

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO AGRÔNOMICO DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI NA REGIÃO DO CAPARAÓ CAPIXABA - ES

Layra Cortes da Silva¹, Natália Cassa², Izabela Guedes Rocha², José Dias de Souza Neto², Maurisrael de Moura Rocha³, Monique Moreira Moulin², Ana Paula Candido Gabriel Berilli².

¹Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Agrárias e Engenharias, Alto Universitário, s/n, Guararema – 29500-000 – Alegre – ES, Brasil, layracortes@gmail.com.

²Instituto Federal do Espírito Santo, Distrito de Rive – 29500-000 – Alegre – ES, Brasil, nataliacassa2@gmail.com, izabelaguedes456@gmail.com, jdiasneto@gmail.com, mmmoulin@ifes.edu.br, ana.berilli@ifes.edu.br.

³Embrapa Meio-Norte, Avenida Duque de Caxias n 5650 Buenos Aires - 64008-780 Teresina, Piauí, Brasil, maurisrael.rocha@embrapa.br.

Resumo

O feijão-caupi é uma leguminosa tradicionalmente cultivada na região Norte e Nordeste, mas que tem se expandido por todo país devido sua ampla versatilidade de consumo e adaptabilidade a diferentes regiões, sendo uma opção estratégica para a agricultura familiar no estado do Espírito Santo. Dessa forma, o trabalho objetiva identificar as cultivares mais produtivas e mais bem adaptadas, com boa aceitação comercial e resistentes ou tolerantes às principais pragas e doenças para serem recomendadas para a região sul capixaba. Para tanto, foram avaliados em dbc com quatro repetições nove genótipos de feijão-caupi fornecidos pelo programa de melhoramento da Embrapa Meio-Norte. Com base nas variáveis utilizadas foi verificado que a cultivar BRS xiquexique se destacou em todas no teste de média Scott Knott a 5% de significância. Além disso, apresentou maior distância genética dos cultivares BRS Rouxinol e BRS Marataoã.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*. Agricultura familiar. Interação genótipo x ambiente.

Área do Conhecimento: Engenharia Agrônômica

Introdução

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) é uma planta de origem africana tradicionalmente cultivada nas regiões Norte e Nordeste por sua versatilidade de formas para consumo, como em grãos secos, grãos verdes e vagens. Sua importante representatividade como alimento no Brasil, indica uma ampla variabilidade genética, tornando-o versátil para diversas aplicações em sistemas de produção (AMARAL et al. 2019), especialmente ao sistema de cultivo da agricultura familiar, que corresponde a 70% dos estabelecimentos agrícolas do Espírito Santo (DE SOUZA et al., 2020).

Como alimento o feijão-caupi é uma das fontes de nutrientes mais antigas consumidas para a alimentação humana, sendo popularmente conhecido como feijão de corda, é considerado uma leguminosa muito utilizada pela agricultura familiar na região Norte e Nordeste, que nos últimos anos se expandiu por todo território e seus grãos são exportados para outros países (DA SILVA SOUZA, 2021).

A forma de cultivo dessa espécie remete à uma importante prática ligada ao conhecimento tradicional associado, que é a preservação “on farm” de variedades crioulas, as quais são ricas fontes de genes que promovem a capacidade dos genótipos serem mais tolerantes às intempéries e aumentado sua adaptabilidade aos seus ambientes de cultivo, além de representar relevante importância para o melhoramento genético por abrigar genes de interesse ao cultivo comercial, como resistência a doenças e fonte de busca de variação genética (FERREIRA et al. 2019).

O melhoramento genético do feijão-caupi tem dado enfoque no desenvolvimento de cultivares que tenham ciclo de maturação precoce, alta produtividade, porte ereto ou semiprostrado, com baixo índice de acamamento, resistente às condições climáticas adversas, tolerância ao déficit hídrico e principalmente resistente a pragas e doenças, de modo a melhorar a qualidade comercial dos grãos

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

tanto nacional quanto internacional, aumentando o interesse pela cultura, expandindo o desenvolvimento agrícola (ROCHA et al, 2013).

Neste sentido, dentro das possíveis alternativas agrícolas com potencial para a agricultura familiar, o feijão-caupi mostra-se uma cultura promissora que vem se expandindo em diversas regiões, em razão da sua adaptabilidade, tolerância a condições climáticas, baixo custo de produção, diversificação da renda familiar, recuperação de áreas degradadas pela fixação biológica de nitrogênio e contribuição significativa com a cadeia produtiva (FREIRE FILHO et al. 2011). No entanto, sabe-se da importância da interação do genótipo com o ambiente, o qual pode promover um comportamento agrônomo diferenciado do material genético de acordo com a condição ambiental imposta (TORRES et al., 2015).

