

MODELOS MULTIVARIADOS APLICADOS À VARIABILIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO

TAMIRES DA SILVA MARTINS¹; VINÍCIUS JARDEL SZARESKI¹; VELCI QUEIRÓZ DE SOUZA²; TIAGO PEDÓ¹; FRANCISCO AMARAL VILLELA¹; IVAN RICARDO CARVALHO¹

¹Universidade Federal de Pelotas

²Universidade Federal do Pampa

tamires0martins@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos produtos agrícolas de maior valor socioeconômico, considerado uma fonte de proteína de baixo custo, sendo o alimento base da dieta de grande parte dos brasileiros (CARVALHO et al., 2016). Seus grãos fornecem energia, carboidratos, vitaminas, fibras e micronutrientes (TAVARES et al., 2013; SCHMUTZ, 2014). O Brasil é destaque como o maior produtor e consumidor de feijão, na safra agrícola de 2016/2017 a produção foi de 3327 mil toneladas e produtividade de 1076 kg ha⁻¹ de grãos (IBGE, 2017). Sendo cultivado em todo território brasileiro nos mais variados níveis tecnológicos, desde a agricultura com alta tecnologia, bem como, a uma agricultura de subsistência (CARVALHO et al., 2016).

A aclimação da cultura do feijão aos diferentes níveis tecnológicos e às condições edafoclimáticas é atribuída à grande variabilidade genética disponível no germoplasma desta espécie, permitindo o desenvolvimento de genótipos mais adequados a determinados ambientes e com possibilidade de incrementar a produtividade (COELHO, 2007). Neste contexto, torna-se necessário utilizar ferramentas estatísticas e diferentes abordagens biométricas para estimar e definir padrões de agrupamento destes genótipos frente as características morfológicas e componentes da produção (CARBONELL et al., 2007; SZARESKI et al., 2017). Buscando a utilização de métodos que revelem a distinção das diferentes fontes de variabilidade, pode-se inferir quais destes são polimórficos, bem como, quais caracteres mais contribuem para diferenciar, sendo imprescindível identificar quais as tendências de associações entre os caracteres mensurados, desta forma, este trabalho teve por objetivo identificar e diferenciar a variabilidade genética de genótipos de feijão utilizando técnicas biométricas baseadas nos principais atributos morfológicos e componentes da produção de sementes de feijão.

2. METODOLOGIA

O experimento foi realizado no município de Tenente Portela – RS, localizado na latitude 27°23'31.04"S e Longitude 53°46'50.71" O, com altitude de 420 metros, sendo o clima subtropical úmido do tipo Cfa segundo a classificação de Köppen, o solo é caracterizado como Latossolo vermelho alumino férrico típico (STRECK et al., 2008).

Foram utilizadas 29 populações segregantes F2 (Tabela 1) obtidas pela seleção direcionada do melhor germoplasma disponível nas principais regiões produtoras do Rio Grande do Sul. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados (FEDERER, 1956). A densidade de semeadura utilizada foi de 26 sementes viáveis por metro quadrado, com espaçamento de 0,45 metros entre linhas com 10 metros de comprimento. A semeadura ocorreu de forma manual, com adubação de base de 250 kg ha⁻¹ de N-P-K na formulação 05-20-20, e adubação nitrogenada de 200 kg ha⁻¹ de ureia por cobertura no estágio fenológico V₄ (DEMARI et al., 2015).

Tabela 1. Descrição das populações de feijão, origem genética e denominação.

Sigla	Origem
1CBRS; 2CBRS; 3CBRS	Campos Borges - RS
1PMRS; 2PMRS; 3PMRS; 4PMRS; 5PMRS	Palmeira das Missões - RS
1SRRS; 2SRRS; 3SRRS; 4SRRS; 5SRRS; 6SRRS	Santa Rosa - RS
1PJRS; 2PJRS; 3PJRS; 4PJRS	Pejuçara - RS
1BGRS; 2BGRS; 3BGRS; 4BGRS	Braga - RS
1CARS; 2CARS; 3CARS	Cruz Alta - RS
1FVRS; 2FVRS; 3FVRS; 4FVRS	Fortaleza dos Valos - RS

Para aferir os caracteres de interesse agrônômico, procedeu-se a seleção aleatória de dez plantas na área útil de cada unidade experimental. Os caracteres aferidos foram: número de sementes por planta (NSGP), massa total de sementes por planta (MTS), número de legumes por planta (NLP), número de ramificações por planta (NR), altura da planta (AP) e altura de inserção do primeiro legume (IPL).

