

Identificação de variedades locais de feijão-de-corda resistentes ao pulgão-preto por diferentes análises estatística

Daniel Rodrigues Nere¹, Leandro Carvalho da Silva², Antonia Débora Camila de Lima Ferreira³, Ervino Bleicher⁴, Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini⁴

¹Programa de Pós-graduação em Agronomia/Fitotecnia (PPGAF), Universidade Federal do Ceará, 60455-760, Fortaleza, CE, Brasil.

²Programa de Pós-graduação em Agronomia (PPGAGRO), Universidade Federal Rural da Amazônia, Avenida Perimetral, nº 2501, CEP 66077-830 Belém, PA.

³Programa de Pós-graduação em Agronomia (PPGA), Universidade Federal da Paraíba, 58397-000, Areia, PB, Brasil.

⁴Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, 60455-760, Fortaleza, CE, Brasil.

E-mail autor correspondente: danielnere@gmail.com
Artigo enviado em 30/04/2018, aceito em 25/03/2019.

Resumo: A presente pesquisa teve como objetivo buscar novas fontes de resistência ao pulgão-preto (*Aphis craccivora*) em variedades locais de feijão-de-corda (*Vigna unguiculata*) e inferir qual mecanismos de resistência poderiam estar envolvidos nesse processo de defesa da planta, bem como sugerir entre os materiais estudados as melhores combinações de cruzamentos para obtenção de híbridos superiores resistentes utilizando as análises, univariada e multivariada, como métodos estatísticos. O experimento foi realizado no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará, Umirim-CE, tendo sido conduzido em telado, com delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições e vinte e quatro tratamentos e adicionados quatro genótipos padrões com resistência conhecida. Para avaliar a resistência dos genótipos, as variáveis utilizadas foram número de adultos vivos e número de ninfas vivas. Os resultados indicaram que a análise multivariada apresenta resultados semelhantes a análise univariada, fornecendo informações complementares sobre os possíveis cruzamentos visando a resistência ao *Aphis craccivora*, como no caso da utilização dos genótipos Rabo-de-tatu (CCE-115), Corujinha (CCE-055) e Leandro-do-monte (CCE-112) que apresentam resistência por antibiose e poderem ser utilizados como fonte de genes em retrocruzamentos com cultivares que apresentam suscetibilidade ao pulgão-preto e alto potencial genético para outras características agrônômicas.

Palavras-chave: Análise multivariada, antibiose, *Aphis craccivora*, cruzamentos, *Vigna unguiculata*.

Identification of local varieties of black aphid resistant string beans by different statistical analyzes

Abstract: The objective of this work was to look for new resistant cowpea (*Vigna unguiculata*) landraces to be used against the black aphid (*Aphis craccivora*). Besides, infer about its main resistant mechanism and suggest promising crossings using univariate and multivariate analysis. Experimental work was done at Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará, Umirim, CE-Brasil. The experiment was

carried out at a greenhouse in a randomized complete block design with 28 treatments in four replications. Evaluation was performed by counting alive adults and nymphs at 48 and 96 hours, respectively. Univariate and multivariate analyses showed similar results. Antibiosis was the main resistant mechanism. The resistant landraces Rabo-de-tatu (CCE-115), Corujinha (CCE- 055) and Leandro-do-monte (CCE-112) may be used as a source of resistant gene in crossings among black aphid susceptible cultivars that present high genetic potential for others agronomical traits.

Key words: Multivariate analysis, antibiosis, *Aphis craccivora*, crosses, *Vigna unguiculata*.

Introdução

O feijão-de-corda (*Vigna unguiculata* (Linnaeus, 1758) Walpers) é uma leguminosa importante por seu aspecto nutricional, social e econômico, principalmente em países em desenvolvimento, nas regiões tropicais e subtropicais da África, Ásia, América Central e do Sul (BADIANE et al., 2012; TORRES et al., 2015). A produção mundial de feijão-de-corda em 2016 foi de aproximadamente 7 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2017), onde o Brasil contribui entorno de 345 mil toneladas (EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2017). O país apresenta um cenário de baixa produtividade (323 kg ha⁻¹) principalmente nas regiões Norte e Nordeste. Estando esse fato associado a diferentes fatores, como a utilização de genótipos de baixo potencial produtivo e alta suscetibilidade ao ataque de pragas e doenças (TEIXEIRA et al., 2010).

O pulgão-preto, *Aphis craccivora* Koch, 1854 (Hemiptera: Aphididae) é considerado praga chave do feijão-de-corda por ocasionar danos diretos através da sucção de seiva e indiretos, por meio da transmissão de vírus, provocando a morte das plantas e consequentemente grandes prejuízos aos produtores (TANZUBIL et al., 2008; OLIVEIRA et al., 2012; SILVA et al., 2012). Dentre as formas de controle desta praga, uma medida eficiente e de fácil emprego pelo produtor seria a utilização de variedades resistentes que

têm a habilidade de reduzir a infestação ou os danos causados por esse inseto (ORAWU et al., 2013).

