

IDENTIFCAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM FEIJÃO CARIOCA

TAMIRES DA SILVA MARTINS¹; IVAN RICARDO CARVALHO¹, LUCAS SALVES VIEIRA², HUGO FABRICIO FERNANDES BALBUENA², VELCI QUEIRÓZ DE SOUZA²; LUCIANO CARLOS DA MAIA¹

¹ Universidade Federal de Pelotas

² Universidade Federal do Pampa

tamires0martins@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos principais alimentos destinados a alimentação humana, sendo uma das principais fontes protéicas para a dieta humana (FRANCO et al., 2003). No Brasil, a cultura do feijão apresenta um constante aumento na sua produção, sendo estimado para a safra de 2016/2017 um total de 3.274,8 mil toneladas produzidas (CONAB, 2016). Além de apresentar vantagens para o produtor em relação ao ciclo curto e baixo custo de produção, apresenta ampla adaptação às condições edafoclimáticas de diferentes regiões (DEMARI et al., 2015).

Está adaptabilidade a diferentes ambientes e níveis tecnológicos torna-se possível, devido à grande variabilidade genética presente no germoplasma do feijão, que pode ser explorada através de programas de melhoramento. O estudo desta variabilidade genética potencializa a seleção de genótipos mais produtivos, revelando genótipos produtivos e adaptáveis à diferentes ambientes de cultivo (COELHO, et al 2007). Assim, a partir da caracterização e avaliação de uma coleção de germoplasma, através de seus dados e uso de metodologias estatísticas é possível analisar expressar a variabilidade genética presente nas condições de estudo, e avaliar o seu potencial de uso em programas de melhoramento (MARIN, et al 2009).

Para analisar a inter-relação entre diferentes caracteres agronômicos associados a diferentes genótipos e indicar quais são os mais promissores para serem incorporados em programas de melhoramento, apresenta-se viável o emprego de técnicas de análise multivariada. Onde permitem a avaliação simultânea de vários caracteres, dentre essas técnicas multivariadas comumente utilizadas, destacam-se as análises dos componentes principais, distância Euclidiana e agrupamentos hierárquicos. A utilização da análise de componentes principais tem por objetivo evidenciar a variação genética presente em um plano com dimensões conhecidas (2 D ou 3 D). A utilização de agrupamentos tem finalidade reunir, por um determinado critério, e reunir os genótipos em grupos, de forma em que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ E CARNEIRO, 2003). Deste modo, o objetivo deste estudo é analisar a variabilidade genética entre acessos de feijão carioca, oriundos de populações crioulas cultivadas no Rio Grande do Sul.

2. METODOLOGIA

O experimento foi conduzido no município de Frederico Westphalen – RS na safra agrícola de 2014. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos incompletos com 39 genótipos oriundos de diferentes populações de feijão carioca. A densidade de semeadura utilizada foi de 13 sementes viáveis por metro

linear, com espaçamento de 0,45 metros e linhas com 10 metros de comprimento. A semeadura ocorreu de forma manual, a adubação de base utilizada foi de 250 kg ha⁻¹ de N-P-K na formulação 05-20-20, e adubação nitrogenada foi realizadas por cobertura no estádio V4 (DEMARI et al., 2015).

Para aferir os caracteres de interesse agronômico, procedeu-se a escolha aleatória de dez plantas na área útil de cada unidade experimental. Os caracteres aferidos foram: Dias para a maturação (DMAT), altura de planta na maturação (ALMAT), altura de inserção da primeira vagem (IPV), número de grãos por vagem (NLV), massa de grãos por vagem (MGV), número de grãos por planta (NG), massa de grãos por vagem (MGV), comprimento (COMP) largura (LARG) e massa total de grãos por planta (MTGP).