Os dados obtidos foram submetidos ao diagnóstico de valores discrepantes, após procedeu-se o cálculo das distâncias genéticas entre os genótipos utilizando o algoritmo Euclidiano, após confeccionou-se a matriz das distâncias genéticas, para então definir um dendrograma e agrupamento de Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA), contribuição relativa dos caracteres pelo método de Singh (1981), e definição do perfil genético dos genótipos de feijão através de técnicas iterativas com aprendizado computacional não supervisionado obtido pelas Redes Neurais Artificiais (Kohonen), posteriormente realizou-se as correlações lineares com o intuito de evidenciar a tendência de associação entre os caracteres de interesse, baseado na significância de 5% de probabilidade pelo teste t. As análises estatísticas foram realizadas através dos softwares Genes (CRUZ, 2013) e programa R (R CORE TEAM, 2015).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Através do diagrama causal de associações entre os caracteres é possível determinar quais caracteres são os principais componentes do rendimento do feijão, possibilitando selecionar genótipos que sejam superior quanto ao rendimento, de forma a incrementar na produtividade de sementes. Pois, o rendimento é expresso pela associação de diversos caracteres (KUREK, 2001).

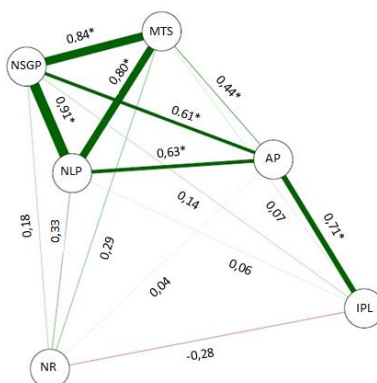


Figura 1: Diagrama causal elaborado através das associações lineares entre os caracteres número de sementes por planta (NSGP), massa total de sementes por planta (MTS), número de legumes por planta (NLP), número de ramificações por planta (NR), altura da planta (AP) e altura de inserção do primeiro legume (IPL).

O diagrama (Figura 1), expressou 15 correlações, destas 7 foram significativas pelo teste T com 5% de probabilidade. Definindo que um maior número de sementes por planta está correlacionado com uma maior altura de planta, número de legumes por planta, número de ramificações com uma inserção de primeiro legume menor, resultam em uma massa total de sementes maior e consequentemente um maior rendimento.

De forma a definir quais caracteres são os mais contrastantes para distinguir os genótipos, foi utilizado a contribuição relativa dos caracteres como método para estabelecer os de maior relevância para a seleção (Figura 2). Onde, o número de sementes por planta (19,92%) foi o caractere mais determinantes na diferenciação dos genótipos, juntamente com o número de legumes por planta (17,83%) e massa total de sementes por planta (16,73%). Desta forma, estes caracteres foram os mais contrastantes, determinando um maior polimorfismo entre os genótipos.



Figura 2: Dendrograma baseado na distância Euclidiana Média e método de agrupamento UPGMA.

A matriz fenotípica dos caracteres foi submetida ao método da distância Euclidiana Média Padronizada com a finalidade de obter a matriz de distância genética entre os genótipos estudados, estas estimativas foram submetidas a um método de agrupamento que auxiliou na confecção do dendrograma das dissimilaridades. O dendrograma (Figura 2) revelou das 29 populações de feijão 6 subdivisões. Similaridade foram expressas entre as populações de forma que não foram formados grupos com genótipos de uma única origem. Como o grupo dos genótipos 2BGRS, 1PMRS, 2BGRS, 3CBRS e SRRS em que são da cidade de Braga – RS, Palmeira das missões – RS e Santa Rosa – RS, o que demonstra que os genótipos apresentam variabilidade entre e dentro das populações.

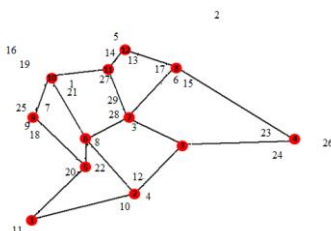


Figura 3: Redes Neurais Artificiais (RNAs) obtidos pelo Mapa de Kohonen definindo os centróides (vermelho) e as ligações sinápticas (linhas pretas). Sendo (1)1CBRS; (2)2CBRS; (3)CBRS; (4)1PMRS; (5)1PMRS; (6)2PMRS; (7)3PMRS; (8)4PMRS; (9)5PMRS; (10)1SRRS; (11)2SRRS; (12)3SRRS; (13)4SRRS; (14)5SRRS; (15)1PJRS; (16)2PJRS; (17)3PJRS; (18)4PJRS; (19)1BGRS; (20)2BGRS; (21)3BGRS; (22)4BGRS; (23)1CARS; (24)2CARS; (25)3CARS; (26)1FVRS; (27)2FVRS; (28)3FVRS; (29)4FVRS.