Assim, o trabalho busca identificar as cultivares desenvolvidas pelo programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte que melhor se adaptem às condições de cultivo da agricultura familiar sul capixaba, para que sejam selecionados materiais genéticos mais produtivos e com boa aceitação comercial.

Metodologia

O experimento foi desenvolvido na área experimental do IFES Campus de Alegre, situado na região sul do Espírito Santo, nas coordenadas 20°45'18" Sul e 41°27'10" Oeste, altitude de 150 m em relação ao nível do mar. O ambiente onde o estudo foi conduzido é caracterizado segundo classificação de Köppen, como clima subtropical úmido (CWA), com temperatura média anual de 23,1° C e precipitação média anual de 1.341 mm (DE SOUZA LIMA et al., 2008).

No experimento foram utilizados nove variedades de feijão-caupi fornecidos pela Embrapa Meio-Norte, descritas na Tabela 01. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados em quatro repetições. O solo foi bem preparado, livre de restos de cultura e plantas daninhas de modo a propiciar a obtenção de boa germinação. Nos blocos foram feitos sulcos lineares com profundidade de 3 cm e fileiras duplas para cada tratamento.

Tabela 1. Identificação dos genótipos de feijão-caupi avaliados.

Tratamento	Cultivar	Subclasse comercial
1	BRS Rouxinol	Sempre-verde
2	BRS Marataoã	Mulato
3	BRS Pajeú	Mulato
4	BRS Paraguaçu	Branco Liso
5	BRS Xiquexique	Branco Liso
6	BRS Guariba	Branco Liso
7	BRS Tumucumaque	Branco Liso
8	BRS Itaim	Fradinho
9	BRS Novaera	Branco Rugoso

Fonte: Os autores (2023).

O plantio ocorreu em agosto de 2022 juntamente com adubação de cobertura. O experimento foi conduzido sob condição de sequeiro e a irrigação foi utilizada apenas para garantir o 'stand' inicial. Na adubação foram utilizados 13,5 kg de fosfato, 2,0 kg de cloreto e 3,5 kg de uréia. Durante o processo de germinação e crescimento das plantas foram realizados os tratos culturais como a capina a fim de eliminar plantas daninhas.

A avaliação da diversidade genética foi realizada no Laboratório de Genética e Biologia Molecular do IFES – Campus de Alegre. A extração do DNA genômico foi feito a partir de folhas jovens seguindo o protocolo "mini-prep" de Doyle e Doyle (1990), com algumas modificações. Foram utilizados dezessete iniciadores ISSR, em que as reações de amplificação foram preparadas para um volume total de 15 µL contendo 10 mg/µL de DNA molde, 2,5 mM de cada dNTP, 1,4 µL de H₂O, 50

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

mM de MgCl₂, 1X PCR Buffer, 4,0 mM do iniciador e 5,0 unidade da enzima Tag DNA Polimerase (Invitrogen).

As amplificações foram realizadas em termociclador SimpliAmp (Applied Biosystems) com fase inicial de 4 minutos a 94°C, seguida de 35 ciclos de 1 minuto a 94°C para desnaturação, 2 minutos a 45-50°C (dependendo do iniciador) para anelamento, 7 minutos a 72°C para extensão e uma extensão final de 24°C em ciclo infinito. Os produtos amplificados foram separados em gel de poliácridamida (1%) conduzido a 180 V por 2 horas, corado com brometo de etídeo (0,5 µg µL⁻¹) e fotodocumentados sob luz ultravioleta.

Foi elaborada uma planilha de dados com a presença e ausência de bandas de cada iniciador para cada um dos genótipos. Esses dados foram utilizados para a construção de uma matriz de similaridade genética usando o coeficiente de similaridade de Jaccard. A partir dessa matriz, o dendrograma foi obtido pelo método UPGMA (Método de média aritmética não ponderada).

Com 98 dias de plantio foi realizada a colheita do experimento, quando as plantas apresentaram folhas em senescência e as vagens com coloração palha acima de 80%.