Os dados foram submetidos a análise da distância euclidiana média e utilizou-se o agrupamento UPGMA, posteriormente a matriz fenotípica da distância euclidiana foi empregada para o método de agrupamento de Tocher, posteriormente realizou-se a contribuição relativa dos caracteres pelo método de Singh (1981) e os componentes principais, as análises estatísticas foram realizadas pelo software GENES (CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A distância Euclidiana média pelo agrupamento UPGMA revelou a discriminação de dois grandes grupos, tendo como ponto de corte PC=0,304045 (Figura 1). O grupo I apresentou trinta e sete acessos, estando estes contidos em dois subgrupos. O subgrupo I estão presentes 14 acessos, sendo estes: 1P4, 16P16, 15P16, 29P64, 33P72, 35P72, 34P72, 17P16, 18P16, 20P64, 31P64, 2P6, 4P9, 13P14. O subgrupo II foi formado por: 8P12, 9P13, 10P13, 20P41, 25P38, 27P40, 39P76, 38P75, 32P64, 3P7, 6P9, 11P14, 12P14, 5P9, 19P17, 22P21, 14P15, 36P73, 20P20, 21P21, 23P22 totalizando vinte e três acessos neste subgrupo. O grupo II foi formado por dois genótipos o 7P11 e 24P22 que mesmo sendo de populações distintas apresentam-se contidos no mesmo grupo, ou seja, apresentam menor distância entre estes, sendo concordantes em alguns caracteres fenotípicas mensurados.

Através do agrupamento de Tocher os genótipos foram organizados em treze grupos, sendo que o grupo 1 responsável por conter o maior número de genótipos, sendo estes: 1P4, 16P16, 15P16, 29P64, 33P72, 35P72, 34P72, 17P16, 18P16, 20P64, 31P64. O grupo 2 agrupou cinco dos acessos avaliados 27P40, 39P76, 38P75, 12P14 e 11P14. O grupo 3 apresentou os seguintes genótipos 14P15, 36P73, 20P20, 19P17, 4P9, 28P41 e 10P13, o grupo 4: 26P38, 37P65, 32P64; grupo 5: 22P21 e 23P22, o grupo 6 é composto pelos acessos 7P11 e 24P22 que também se apresentavam no mesmo grupo e diferente dos demais acessos quando analisados através da distância Euclidiana pelo agrupamento UPGMA. O grupo 7 foi formado por 8P12 e 9P13, grupo 8: 3P7, 6P9; grupo 9: 21P21; grupo 10: 5P9; grupo 11: 25P38; grupo 12: 2P6 e o grupo 13 contendo o acesso 13P14.

Diante deste contexto, essa análise possibilitou revelar quais genótipos são mais distantes geneticamente, estas diferenças são observadas até mesmo dentro da população de origem, foi possível determinar que há variabilidade entre e dentro das populações de feijão carioca avaliadas.

