,15 a	15,07 a	18,51 a	77,44 a	986,36 a
13 – MNC03-736F-6	43,35 a	1,52 a	1,70 b	21,61 a	14,06 a	21,45 a	80,10 a	985,23 a
14 – MNC03-761F-1	40,90 b	1,35 a	1,85 a	20,53 b	13,13 b	18,72 a	72,82 a	985,50 a
Média das linhagens	43,14 a	1,48 a	1,74 a	20,83 a	14,11 a	19,28 a	75,24 a	1.006,01 a
15 – Pingo de Ouro-1-2	41,10 b	1,66 a	1,62 b	20,35 b	14,99 a	20,98 a	78,38 a	1.106,02 a
16 – BRS Xiquexique	41,55 b	1,77 a	1,62 b	20,88 a	15,13 a	17,69 a	80,20 a	1.187,08 a
17 – BRS Juruá	41,70 b	1,52 a	1,65 b	19,04 b	12,29 b	17,67 a	74,09 a	684,91 a
18 – BRS Aracê	41,10 b	1,59 a	1,65 b	20,01 b	13,76 b	18,29 a	76,28 a	958,37 a
19 – BR 17-Gurguéia	43,50 a	1,80 a	1,56 b	18,02 b	15,43 a	12,77 b	75,78 a	995,65 a
20 – BRS Marataoã	42,15 b	1,60 a	1,70 b	20,01 b	14,96 a	19,47 a	73,85 a	1.032,30 a
Média das testemunhas	41,82 b	1,66 a	1,64 b	19,72 b	14,43 a	17,82 a	76,44 a	994,05 a
Média geral dos genótipos	42,72 a	1,53 a	1,70 b	20,49 b	14,20 a	18,84 a	75,60 a	1.002,42 a
Quadrado médio de genótipos	22,56**	0,34**	0,23**	41,27**	30,05**	11,60**	249,52**	370470,68*
CV%	3,07	11,61	9,90	5,10	9,90	12,96	16,05	29,63

Genótipos com médias não seguidas pela mesma letra diferem pelo teste de Scott -Knott(P<0,05); ** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F;⁽¹⁾ Escala de notas (1 a 5), com dados transformados para $\sqrt{x + 0,5}$.