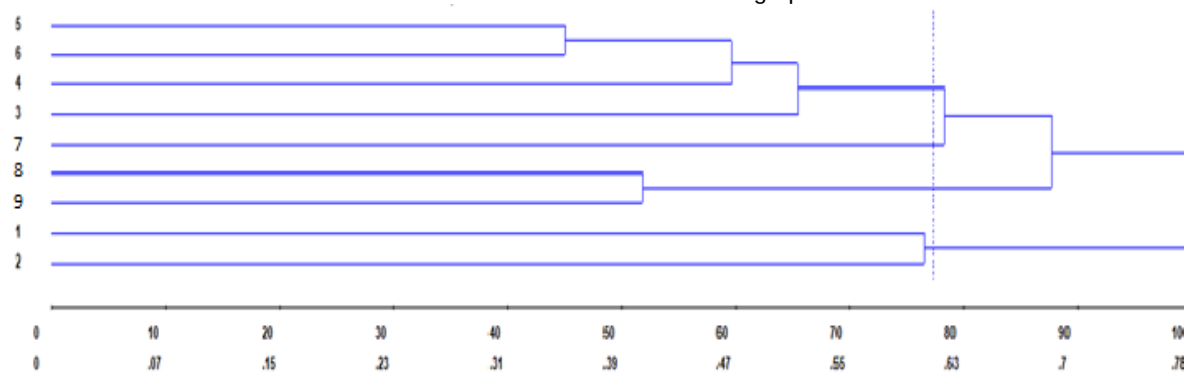
No laboratório foram pesados todos os tratamentos separadamente, para obtenção da produtividade total da colheita, também foi contabilizado o número total das vagens, o número de grãos de cinco vagens, o comprimento de cinco vagens e o peso de cinco vagens realizado em balança analítica para a média de produção do feijão referente a primeira colheita.

Foi realizada a análise de variância e o teste F utilizando-se 5% de probabilidade. Posteriormente, para obtenção das médias, foi utilizado o teste de médias Scott Knott ao nível de 5% de probabilidade. Todas as análises estatísticas foram conduzidas com auxílio do software Genes (CRUZ, 2016).

Resultados

Para a análise da diversidade genética, os resultados moleculares mostraram que os marcadores ISSR foram eficientes para detectar polimorfismo genético em feijão-caupi. Os marcadores permitiram a distinção genética, possibilitando a separação no dendrograma em dois grupos, um deles contendo os genótipos 1 e 2, e o outro contendo os genótipos 3, 4, 5, 6, 7, 8 e 9, que apresentam maior similaridade genética entre si.

Figura 1 - Dendrograma gerado pelas similaridades genéticas entre os 9 genótipos de feijão-caupi, utilizando o índice de similaridade de Jaccard e o método de agrupamento UPGMA.



Fonte: os autores (2023)

Pode-se observar na Tabela 2, que para todas as características relacionadas aos caracteres morfoagronômicos de produtividade do feijão-caupi não houve diferença significativa entre os materiais genéticos, mostrando que os genótipos se comportaram de maneira uniforme para as variáveis em estudo.

Em relação ao coeficiente de variação, o qual infere a respeito da boa condução experimental, cabe ressaltar que para a maioria das variáveis analisadas o CV foi considerado alto, evidenciando que para as características que são mais influenciadas pelo ambiente, é comum a obtenção de Cvs mais elevados.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Tabela 2 - QM= Quadrado médio do tratamento; * significativos a 5% de probabilidade; CV(%)= Coeficiente de variação; média geral; bloco; resíduo; G.L = grau de liberdade. Comprimento de 5 vagens (Comp. 5v), número de grãos de 5 vagens (NG5V), número total de vagens (NTV), peso de 5 vagens (P5V), peso colheita 1 (PC1).

Quadrado médio						
F.V.	G.L	Comp.5V	NG5V	NTV	P5V	PC1
Bloco	3	1,39	305,55	38411,33	2,81	20
Tratamento	8	3,80 ^{ns}	226,52 ^{ns}	42530,81 ^{ns}	67 ^{ns}	88 ^{ns}
Resíduo	24	1,77	214,38	15480,31	64	25
CV (%)		6,70	23,70	45,13	17,88	41,63
Média		19,83Kg	61,77Kg	275,66Kg	4,49Kg	1,21Kg

Fonte: Os autores (2023).

Em relação ao teste de média Scott Knott a 5% de significância, observa-se na Tabela 3 que apenas a característica para peso da colheita agrupou os genótipos em dois diferentes grupos de média.