Nesse sentido as pesquisas de Singh (1977), no International Institute of Tropical Agriculture (IITA) foram pioneiras, apontando como resistentes ao *Aphis craccivora* os genótipos de feijão-de-corda TVu 408 P₂, TVu 410, TVu 2740, TVu 3417 e TVu 3509. Nesses genótipos foi observado severa mortalidade dos pulgões indicando a antibiose como principal mecanismo de resistência envolvido. Estudos realizados por Bata et al. (1987) afim de elucidar a herança da resistência indicam que esta é monogênica e dominante, sendo atribuído ao gene o símbolo *Rac* (resistência à *Aphis craccivora*). Posteriormente, Pathak (1988) utilizando genótipos naturais e provenientes de mutação induzida constatou a existência de dois genes não alélicos e independentes, utilizando para estes os símbolos *Rac1* e *Rac2*.

No Brasil, estudos visando a identificação de genótipos resistentes ao *A. craccivora* são recentes e ainda podem ser considerados insuficientes (MORAES e BLEICHER, 2007; SILVA et al., 2012; BANDEIRA et al., 2015; MELVILLE et al., 2016), sendo importante a busca constante de novos progenitores que possam ser selecionados como doadores de genes de resistência, principalmente quando consideramos a ampla variabilidade

genética de *V. unguiculata* em território brasileiro e o risco constante do desenvolvimento de biótipos de pulgão que podem quebrar a resistência de cultivares que já vem sendo exploradas, como já relatado por Souleymane et al. (2013) no continente Africano.

Portanto, esta pesquisa visou identificar novas fontes de resistência ao pulgão-preto em variedades locais de feijão-de-corda em uso por agricultores, e os mecanismos de resistência envolvidos no processo de defesa da planta, bem como sugerir entre os materiais estudados as melhores combinações de cruzamentos para obtenção de híbridos superiores resistentes utilizando as análises univariada e multivariada como métodos estatísticos.

Material e Métodos

O trabalho foi realizado no segundo semestre de 2016 no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE), *Campus Umirim*, (3° 41' 17,05"S e 39° 20' 38,03"W, a 77 m de altitude), em um telado, coberto na parte superior com plástico de 200 micras de espessura e lateralmente com tela antiafídica. O clima da região, segundo Alvares et al. (2014) é BSh (clima semiárido) caracterizado pela baixa umidade e chuvas irregulares.

O material genético testado foi constituído de 24 genótipos de feijão-de-corda, de variedades locais coletadas nas pequenas lavouras de agricultores, mercados, mercearias e bancas de feiras livres inseridas na região do Vale do Rio Curu, estado do Ceará, Brasil. Para efeito de comparação foram usados quatro genótipos padrões com grau de resistência conhecida, sendo os resistentes, o BRS Guariba (Silva et al. 2012) e o TVu 408 P₂ (SINGH, 1977) e os susceptíveis, o VITA 7 (MESSINA et al.,

1985) e o BR 17-Gurguéia (MORAES e BLEICHER, 2007) (Tabela 1).

As sementes dos genótipos foram semeadas em copos descartáveis de poliestireno de 300 mL, perfurados no fundo com auxílio de um ferro de solda aquecido, permitindo assim a drenagem da água. Os copos receberam substrato (constituído de areia peneirada, húmus de minhoca e vermiculita na proporção de 6:3:1, respectivamente), em seguida foram distribuídos nas bancadas e alinhados em grupos de dez. Procedeu-se a identificação dos copos utilizando-se uma pequena plaqueta de madeira em que constava o número do tratamento. Logo após eles eram irrigados uma vez ao dia e após a infestação dos genótipos duas vezes ao dia até o final do experimento.

Aos seis dias após a semeadura, as plantas foram desbastadas deixando-se uma planta por copo. Cada planta de um genótipo foi considerada uma parcela e foram selecionadas pelo porte e vigor para compor o delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições. Os blocos de cada ensaio foram organizados em gaiolas revestidas por tela antiafídica (1,0 x 1,0 x 0,50 m), a fim de evitar a saída dos pulgões e a entrada de inimigos naturais e de outros insetos.

Os genótipos de cada tratamento foram infestados aos onze dias após a semeadura, com cinco pulgões fêmeas, adultas, ápteras e de coloração preta brilhante. Estes insetos foram previamente identificados com base na chave proposta por Peña-Martinez (1992) e eram provenientes de uma criação com idade padronizada mantida pelo Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará. Passados dois dias da infestação, foram contabilizados e retirados os insetos adultos vivos que estavam na planta e aos quatro dias contabilizados o número de ninfas vivas. O experimento foi

conduzido de forma que o pulgão adulto pudesse se mover por todas as parcelas do experimento caracterizando assim um ensaio de livre escolha.

Tabela 1. Lista dos genótipos coletados na região do Vale do Curu, Ceará, Brasil.