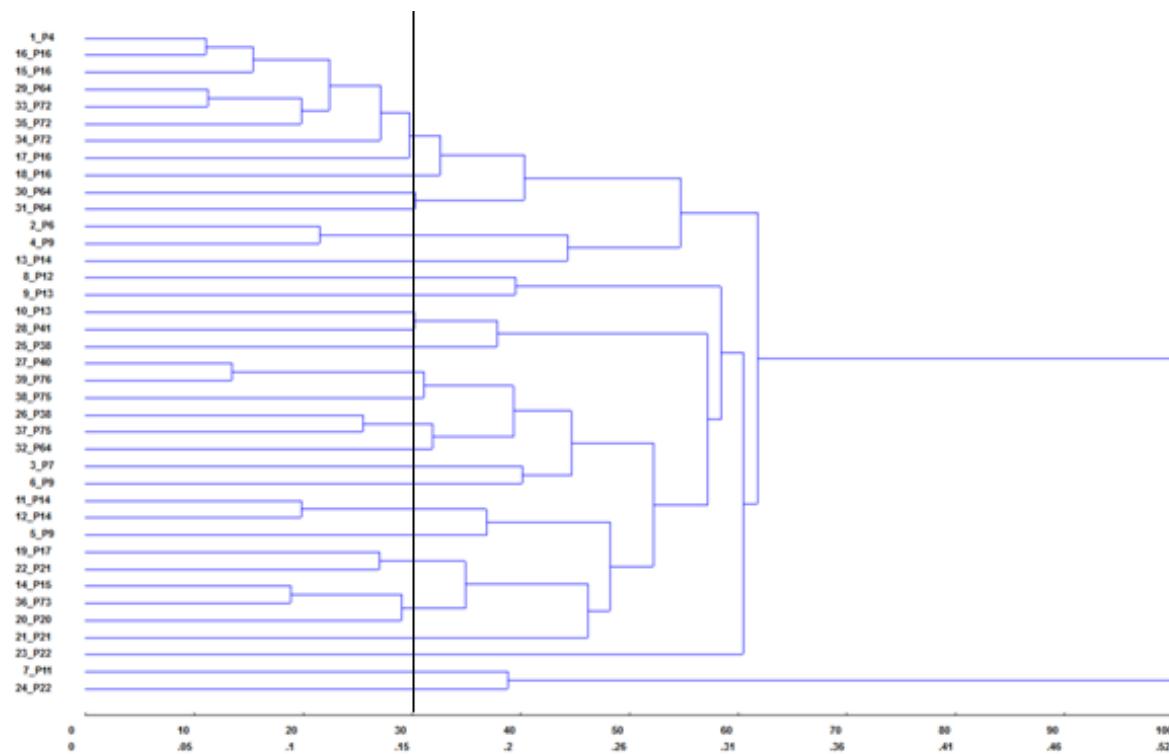


Figura 1: Dendrograma revelando a Distância Euclidiana média, obtida pelo agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages)

A contribuição relativa dos caracteres obtida pelo método de Singh (1981) revelou que os caracteres que mais contribuíram para a distinção dos genótipos e seu fracionamento em grupos, foi os caracteres dias para maturação (DMAT) apresentando um valor de 17,22%, largura dos grãos (LARG) 9,62% e a massa total de grãos por planta (MTGP) 8,84%. Assim, os acessos destingiram-se principalmente pela duração do seu ciclo e produtividade. A maioria das cultivares de feijão disponíveis no mercado para o cultivo apresenta diferenças genéticas quanto ao início do florescimento e a duração total do ciclo, sendo que a média comumente observada dos genótipos é de 90 dias da emergência à colheita (RIBEIRO, et al., 2004). Esta variação além de ser decorrente das características genéticas é influenciada pelas condições ambientais, principalmente da temperatura do ar e a pluviosidade (ARAUJO et al., 1996).

Em relação aos componentes principais, o primeiro componente foi responsável por explicar 38.22%, o segundo 19.16%, e o terceiro 11.65%, o quarto 9.94%, totalizando 78,99% da variação genética total. Os três primeiros componentes principais estão expostos no gráfico (Figura 2), sendo possível verificar a disposição entre os acessos de feijão carioca analisados. Apenas os genótipos 7P11 e 24P22 apresentam maior semelhança entre eles e distinção entre os demais avaliados. Assim, como os genótipos 2P6 e 13P14 que estão em grupos distintos, formando dois grupos. Os demais acessos apresentam maior homogeneidade entre eles, quando comparado a estes genótipos que apresentam maior distância dos demais.