Tabela 3 - Médias seguidas na vertical para respectiva característica, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. Comprimento de 5 vagens (Comp. 5v), número de grãos de 5 vagens (NG5V), número total de vagens (NTV), peso de 5 vagens (P5V), peso colheita 1 (PC1).

T RAT	COMP 5V	NG5V	NTOTAL V	PESO 5V	PC1
1	21,22a	56,75a	358,25a	4,89a	1,63a
2	18,33a	68,25a	274,75a	4,43a	1,15b
3	19,78a	67a	380,25a	4,99a	1,61a
4	19,22a	69,5a	218,5a	4,21a	1,16b
5	20,69a	68,25a	434,75a	4,71a	1,92a
6	19,94a	55,25a	263a	4,65a	1,19b
7	19,54a	56a	90,75a	3,90a	35b
8	20,96a	66a	242a	4,79a	97b
9	18,86a	49a	218,75a	3,89a	87b

Fonte: Os autores (2023).

Discussão

Os genótipos do dendrograma, separados em dois grupos isolados, correspondem àqueles com maior distância genética em relação aos demais. Notavelmente, destaca-se o genótipo 2 como o mais divergente em comparação com o genótipo 5, enquanto os genótipos 1 e 2, bem como 9 e 8, exibem maior similaridade entre si.

Quanto mais altas são as distâncias encontradas, mais promissores são os indicadores de maior variabilidade entre os genótipos, possibilitando a sugestão de possíveis genitores para constituir uma população base em programas de melhoramento (SOUSA, 2016; SOUSA et al., 2017). Além disso, tais genótipos podem ser selecionados para a produção de híbridos por meio de cruzamentos entre materiais genéticos de elite e aqueles que diferem geneticamente, favorecendo a manifestação do fenômeno da heterose, mesmo em espécies autógamas.

Conforme mencionado por Dias (2009), a hibridização de genótipos com características distintas apresenta grande potencial, especialmente quando essas diferenças se refletem em um bom desempenho agrônomo. Portanto, a interação entre o genótipo 2 e o 5 emerge como uma escolha vantajosa para a realização de cruzamentos e a produção de populações com perspectivas promissoras.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

O comprimento médio das vagens variou entre 18,33 cm a 21,22 cm respectivamente formando apenas um grupo de média para essa característica. Em seu trabalho, BERTINI et al. (2010) encontraram valores próximos, com variações para essa característica entre 12,8 cm a 23,8 cm.

Analisando a variável número de grãos de cinco vagens (NG5V), é possível inferir que os genótipos BRS Marataoã (trat. 2), BRS Pajeú (trat. 3), BRS Paraguaçu (trat. 4), BRS xiquexique (trat. 5), e BRS Tumucumaque (trat. 8), se destacaram com os maiores valores. As características avaliadas que são referentes a produtividade de grãos, estão inteiramente relacionadas à capacidade genética de cada genótipo em ambientes e manejo diferenciados, ressaltando maior atenção para almejar a produção esperada da cultura (DANTAS, 2019).

Para a característica relacionada ao número total de vagens, a produtividade mais expressiva foi a BRS Xiquexique (trat. 5) que obteve o maior valor, destacando sobre os demais genótipos. Para essa característica é possível destacar que o resultado está inteiramente relacionado às condições ambientais que influenciam diretamente a planta e a produção de vagens após a floração (MATOS FILHO et al. 2009).

Para a variável peso de cinco vagens (Peso 5V), o genótipo mais promissor foi o BRS pajeú (trat. 3) com média de 4,99, porém não diferiu estatisticamente entre os demais tratamentos. JUNIOR et al. (2017) encontrou médias variando entre 2,17 e 3,26 demonstrando diferença estatística entre os genótipos, fator que pode estar relacionado a outras características que interferem na produção de grãos, ocasionando baixo peso de vagens.

Com relação ao peso da colheita, os dados demonstram que se formaram dois grupos de médias, onde o BRS xiquexique (trat. 5), seguido pela BRS Rouxinol (trat. 1) e a BRS Pajeú (trat. 3) foram os mais promissores variando médias entre 1,61 Kg a 1,92 Kg. Nos estudos realizados por DA SILVA; NEVES (2011), o valor médio encontrado foi de 1,43 Kg inferior ao presente estudo com médias superiores. No Brasil, as safras de 2021/2022 apresentaram uma produtividade média de 530 Kg/ha (CONAB, 2022).