Código	Denominação	Município	Ano de coleta
CCE-052	Azulão	General Sampaio – CE	2014
CCE-089	Barrigudo	Apuiarés – CE	2014
CCE-055	Corujinha	General Sampaio – CE	2014
CCE-081	Enrica-pobre	Apuiarés – CE	2014
CCE-085	F.-de-corda-jatobá	General Sampaio – CE	2014
CCE-087	Feijão-de-corda	Itapajé - CE	2014
CCE-083	Feijão-de-corda	Trairi – CE	2014
CCE-057	Feijão-de-corda	Umirim – CE	2014
CCE-112	Leandro-do-monte	Apuiarés – CE	2015
CCE-056	Ligeiro	General Sampaio – CE	2015
CCE-086	Ligeiro	Itapajé - CE	2015
CCE-114	Mané-mestre	Apuiarés – CE	2015
CCE-109	Mané-mestre	Tururu – CE	2015
CCE-053	Meio-tardão	General Sampaio – CE	2014
CCE-051	Paulistinha	Umirim – CE	2014
CCE-115	Rabo-de-tatu	Apuiarés – CE	2015
CCE-113	Rajado	Apuiarés – CE	2015
CCE-110	Roxão	Apuiarés – CE	2015
CCE-082	Sempre-verde	Apuiarés – CE	2014
CCE-108	Sempre-verde	Tururu – CE	2015
CCE-116	Sete-capas	Apuiarés – CE	2015
CCE-103	Tocador	Apuiarés – CE	2015
CCE-084	Vinagre	Apuiarés – CE	2014
CCE-117	Vinagre	Apuiarés – CE	2015
Padrão	BRS Guariba ¹	BAG - UFC, Fortaleza	2016
Padrão	TVu 408 P ₂ ¹	BAG - UFC, Fortaleza	2016
Padrão	BR 17 – Gurgueia ²	BAG - UFC, Fortaleza	2016
Padrão	VITA 7 ²	BAG - UFC, Fortaleza	2016

⁽¹⁾Genótipo padrão de resistência; ⁽²⁾Genótipo padrão de suscetibilidade.

Os dados obtidos para adultos e ninfas vivas foram tabelados, transformados através da fórmula $(X + 0,5)^{0,5}$ e então submetidos à análise de variância (análise univariada) para constatar a existência de variabilidade

entre genótipos e inferir sobre o tipo de resistência envolvida. As médias de cada tratamento foram comparadas e agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. As respostas dos genótipos a estas variáveis foram ranqueadas (postos), segundo a metodologia proposta por Mulamba e Mock (1978), atribuindo-se o menor valor à média que corresponde ao atributo do genótipo de maior interesse, no caso, maior grau de resistência ao afídeo. Obteve-se ainda a variável “Resistência Efetiva” (RE) a partir da soma dos ranqueamentos da variável número de adultos vivos (NAV) e número de ninfas vivas (NNV). A “Resistência Efetiva” pode ser considerada uma estimativa da ação conjunta da resistência do genótipo sobre os insetos adultos e sobre a sobrevivência das ninfas. O resultado final foi apresentado na forma de média de postos (X_p), que pode ser considerada uma estimativa da resistência de um genótipo.

Para complementar o estudo foi realizada uma análise multivariada utilizando-se os dados das variáveis, número de adultos vivos (NAV) e número de ninfas vivas (NNV) transformados em $(X + 0,5)^{0,5}$. Com as médias de cada tratamento realizou-se a análise de agrupamentos através da distância generalizada de Mahalanobis para formação do dendrograma pelo método de ligação média não ponderada (UPGMA) e determinou-se o coeficiente de correlação cofenética para verificar o ajuste da matriz de dissimilaridade. A análise multivariada foi realizada utilizando-se o programa computacional Genes (CRUZ, 2006).

Resultados e Discussão

A partir da análise estatística univariada evidenciou-se diferenças significativas ($P < 0,05$) para as variáveis

NAV e NNV e, principalmente para X_p , indicando a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados (Tabela 2), sendo esta característica um importante recurso para programas de melhoramento genético visando a resistência ao *Aphis craccivora* (BABURA e MUSTAPHA, 2012; SOULEYMANE et al., 2013).

Os genótipos Rabo-de-tatu (CCE-115), Corujinha (CCE-055), Leandro-do-monte (CCE-112) e BRS Guariba (padrão de resistência) (Tabela 2) apresentaram durante a contagem ausência de pulgões adultos. Este fato pode ser explicado pela atuação das substâncias secundárias da planta, tornando estes genótipos menos preferível como alimento, fazendo com que o inseto vá a busca de outros hospedeiros (AOYAMA e LABINAS, 2012). Como o protocolo utilizado foi o de livre escolha, parte dos adultos podem ter deixado as plantas preferindo outras, o que sugere, portanto, uma resistência do tipo antixenose. Nesta mesma linha de raciocínio alguns genótipos podem ter atraído estes insetos, através das substâncias voláteis emitidas pelas plantas, caracterizando preferência, como pode ser observado para os genótipos Feijão-de-corda (CCE-87), Feijão-de-corda-jatobá (CCE-085), Rajado (CCE-113) e Feijão-de-corda (CCE-083) (Tabela 2). Estes genótipos apresentaram um número de adultos superior ao inicialmente colocado na ocasião da infestação. Em pesquisas semelhantes com pulgão-preto, os autores Moraes e Bleicher (2007), Silva e Bleicher (2010), Silva et al. (2012) e Melville et al. (2016) verificaram o mesmo comportamento.