Definiram-se os padrões entre as populações 3SRRS (centróide 1); 1PMRS, 2SRRS, 4SRRS (centróide 2); 2CARS, 1CARS, 1FVRS (centróide 4); 2BGRS, 4BGRS (centróide 5); 5PMRS (Centróide 6); 3CBRS, 3FVRS, 4FVRS (centróide 7); 3PJRS, 3PMRS, 1PJRS e 2CBRS (centróide 8); 4PMRS, 1SRRS, 4PJRS, 3CARS (Centróide 9); 1CBRS, 2PJRS, 1BGRS, 3BGRS (centróide 10); 2FVRS (Centróide 11) e 2PMRS, 5SRRS, 6SRRS (Centróide 12), definindo assim 12 padrões genéticos que podem ser utilizados para determinar os aspectos agrônômicos de importância na seleção de genótipos, havendo a possibilidade de identificar o centróide de interesse e conseqüentemente o grupo de genótipos ou neurônios correspondentes.

4. CONCLUSÕES

Os genótipos de feijão apresentam variabilidade genética dentro e entre as populações de origem. O uso de ferramenta biométricas permite revelar padrões quanto ao agrupamento destes genótipos.

O caráter que mais contribui para a diferenciação dos genótipos é o número de sementes por planta, qual é correlacionado com uma maior altura de planta, número de legumes por planta, número de ramificações e menor inserção de primeiro legume.

O uso de redes neurais artificiais identifica 12 perfis multivariados.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CARBONELL, S. A. M.; CHIORATTO, A. F.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S.; BERALDO, A. L. A.; PERINA, E. F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no Estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 66, p. 193-201, 2007.
- CARVALHO, I. R.; NARDINO, M.; FERRARI, M.; PELEGRIN, A. J.; DEMARI, G.; SZARESKI, V. J.; FOLLMANN, D. N.; BAHRY, C. A.; SOUZA, V. Q.; L.C MAIA. Genetic variability among common black bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions in southern Brazil. **Australian Journal of Crop Science**, v. 10, p. 1474-1483, 2016.
- 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.
- CRUZ, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013.
- DEMARI, G.; SOUZA, V.Q.; CARVALHO, I.R.; NARDINO, M.; FOLLMANN, D.N. Feijão em época não preferencial submetido a doses de nitrogênio e seu impacto nos caracteres agrônômicos. **Enciclopédia Biosfera**, v. 11, p. 1102-1112, 2015.
- FEDERER, W.T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Haw Plan Rec.** v. 55, p. 191-208, 1956.
- IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola**. Disponível em: < <http://www.ibge.gov.br> >.
- KUREK, A.J.; CARVALHO, F.I.F.; ASSMANN, I.C.; MARCHIORO, V.S.; CRUZ, P.J. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 7, n. 1, p. 29-32, 2001.
- SCHMUTZ, J.; McCLEAN, P.B.; MAMIDI, S.; WU, G.A. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, v. 46, n. 7, p. 707-713, 2014.
- STRECK, E. V.; KÄMPF, N.; DALMOLIN, R. S.; KLAMT, E.; NASCIMENTO, P. C.; SCHNEIDER, P.; GIASSON, É.; PINTO, L. F. S. **Solos do Rio Grande do Sul**. 2.ed. Porto Alegre, Emater, 2008. 222 p.
- SZARESKI, V.J.; CARVALHO, I.R.; KEHL, K.; LEVIEN, A.M.; NARDINO, M.; DEMARI, G.H.; LAUTENCHLEGER, F.; SOUZA, V.Q.; PEDO, T.; AUMONDE, T. Z. Univariate, multivariate techniques and mixed models applied to the adaptability and stability of wheat in the Rio Grande do Sul state. **Genetics and Molecular Research**, v.16, n. 3, p. 1-13, 2017.
- TAVARES, C.J.; JAKELAITIS, A.; REZENDE, B. P. M.; CUNHA, P. C. R. da. Fitossociologia de plantas daninhas na cultura do feijão. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 8, n. 1, p. 27-32, 2013.