Ressaltando a importância do melhoramento para as plantas, é formidável a busca por cultivares que apresentem alta produtividade, estabilidade de manejo e adaptabilidade a condições climáticas, desde o plantio até a pós colheita garantindo que a produção dos grãos seja desejável para o produtor (TSUTSUMI, 2015).

Conclusão

Conclui-se que a cultura do feijão-caupi apresenta bom desempenho na região do Caparaó Capixaba podendo ser usado como fonte alternativa de alimento para os agricultores. A cultivar BRS Xiquexique se destacou em todas as variáveis analisadas e as demais cultivares apresentaram rendimentos favoráveis. Além disso, os cultivares BRS Rouxinol (trat. 1) e BRS Marataoã (trat. 2) e o cultivar BRS Xiquexique (trat. 5) apresentaram a maior distância entre os genótipos avaliados, podendo ser indicados para a realização de cruzamentos e obtenção de híbridos, favorecendo a heterose na cultura.

Referências

AMARAL, T. et al. Caracterização de acessos de feijão-caupi da coleção de trabalho da Embrapa Amazônia Oriental por descritores da semente, 2019.

BERTINI, Cândida Hermínia Campos de Magalhães et al. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, p. 613-619, 2010.

CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. 12º Levantamento Grãos Safra 2021/22 – setembro 2022. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/infoagro/safras/gaos/boletimda-safra-de-graos>. Acesso em: 07/08/2023.

CRUZ, Cosme Damião. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, p. 547-552, 2016.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

DA SILVA SOUZA, Jardel; MARTINS, Adriana Ferreira; PEDROSA, Laura Monteiro. Importância de bactérias fixadoras de nitrogênio no cultivo do feijão-caupi *Vigna unguiculata* L.(walp. **Scientific Electronic Archives**, v. 14, n. 9, 2021.

DA SILVA, José AL; NEVES, Josynaria A. Produção de feijão-caupi semi-prostrado em cultivos de sequeiro e irrigado. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, n. 1, p. 29-36, 2011.

DANTAS, Adriana. SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI PARA PRODUÇÃO EM REGIME DE SEQUEIRO NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO. **Revista Craibeiras de Agroecologia**, v. 4, n. 2, 2019.

DE SOUZA LIMA, Julião Soares et al. Variabilidade temporal da precipitação mensal em Alegre-ES. **Revista Ciência Agronômica**, v. 39, n. 2, p. 327-332, 2008.

DE SOUZA, Paulo Marcelo; FORNAZIER, Armando; PONCIANO, Nivaldo José. DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DA PRODUÇÃO AGROPECUÁRIA DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO: UMA ANÁLISE DOS SEGMENTOS FAMILIAR E NÃO FAMILIAR. **Revista Ifes Ciência**, v. 6, n. 4, p. 78-91, 2020.

DIAS, Francisco Tiago Cunha. Utilização de técnicas multivariadas e moleculares na caracterização e seleção de genótipos de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce. 2009.

DOYLE, J. J. T.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13–15, 1990.

FREIRE FILHO, Francisco Rodrigues et al. Feijão-caupi no Brasil: produção, melhoramento genético, avanços e desafios. 2011.

JÚNIOR, Everardes Públio et al. Características agrônômicas de genótipos de feijão-caupi cultivados no sudoeste da Bahia. **Revista Científica, Jaboticabal**, v. 45, n. 3, p. 223-230, 2017.

MATOS FILHO, Carlos Humberto Aires et al. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, v. 39, p. 348-354, 2009.

ROCHA, M. de M. et al. Melhoramento genético do feijão-caupi no Brasil. 2013.

SOUSA, Sérgio Alves de. Divergência genética e capacidade combinatória de feijão-caupi. 2016.

SOUSA, Sérgio et al. Divergência genética de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) no sul do Tocantins. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, n. 2, p. 419-429, 2017.

TORRES, Francisco Eduardo et al. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, v. 74, p. 255-260, 2015.

TSUTSUMI, Claudio Yuji; BULEGON, Lucas Guilherme; PIANO, Jeferson Tiago. Melhoramento genético do feijoeiro, avanços, perspectivas e novos estudos. **Nativa**, v. 3, n. 3, p. 217-223, 2015.

Agradecimentos

Os autores agradecem a FAPES, a CAPES, a Embrapa Meio-Norte e ao IFES pelo apoio financeiro a este estudo.