O número de ninfas vivas foi significativamente menor ($P < 0,05$) nos genótipos Rabo-de-tatu (CCE-115), Corujinha (CCE-055), Leandro-do-monte (CCE-112) e BRS Guariba (Tabela 2).

Segundo Obopile e Ositile (2010) a baixa quantidade de descendentes é indicativo de resistência por antibiose, pois os genótipos provocam efeito adverso sobre a biologia do inseto (BOTTEGA et al., 2015). A média de postos (Xp) que expressa o potencial genético dos genótipos sobre adultos e ninfas formou, quanto ao grau de resistência, quatro grupos ($P < 0,05$), altamente resistentes, resistentes, susceptíveis e altamente susceptíveis. Entre os altamente resistentes estão os genótipos Rabo-de-tatu (CCE-115), Corujinha (CCE-055), Leandro-do-monte (CCE-112), BRS Guariba, TVu 408 P₂, Sempre-verde (CCE-108) e Ligeiro (CCE-086). Excluindo-se os quatro genótipos padrões de resistência, e através de uma regra de três simples tem-se que mais de 40% dos genótipos são susceptíveis (16,7% susceptíveis e 25% altamente susceptíveis) ao pulgão-preto, contra 20,83% dos genótipos altamente resistentes e 37,5% dos resistentes.

Tabela 2. Número médio de adultos vivos (NAV), número médio de ninfas vivas (NNV), resistência efetiva (RE), média de postos (Xp) e suas respectivas classificações de preferência do *Aphis craccivora* (P) por genótipos de feijão-de-corda coletados na região do Vale do Curu, Ceará, Brasil.

Código	Genótipos ⁽¹⁾	NAV	$P^{(2)}$	NNV	$P^{(2)}$	RE	$P^{(2)}$	$Xp^{(3)}$
CCE-115	Rabo-de-tatu	0,00 ⁽⁴⁾ a	1	3,25 ⁽⁴⁾ a	1	2,00	1	1,00 a
CCE-055	Corujinha	0,00 a	1	4,00 a	2	3,00	2	1,67 a
CCE-112	Leandro-do-Monte	0,00 a	1	5,50 a	3	4,00	3	2,33 a
Padrão	BRS Guariba	0,00 a	1	5,75 a	4	5,00	4	3,00 a
Padrão	TVu 408 P ₂	2,25 b	3	55,50 b	5	8,00	5	4,33 a
CCE-108	Sempre-verde	1,50 b	2	68,25 b	7	9,00	6	5,00 a
CCE-086	Ligeiro	3,25 c	4	65,75 b	6	10,00	7	5,67 a
CCE-081	Enrica-pobre	3,75 c	7	78,75 b	9	16,00	8	8,00 b
CCE-056	Ligeiro	4,25 c	11	81,00 b	8	19,00	9	9,33 b
CCE-057	Feijão-de-corda	4,25 c	11	94,00 c	11	22,00	10	10,67 b
CCE-117	Vinagre	3,50 c	5	107,00 c	15	20,00	12	10,67 b
CCE-084	Vinagre	4,50 c	13	87,00 c	10	23,00	11	11,33 b
CCE-082	Sempre-verde	4,25 c	11	97,75 c	12	23,00	11	11,33 b
CCE-089	Barrigudo	3,50 c	6	107,75 c	17	23,00	11	11,33 b
CCE-109	Mané-mestre	4,00 c	8	105,50 c	16	24,00	12	12,00 b
Padrão	BR 17-Gurguéia	4,25 c	11	104,00 c	14	25,00	13	12,67 b
CCE-110	Roxão	4,50 c	12	105,75 c	13	25,00	13	12,67 b
CCE-103	Tocador	4,00 c	10	108,00 c	18	28,00	14	14,00 c
CCE-116	Sete-capas	4,00 c	9	111,25 c	21	30,00	15	15,00 c
Padrão	VITA 7	4,75 c	15	108,75 c	19	34,00	16	16,67 c
CCE-114	Mané-mestre	4,50 c	14	109,00 c	20	34,00	16	16,67 c
CCE-051	Paulistinha	5,00 c	16	115,25 c	22	38,00	17	18,33 c
CCE-053	Meio-tardão	4,75 c	15	115,75 c	25	40,00	18	19,33 d
CCE-087	Feijão-de-corda	5,50 c	18	114,50 c	23	41,00	19	20,00 d
CCE-052	Azulão	5,00 c	17	115,75 c	24	41,00	19	20,00 d
CCE-085	F. de-corda Jatobá	5,50 c	19	130,25 c	27	46,00	20	20,00 d
CCE-113	Rajado	6,00 c	21	123,00 c	26	47,00	21	22,67 d
CCE-083	Feijão-de-corda	5,75 c	20	133,25 c	28	48,00	22	23,33 d
F ⁽⁵⁾		8,58**	-	10,48**	-	-	-	28,60**
C.V. (%) ⁽⁶⁾		20,25	-	21,15	-	-	-	17,72