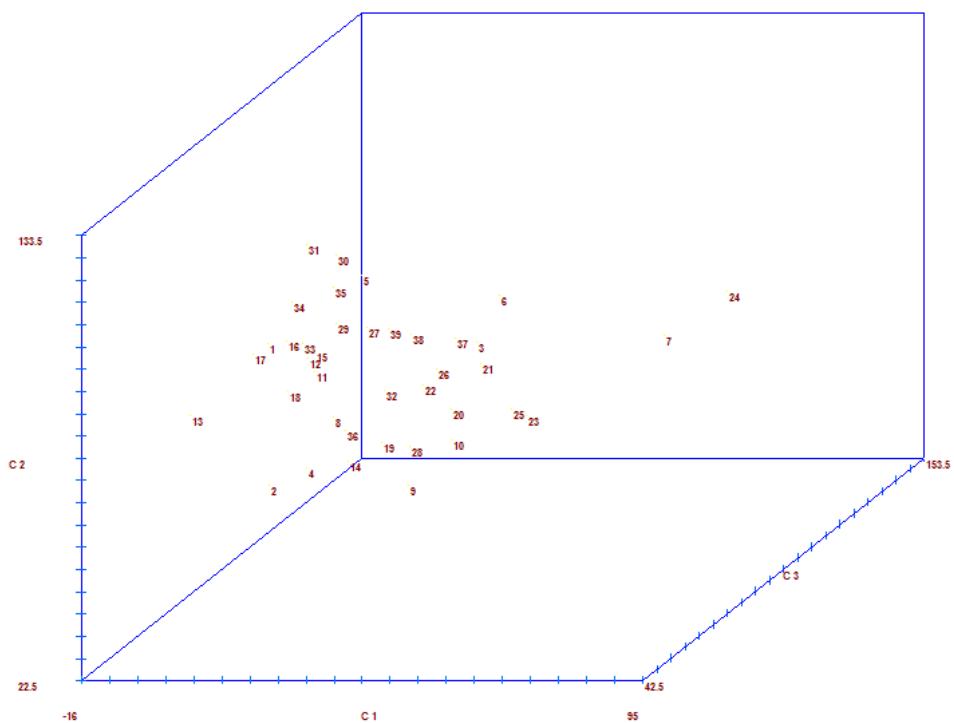


Figura 2: Representação gráfica 3D dos componentes principais necessários para expressar a variação genética entre os genótipos de feijão carioca.

O conjunto de estudo destas análises permite visualizar a variabilidade genética de acessos de feijão carioca oriundas de produtores do Rio Grande do Sul, permitindo a utilização destes genótipos em cruzamentos aplicados a programas de melhoramento, tendo maior aproveitamento do potencial dos materiais genéticos, buscando genótipos mais produtivos e adaptados a diferentes ambientes.

4. CONCLUSÕES

Os genótipos de feijão carioca revelam variabilidade genética dentro e entre as populações de origem.

As análises multivariadas possibilitaram revelar a formação de dois grandes grupos, e um deles evidenciou a presença de dois subgrupos, sendo os genótipos 7P11 e 24P22 mais heterogêneos em relação aos demais.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. Cultura do feijoeiro comum no Brasil. **Potafós**, Piracicaba, p.786, 1996.

COELHO, C. M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. D.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, 37(5), p. 1241-1247, 2007.

CONAB-Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos: Sétimo levantamento/abril 2016 - Brasília, v.3, n.7, p. 1-158, abril. 2016.

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.

DEMARI, G. H.; de SOUZA, V. Q.; CARVALHO, I. R.; NARDINO, M.; FOLLMANN, D. N. F. Feijão em época não preferencial submetido a doses de nitrogênio e seu impacto nos caracteres agronômicos. **Enciclopedia Biosfera**. Goiânia, v.11, n.21; p.1103, 2015.

FRANCO, M. H. R.; NERY, M. C.; FRAÇA, A.C.; OLIVEIRA, M. C.; FRANCO, G. N.; LEMOS, V. T. Produção e qualidade fisiológica de semente de feijão após aplicação do herbicida Diquat. **Semina**, v. 34, n. 4, p. 1707-1714, 2013.

MARIM, B. G.; SILVA, D. D.; CARNEIRO, P. C. S.; MIRANDA, G. V.; MATTEDEI, A. P.; CALIMAN, F. R. B. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 44, p. 1283-1290, 2009.

RIBEIRO, N. D.; HOFFMANN JUNIOR, L.; POSSEBON, S. B. Variabilidade genética para ciclo em feijão dos grupos preto e carioca. **Revista Brasileira Agrociência**, v. 10, p. 19-29, 2004.

SINGH, Kesar. On the asymptotic accuracy of Efron's bootstrap. **The Annals of Statistics**, p. 1187-1195, 1981.

STRECK, E. V.; KÄMPF, N.; DALMOLIN, R. S. D.; KLAMT, E.; NASCIMENTO, P. C.; SCHNEIDER, P.; GIASSON, E.; PINTO, L. F. S. **Solos do Rio Grande do Sul**. 2.ed., Porto Alegre: EMATER/RS, p. 222, 2008.