

Avaliação da divergência genética entre genótipos de feijão-caupi cultivados no município de Ipiranga, Piauí, Brasil⁶

Evaluation of genetic divergence between cowpea bean genotypes cultivated in municipality of Ipiranga, Piauí, Brazil⁶

Walter Frazão Lelis de Aragão¹, Anna Flávia de Sousa Lopes^{2*}, Samíria Pinheiro dos Santos³, Maurício dos Santos Araújo⁴, Maurisrael de Moura Rocha⁵.

RESUMO: A caracterização e avaliação da variabilidade genética existente em uma determinada população de plantas se faz primordial no início dos programas de melhoramento genético, inclusive para o feijão-caupi. Objetivou-se com o presente trabalho, avaliar a diversidade genética existente entre genótipos de feijão-caupi por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis adotando os métodos de agrupamento de Tocher (CRUZ; REGAZZI, 2001) e Ward (1963). O experimento foi conduzido em blocos ao acaso na cidade de Ipiranga, Piauí, avaliando-se sete caracteres em 12 linhagens e 2 cultivares de feijão-caupi. De acordo com a análise de dissimilaridade realizada dois grupos distintos foram gerados e o cruzamento entre os genótipos BRS-Imponente e Pingo-de-Ouro 1-5-5 foi o mais promissor.

PALAVRAS-CHAVE: *Vigna unguiculata*. Dissimilaridade genética. Mahalanobis.

ABSTRACT: The characterization and evaluation of genetic variability in a given plant population is essential in the beginning of breeding programs, including for cowpea. The objective of this work was to evaluate the genetic diversity between cowpea genotypes through Mahalanobis generalized distances, using the Tocher grouping method (CRUZ; REGAZZI, 2001) and Ward (1963). The experiment was conducted in a randomized block in the municipality of Ipiranga, Piauí, with seven characters in 12 lines and two cultivars of cowpea. According to the analysis of dissimilarity, two distinct groups were generated and the cross between the genotypes BRS-Imponente and Pingo-de-Ouro 1-5-5 was the most promising.

KEY WORDS: *Vigna unguiculata*. Genetic Dissimilarity. Mahalanobis.

INTRODUÇÃO

O *Vigna unguiculata* (L.) Walp. é uma das leguminosas com maior importância socioeconômica nas regiões tropicais e subtropicais do mundo (FAO, 2016). Na safra 2018, a espécie representou 47,8% da área plantada e 25,4 % da produção de grãos de feijão no Brasil. Esta discrepância é decorrente da elevada participação dos pequenos agricultores da região Norte e Nordeste, que utilizam a cultura como meio de geração de renda e/ou fonte dos componentes básicos da alimentação. A adequação da planta com o baixo nível tecnológico de cultivo e tolerância a intempéries climáticas (precipitações desuniformes e altas

¹PPGM, CCA, UFPI, Teresina - Piauí, Brasil. Email: walterfrazao2@gmail.com.

²PPGM, CCA, UFPI, Teresina - Piauí, Brasil. Email: anna.sll@hotmail.com.*

³PPGM, CCA, UFPI, Teresina - Piauí, Brasil. Email: samiriapinheiro@outlook.com.

⁴PPGM, CCA, UFPI, Teresina - Piauí, Brasil. Email: mauriciosanges11@hotmail.com.

⁵Embrapa Meio-Norte CPAMN, Av. Duque de Caxias, 5650 - Buenos Aires, Teresina - PI, Brasil, CEP - 64006-245. E-mail: maurisrael.rocha@embrapa.br.

⁶Título.

temperaturas) justificam a adoção da cultura nas comunidades carentes das regiões semiáridas (FREIRE FILHO et al., 2011; CONAB, 2019).

No entanto, a Região Centro-Oeste do Brasil vem aumentando a sua contribuição na produção através da adoção de sistemas de cultivo tecnificados, destacando-se o estado do Mato Grosso, alavancando a atenção de programas de melhoramento, que inicialmente demonstravam interesse em atender as demandas de pequenos produtores (ROCHA et al., 2016). Atualmente, o processo de formação das cultivares envolvem ganhos relacionados a qualidade dos grãos, resistência a viroses, modificação da arquitetura das plantas e diminuição do ciclo de cultivo sendo estas características primordiais para a introdução da cultura de forma mecanizada (ROCHA et al., 2013).

Sendo assim, a caracterização da variabilidade genética existente em uma determinada população de plantas a ser estudada se faz primordial no início de um programa de melhoramento genético (COSTA et al., 2013). Com base na divergência genética existente entre os genótipos é possível realizar-se a avaliação desta variabilidade e subsidiar a obtenção de genótipos superiores nas populações segregantes resultantes da escolha de parentais contrastantes o suficiente para externarem o vigor híbrido. Estes grupos geralmente são gerados por metodologias de agrupamento, fundamentados em medidas de dissimilaridade como a distância de Mahalanobis (PASSOS et al., 2007; SOUSA et al., 2017).