⁽¹⁾Médias seguidas de letras iguais nas colunas não diferem pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. ⁽²⁾Posto ocupado quanto à variável observada. ⁽³⁾ Média de postos de Mulamba & Mock (1978). ⁽⁴⁾Dados de número de adultos e de ninfas que foram transformados pela equação $(x + 0,5)^{0,5}$. ⁽⁵⁾F - teste F de *Snedecor*; ** significativo ao nível de 1% de probabilidade. ⁽⁶⁾ C.V. (%) - Coeficiente de variação em porcentagem.

Na análise multivariada (Figura 1), a análise de agrupamento representada na forma de dendrograma permite observar a formação de dois grupos, em que as variedades Rabo-de-tatu (CCE-115), Leandro-do-monte (CCE-112) e Corujinha (CCE-055) formaram um grupo com o padrão de resistência BRS Guariba (Figura 1, grupo A), estando os demais genótipos localizados em outro grupo (Figura 1, grupo B). Utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis

de 3,81 como critério de corte, o grupo B foi subdividido em dois subgrupos, seguindo-se a proposta relatada por Viana et al. (2009). No grupo B, o primeiro subgrupo (B1) é formado pelo genótipo Sempre-verde (CCE-108), o padrão de resistência, TVu 408 P₂ e o genótipo Ligeiro (CCE-086). O segundo subgrupo (B2) é o mais extenso e representa os genótipos susceptíveis, sendo composto por Ligeiro (CCE-056), Enrica-pobre (CCE-081), Vinagre (CCE-

084), Feijão-de-corda (CCE-057), Rajado (CCE-113), Feijão-de-corda (CCE-087), Feijão-de-corda-jatobá (CCE-085), Feijão-de-corda (CCE-083), BR 17-Gurguéia, Mané-mestre (CCE-114), Roxão (CCE-110), Sempre-verde (CCE-082), VITA 7, Azulão (CCE-052), Meio-tardão (CCE-053), Paulistinha (CCE-051), Vinagre (CCE-117), Barrigudo (CCE-089), Sete-capas (CCE-116), Mané-mestre (CCE-109) e Tocador (CCE-103). Neste subgrupo encontram-se os dois padrões de susceptibilidade, VITA 7 e BR 17-Gurguéia.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) foi de 0,93, confirmando um adequado ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma, pois como relatado por Rohlf (1970) valores maiores que 0,7 indicam adequação do método de agrupamento. Nesse sentido, os trabalhos realizados por Coelho et al. (2007), Souza et al. (2013) e Araújo et al. (2014), corroboram com a presente pesquisa.

Ao comparar as análises univariada e multivariada, verificou-se que uma complementa a outra. A análise univariada permitiu verificar a presença de variabilidade genética, como já observado por outros autores (COELHO et al., 2007; THULER et al., 2007; SILVA et al., 2012; SANTOS et al., 2014). Além disso, essa análise permite ainda inferir sobre o tipo de resistência. Os resultados da análise multivariada apresentaram semelhanças à univariada, principalmente quando à univariada foi adicionada a variável secundária, Resistência Efetiva (RE) associada a metodologia de ranqueamentos de Mulamba e Mock (1978) resultando em postos ocupados pelos genótipos que após o teste de Scott-Knott formam grupos homogêneos. Levando-se ainda em conta a análise univariada, esta pode colaborar na decisão do ponto de corte

no dendrograma para a definição dos grupos, auxiliando o melhorista a decidir a pressão de seleção desejada. Neste artigo, como no de Viana et al. (2009) optou-se por dois pontos.

Considerando os possíveis efeitos de um estreitamento da base genética do feijão-de-corda como alertam Montalván et al. (2006) e do alerta evidenciado por Souleymane et al. (2013) da possibilidade do *A. craccivora* ter quebrado a resistência de cultivares do International Institute of Tropical Agriculture (IITA) há a necessidade contínua da prospecção de genótipos resistentes a esse inseto em diferentes ambientes.

Assim, os resultados aqui apresentados apontam como promissores para a realização de estudos genéticos e cruzamentos divergentes, os cruzamentos entre genótipos do grupo A com os do grupo B2 (Figura 1), podendo-se formar uma série de cruzamentos. Essa sugestão parte do princípio de que a escolha de parentais recai sobre genótipos pertencentes a grupos distantes indicando que são dissimilares e que, portanto, são combinações que apresentarão maior probabilidade de obter-se populações segregantes com maior variabilidade genética para a característica em estudo.

Os genótipos altamente resistentes do grupo A (Figura 1), tais como, Rabo-de-tatu (CCE-115), Leandro-do-monte (CCE-112) e Corujinha (CCE-055), podem ser utilizados como fonte de genes em retrocruzamentos com cultivares que apresentam susceptibilidade ao pulgão-preto e alto potencial genético para outras características agrônomicas. O retrocruzamento entre qualquer uma destas variedades com o cultivar BRS Guariba, promoverá o aumento da resistência com a adição de novos genes.

A realização de retrocruzamentos entre genótipos geneticamente similares reduz o número de cruzamentos e à medida que os retrocruzamentos ocorrem os genótipos recombinantes

tornam-se mais semelhantes com as populações parentais (RAMALHO et al., 2012) tornando-se resistente como comprovado por Paz (2016) e Silva et al. (2018).

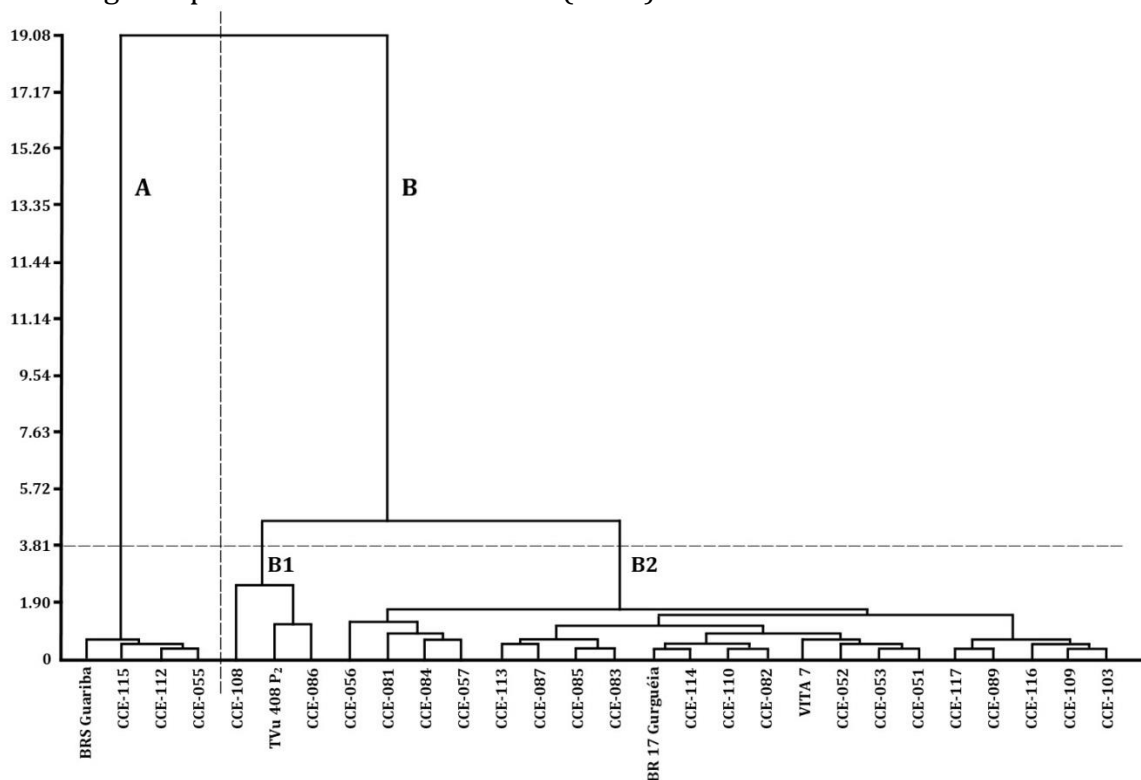


Figura 1. Dendrograma resultante da Análise de Agrupamentos obtido a partir das variáveis número de adultos vivos (NAV) e número de ninfas vivas (NNV) de pulgão-preto em diferentes genótipos de feijão-de-corda utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis.

A utilização do conceito de resistência efetiva associado ao ranqueamento, em função da prioridade para o melhoramento (MULAMBA e MOCK, 1978), a definição de grupos por meio do teste de Scott-Knott na análise univariada, e a aplicação da análise multivariada (Análise de Agrupamentos), permitiu uma percepção mais profunda do comportamento das variedades avaliadas frente ao *A. craccivora*, bem como a orientação na escolha de parentais para os cruzamentos com objetivo de obter híbridos superiores.

Conclusões

Há variabilidade genética entre as variedades locais de feijão-de-corda frente ao *Aphis craccivora*.

Os genótipos Rabo-de-tatu (CCE-115), Corujinha (CCE-055) e Leandro-do-monte (CCE-112) apresentam resistência por antibiose.

A análise multivariada apresenta resultados semelhantes a análise univariada, fornecendo informações complementares sobre os possíveis cruzamentos visando a resistência ao *Aphis craccivora*.