Portanto, o presente trabalho objetivou avaliar a dissimilaridade genética entre genótipos de feijão-caupi, pretendendo-se identificar os materiais mais divergentes entre si e consequentemente com maior tendência de externar o efeito heterótico elevado, para subsidiar populações segregantes capazes de atender a futuras recomendações de novas cultivares.

MATERIAL E MÉTODOS

O ensaio foi conduzido na 2ª safra agrícola de 2018 (safra das águas), no município de Ipiranga-PI, que se localiza a uma latitude 06° 49' 42" S e a uma longitude 41° 44' 26" W, com 424 m de altitude sobre o nível do mar. Avaliaram-se 14 genótipos de feijão-caupi, 2 cultivares e 12 linhagens elite, os quais são: 1–Bico-de-Ouro 1-5-11; 2–Bico-de-Ouro 1-5-15; 3–Bico-de-Ouro 1-5-19; 4–Bico-de-Ouro 1-5-24; 5–Pingo-de-Ouro 1-5-26; 6–Pingo-de-Ouro 1-5-4; 7–Pingo-de-Ouro 1-5-5; 8–Pingo-de-Ouro 1-5-7; 9–Pingo-de-Ouro 1-5-8; 10–Pingo-de-Ouro 1-5-10; 11–Pingo-de-Ouro 1-5-11; 12–Pingo-de-Ouro 1-5-14; 13–BRS-Tumucumaque; 14–BRS-Imponente, todos do tipo comercial cores oriundos do programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI. O delineamento experimental adotado foi o blocos completos ao acaso com quatro repetições. A parcela experimental foi constituída de quatro fileiras de 5,0 m de comprimento e as duas fileiras centrais foram empregadas como área útil. Os espaçamentos entre fileiras e entre plantas dentro da fileira foram respectivamente: 0,50 m e 0,25 m.

Os tratos culturais, adubação de plantio e cobertura foram realizadas conforme a recomendação da cultura. A colheita foi realizada aos 75 dias após o plantio e os caracteres avaliados foram: número de dias para o início da floração (NDIF), valor de cultivo (VC), acamamento (ACAM), peso de vagem (PV), número de grãos por vagem (NGV), peso de grãos de vagem (PGV) e produtividade (PROD).

Posteriormente foram estimadas as distâncias de Mahalanobis e os genótipos agrupados pelo método proposto por Ward (1963) e Tocher (CRUZ; REGAZZI, 2001), com auxílio do programa genes (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dois grupos distintos foram formados entre os genótipos de feijão-caupi estudados (Tabela 1) o grupo I formado de 13 genótipos, englobando a cultivar BRS-Tumucumaque e o grupo II formado apenas pela cultivar BRS-Imponente, que apresentou-se mais dissimilar em relação aos outros.

Tabela 1. Agrupamento de 14 genótipos de feijão-caupi, pela metodologia de Tocher, embasada na distância generalizada de Mahalanobis, para os caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), valor de cultivo (VC), acamamento (ACAM), peso de vagem (PV), número de grãos por vagem (NGV), peso de grãos de vagem (PGV) e produtividade (PROD).

Grupo	Genótipos
I	6 11 3 8 10 2 4 5 12 9 7 1 13 ¹
II	14 ¹

¹Cultivares: 13-BRS-Tumucumaque; 14 BRS-Imponente.

Portanto, dependendo dos grupos formados é possível indicar-se cruzamentos considerando a dissimilaridade dos indivíduos separados no processo, visando a geração de populações segregantes que proporcionem ganho genético razoável em ciclos sucessivos de seleção, em função da variabilidade genética existente entre eles (SANTOS *et al.*, 2014; SOUSA *et al.*, 2017; FILHO *et al.*, 2018).

O dendograma (Figura 1) e o agrupamento de Tocher (Tabela 1) foram concordantes em relação a quantidade de grupos formados pelos genótipos e a composição dos integrantes dos grupos, resultados que divergem dos encontrados por Costa *et al.* (2013). Os indivíduos que apresentaram maior distância de Mahalanobis entre si e produtividade razoável foram os genótipos BRS-Imponente e Pingo-de-Ouro 1-5-5. Indicando um elevado potencial heterótico oriundo da combinação destes materiais para os caracteres avaliados.