Cruzamentos podem ser realizados entre BRS Guariba com genótipos susceptíveis (grupo B2) ou cruzamentos

com BR 17 Gurguéia e Leandro-do-monte (CCE-112), Rabo-de-tatu (CCE-115) e Corujinha (CCE-055). Retrocruzamento entre o genótipo BRS Guariba com os genótipos altamente resistentes, Rabo-de-tatu (CCE-115), Leandro-do-monte (CCE-112), Corujinha (CCE-055), ou entre os genótipos resistentes, Sempre-verde (CCE-108), TVu 408 P₂ e Ligeiro (CCE-086), promove o aumento da resistência e diminui o número de gerações para seleção de novas cultivares.

Referências

- ALVARES, C.A.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; GONÇALVES, J.L.M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**. v. 22, n. 6, p. 711–728, 2014.
- AOYAMA, E.M.; LABINAS, A.M. Características estruturais das plantas contra a herbivoria por insetos. **Enciclopédia Biosfera**. v. 8, n. 15, p. 365–368, 2012.
- ARAÚJO, L.F.; ALMEIDA, W.S.; BERTINI, C.H.C.M.; VIDAL NETO, F.C.; BLEICHER E. The use of different clustering methods in the evaluation of genetic diversity in upland cotton. **Revista Ciência Agrônômica**. v. 45, n. 2, p. 312–318, 2014.
- BABURA, S.R.; MUSTAPHA, Y. Screening for development of host plant resistance to infestation by aphid (*Aphis craccivora* Koch) in cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp). **Bayero Journal of Pure and Applied Sciences**. v. 5, n. 1, p. 44–47, 2012.
- BADIANE, F.A.; GOWDA, B.S.; CISSÉ, N.; DIOUF, D.; SADIO, O.; TIMKO, M.P. Genetic relationship of cowpea (*Vigna unguiculata*) varieties from Senegal based on SSR markers. **Genetics and molecular research**. v. 11, n. 1, p. 292–304, 2012.
- BANDEIRA, H.F.S.; LIMA, A.C.S.; STRUCKER, A.; TRASSATO, L.B.; DIONISIO, L.F.S. Preferência do pulgão-preto e da cigarrinha-verde em diferentes genótipos de feijão-caupi em Roraima. **Revista Agro@ambiente Online**. v. 9, n. 1, p. 79–85, 2015.
- BATA, H.D.; SINGH, B.B.; SINGH, S.R.; LADEINDE, T.A.O. Inheritance of Resistance to Aphid in Cowpea. **Crop Science**. v. 27, n. 5, p.892-894, 1987.
- BOTTEGA, D.B.; BOIÇA, J.R.A.L.; SOUZA, B.H.S.; LOURENÇÃO, A.L. Aspectos biológicos de *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae) criada em folhas de diferentes genótipos de tomate. **Revista de Ciências Agrárias**. v. 38, n. 2, p. 139–148, 2015.
- COELHO, C.M.M.; COIMBRA, J.L.M.; SOUZA, C.A.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A.F. Diversidade genética em acessos de feijão. **Ciência Rural**. v. 37, n. 5, p. 1241–1247, 2007.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: estatística experimental e matrizes**. UFV. 2006.
- EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados conjunturais da produção de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2016): área de produção e rendimento**. 2017. Disponível em: <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>. Acesso em: 17 mar. 2018.
- FAOSTAT. **Crops**. 2017. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 10 mar. 2018.

- MELVILLE, C.C.; LIMA, A.C.S.; MORAIS, E.G.F.; OLIVEIRA, N.T. Preferência do pulgão-preto, *Aphis craccivora* Koch (Homoptera: Aphididae), a genótipos de feijão-caupi. **Revista Agro@ambiente On-Line**. v. 10, n. 2, p. 153-160, 2016.
- MESSINA, F.J.; RENWICK, J.A.A.; BARMORE, J.L. Resistance to *Aphis craccivora* (Homoptera: Aphididae) in selected varieties of cowpea. **Jornal of Entomological Science**. v. 20, n. 2, p. 263-269, 1985.
- MONTALVÁN, R.; MAIA, J.P.; MACIEL, S.V.P.A.; RAMOS, S.R.R.; FREIRE FILHO, F.R. **Base genética das cultivares brasileiras de feijão-caupi. Reunião Nacional do Feijão-Caupi**. Anais... Embrapa Meio-Norte. 2006. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/68759>. Acesso em: 10 mar. 2018.
- MORAES, J.G.L.; BLEIHER, E. Preferência do pulgão-preto, *Aphis craccivora* Koch, a diferentes genótipos de feijão-decorda, *Vigna unguiculata* (L.) Walp. **Ciência Rural**. v. 37, n. 6, p. 1554-1557, 2007.
- MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potencial of the eto blanco maize (*Zea Mays* L.) population by dreending for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**. v. 7, p. 40-51, 1978.
- OBOPILE, M.; OSITILE, B. Life table and population parameters of cowpea aphid, *Aphis craccivora* Koch (Homoptera: Aphididae) on five cowpea *Vigna unguiculata* (L. Walp.) varieties. **Journal of Pest Science**. v. 83, n. 1, p. 9-14, 2010.
- OLIVEIRA, C.R.R.; FREIRE FILHO, F.R.; NOGUEIRA, M.S.R.; BARROS, G.B.; EIRAS, M.; RIBEIRO, V.Q.; LOPES, A.C.A. Reação de genótipos de feijão-caupi revela resistência às coinfeções pelo *Cucumber mosaic virus*, Cowpea aphid-borne mosaic virus e Cowpea severe mosaic virus. **Bragantia**. v. 71, n.1, p. 59-66, 2012.
- ORAWU, M.; MELIS, R.; LAING, M.; DERERA, J. Genetic inheritance of resistance to cowpea aphid-borne mosaic virus in cowpea. **Euphytica**. v. 189, n. 2, p. 191-201, 2013.
- PATHAK, R.S. Genetics of Resistance to Aphid in Cowpea. **Crop Science**. v. 28, n. 3, p.474-476, 1988.
- PAZ, J.K.S. **Resistência de genótipos de *Vigna unguiculata* L. (Walp.) a *Aphis craccivora* Koch e seus aspectos morfológicos e democráficos**. 81 p. Tese (Doutorado) -Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2016.
- PEÑA-MARTINEZ, R. Identificacion de afideos de importancia agricola. In: URIAS C, RODRIGUEZ R.; LEJANDRE, T. **Afidos como vectores de virus en Mexico**. Cidade do México: Centro de Fitopatologia. 1992. pp. 23-24.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P.; SOUZA, E.A.; GONÇALVES, F.M.A.; SOUZA, J.C. **Genética na Agropecuária**. Lavras: UFLA. 2012. 566p.
- ROHLF, F.J. Adaptive Hierarchical Clustering Schemes. **Systematic Biology**. v. 19, n. 1, p. 58-82, 1970.
- SANTOS, R.C.; LUZ, L.N.; PINEIRO, M.P.N.; GALVÃO FILHO, A.L.A.; LIMA, L.M. Prospecção de descritores para seleção de genótipos de amendoim tolerantes a

pragas de grãos armazenados. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**. v. 18, n. 8, p. 851–855, 2014.

SILVA, J.F.; BERTINI, C.H.C.M.; BLEICHER, E.; MORAES, J.G.L. Divergência genética de genótipos de feijão-de-corda quanto à resistência ao pulgão-preto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 47, n. 7, p. 948–954, 2012.

SILVA, J.F.; BLEICHER, E. Resistência de genótipos de feijão-de-corda ao pulgão-preto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 45, n. 10, p. 1089–1094, 2010.

SILVA, L.C.; NERE, D.R.; BLEICHER, E.; BARBOSA, A.V.C.; TAVARES, E.J.M. Demographic parameters of cowpea aphids on advanced semi-erect cowpea lines. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 53, n. 8, p. 900–908, 2018.

SINGH, S.R. Cowpea cultivars resistant to insect pest in world germplasm collection. **Tropical Grain Legume Bulletin**. v. 9, p. 3–7, 1977.

SOULEYMANE, A.; AKEN'OVA, M.E.; FOTOKUM, C.A.; ALABI, O.Y. Screening for resistance to cowpea aphid (*Aphis craccivora* Koch) in wild and cultivated cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) accessions. **International Journal of Science, Environment**. v. 2, n. 4, p. 611–621, 2013.

SOUZA, J.R.; BOIÇA JÚNIOR, A.L.; PERECIN, D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; COSTA, J.T. Divergência genética de cultivares de cana-de-açúcar quanto à resistência a *Diatraea saccharalis*. **Semina: Ciências Agrárias**. v. 34, n. 6, p. 3367–3376, 2013.

TANZUBIL, P.B.; ZAKARIAH, M.; ALEM, A. Integrating host plant resistance and

chemical control in the management of Cowpea pests. **Australian Journal of Crop Science**. v. 2, n. 3, p. 115–120, 2008.

TEIXEIRA, I.R.; SILVA, G.C.; OLIVEIRA, J.P.R.; SILVA, A.G.; PELÁ, A. Desempenho agrônômico e qualidade de sementes de cultivares de feijão-caupi na região do cerrado. **Revista Ciencia Agrônômica**. v. 41, n. 2, p. 300–307, 2010.

THULER, R.T.; BORTOLI, A.S.; HOFFMANN-CAMPO, C.B. Classificação de cultivares de brássicas com relação à resistência à traça-das-crucíferas e presença de glucosinolatos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 42, n. 4, p. 467–474, 2007.

TORRES, F.E.; TEODORO, P.E.; SAGRILO, E.; CECCON, G.; CORREA, A.M. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**. v. 74, n. 3, p. 255–260, 2015.

VIANA, C.L.T.P.; BORTOLI, A.S.; THULER, R.T.; GOULART, R.M.; THULER, A.M.G.; LEMOS, M.V.F.; FERRAUDO, A.S. Efeito de novos isolados de *Bacillus thuringiensis* Berliner em *Plutella xylostella* (Linnaeus, 1758) (Lepidoptera: Plutellidae). **Biologia**. v. 37, n. 1, p. 22–31, 2009.