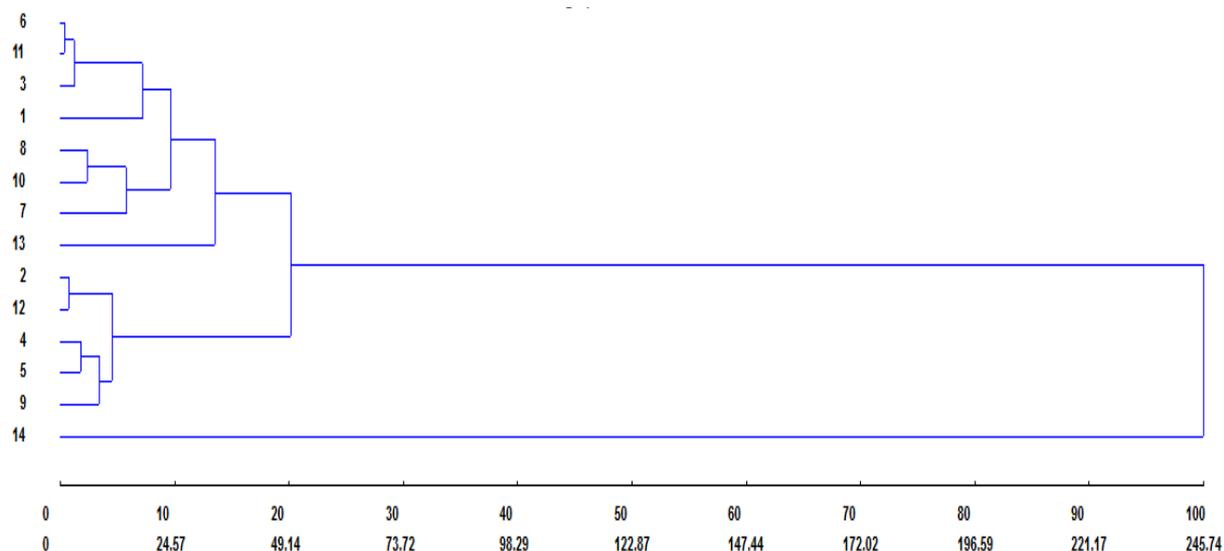


Figura 1 - Dendrograma de 14 genótipos de feijão-caupi pelo método de agrupamento de Ward, para os caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), valor de cultivo (VC), acamamento (ACAM), peso de vagem (PV), número de grãos por vagem (NGV), peso de grãos de vagem (PGV) e produtividade (PROD).

Os dois grupos podem ter surgido pelo fato dos materiais avaliados apresentarem background genético de elevado potencial produtivo e restrito, com a finalidade de obtenção de resultados promissores a curto prazo. O que é justificável, no entanto, a busca por caracteres ligados a produtividade, resistência e/ou tolerância a estresses bióticos e abióticos em materiais elite pode conduzir a formação de genótipos com base genética estreita, dificultando o processo de obtenção de indivíduos superiores no processo de hibridação pela baixa variabilidade genética existente (NASS *et al.*, 2001).

CONCLUSÕES

1. Em geral, os genótipos foram semelhantes entre si, apresentando baixa variabilidade, gerando dois grupos distintos.
2. O cruzamento entre os genótipos BRS-Imponente e Pingo-de-ouro 1-5-5 foi o mais promissor.

REFERÊNCIAS

- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira-Grãos, 2018/2019**. Brasília, v.6, 2019. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/monitoramento-agricola>>. Acesso em: 10 de mar. 2019.
- COSTA, P. F.; ROCHA, M. M.; SOUSA, T. I. L.; MENDES, F. C.; NASCIMENTO, I. R. **Divergência genética em feijão-caupi em três regiões do estado do Tocantins a partir de características agrônomicas**. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 3., 2013, Recife. Feijão-caupi como alternativa sustentável para os sistemas produtivos familiares e empresariais. Recife: IPA, 2013.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, 2001. 390p.
- FAO. FAOSTAT. **Crops**. 2016. Cow peas, dry. Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/E>>. Acesso em: 10 de abr. 2019.
- FILHO, J. T.; OLIVEIRA, C. N. G. S.; SILVEIRA, L. M.; NUNES, G. H. S.; PEREIRA, C. C. A.; SILVA, A. E. A. Genetic divergence among cowpea genotypes based on characters associated with the green pod and grain market. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 1, p. 56-63, 2018.
- FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. DE M.; SILVA, K. J. D.; NOGUEIRA, M. DO S. DA R.; RODRIGUES, E. V. **Feijão-caupi: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica. 81P, 2011.
- NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento-plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.
- PASSOS, A.R.; SILVA, S.M.S.; CRUZ, P.J.; ROCHA, M.A.C.; BAHIA, H.F.; SALDANHA, R.B. Divergência genética em feijão-caupi. **Bragantia**, v. 66, n. 4, p. 579-586, 2007.
- ROCHA, M. DE M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; FREIRE FILHO, F. R.; MENEZES JUNIOR, J. A. N.; RIBEIRO, V. Q. **Melhoramento genético do feijão-caupi no Brasil**. 2013. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/94200/1/FRIJOL-CAUPI-BRASIL.pdf>>. Acesso em: 10 de abr. 2019.
- SANTOS, J. A. S.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; SOARES, C. M. G.; LARISSA PEREIRA RIBEIRO; ABREU, H. K. A. Desempenho agrônomico e divergência genética entre genótipos de feijão-caupi cultivados no ecótono Cerrado/Pantanal. **Bragantia**, v. 73, n. 4, p.377-382, 2014.
- SOUSA, S.; TAVERES, T.; BARROS, H.; NASCIMENTO, I.; SANTOS, V.; FIDELIS, R. Divergência genética de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) no sul do Tocantins. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, n. 2, p. 419-429, 2017.
- WARD, J.H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, p. 236-244, 1963.