

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PROSPECÇÃO DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE
QUIABEIRO POR ANÁLISES GENÉTICAS BIOMÉTRICAS**

Edgard Henrique Costa Silva
Engenheiro Agrônomo

2019

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**PROSPECÇÃO DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE
QUIABEIRO POR ANÁLISES GENÉTICAS BIOMÉTRICAS**

Edgard Henrique Costa Silva

Orientadora: Profa. Dra. Leila Trevisan Braz

Coorientador: Prof. Dr. Willame dos Santos Candido

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Agronomia (Produção Vegetal).

2019

S586p

Silva, Edgard Henrique Costa

Prospecção de híbridos experimentais de quiabeiro por análises genéticas biométricas / Edgard Henrique Costa Silva.

-- Jaboticabal, 2019

69 p. : il., tabs.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientadora: Leila Trevisan Braz

Coorientador: Willame dos Santos Candido

1. *Abelmoschus esculentus* L. (Moench). 2. Exploração da heterose. 3. Produtividade. 4. Seleção de parentais. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: PROSPECÇÃO DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE QUIABEIRO POR ANÁLISES GENÉTICAS BIOMÉTRICAS

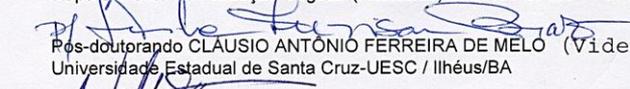
AUTOR: EDGARD HENRIQUE COSTA SILVA
ORIENTADORA: LEILA TREVISAN BRAZ
COORIENTADOR: WILLAME DOS SANTOS CANDIDO

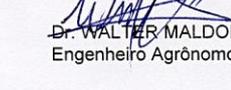
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL), pela Comissão Examinadora:


Prof. Dra. LEILA TREVISAN BRAZ
Departamento de Produção Vegetal (Horticultura) / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Prof. Dr. PABLO FORLAN VARGAS
Departamento de Agronomia / UNESP - Câmpus de Registro/SP


Prof. Dr. RINALDO CESAR DE PAULA
Departamento de Produção Vegetal (Fitotecnia) / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Pos-doutorando CLAUDIO ANTONIO FERREIRA DE MELO (Videoconferência)
Universidade Estadual de Santa Cruz-UESC / Ilhéus/BA


Dr. WALTER MALDONADO JUNIOR
Engenheiro Agrônomo Autônomo / Jaboticabal/SP

Jaboticabal, 22 de outubro de 2019

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Edgard Henrique Costa Silva nasceu em 3 de dezembro de 1991, na cidade de Montes Claros de Goiás – GO, filho de Edio Lemes da Silva e Marcirane Vaz Costa Lemes. Em 2008, obteve o título de Técnico em Agropecuária com habilitação em Agricultura, Zootecnia e Agroindústria pela antiga Escola Agrotécnica Federal de Ceres (atual Instituto Federal Goiano – Câmpus de Ceres). Em 2009, ingressou no Curso de Agronomia da Fundação Universidade Federal do Tocantins – Câmpus Universitário de Gurupi, obtendo o título de Engenheiro Agrônomo em 2014. Durante a graduação participou do Núcleo de Estudos em Olericultura, orientado pelo Prof. Dr. Ildon Rodrigues do Nascimento, onde trabalhou com aspectos fitotécnicos e melhoramento genético de diversas olerícolas. Foi bolsista de iniciação científica do CNPq de junho de 2010 a maio de 2012, na categoria ITI-A (Iniciação Tecnológica e Industrial). Participou do Programa Brafagri (julho 2012 a agosto 2013) com bolsa da CAPES, onde frequentou e validou um ano de estudos na França, no curso de Engenharia de Horticultura da grande École Agrocampus Ouest Centre d’Angers. Em março de 2015 ingressou no curso de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Câmpus de Jaboticabal, com bolsa da CAPES, trabalhando com a problemática quiabeiro x nematoide de galhas, e obteve o título de mestre em julho de 2016. Em agosto de 2016 ingressou no curso de doutorado do mesmo programa, com bolsa CNPq, tendo como desafio obter bons híbridos de quiabeiro. De agosto de 2017 a fevereiro de 2018 participou do La-CEP (Co-creative education program of humanities and sciences to solve global issues confronting Japan and Latin America) na Tokyo University of Agriculture and Technology com auxílio financeiro da Japan Student Services Organization (JASSO). Até outubro de 2019, publicou 20 artigos em periódicos nacionais e internacionais indexados.

“A cultivar perfeita nunca foi obtida. As cultivares de sucesso são meramente menos imperfeitas do que as pré-existentes”

(Simmonds e Smart, 1999)

Aos meus pais, Edio Lemes da Silva e Marcirane Vaz Costa Lemes, por sempre me incentivarem a seguir meus sonhos e pelos exemplos de caráter, persistência e resiliência.

DEDICO

À minha irmã Jullyane Costa Lemes.

À minha avó Divina Vaz de Jesus Leite.

À toda minha família, por acreditarem em meu potencial e compreenderem minha ausência.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Edio Lemes da Silva e Marcirane Vaz Costa Lemes, pelo carinho, dedicação, amor, incentivo, apoio incondicional e por entenderem minha ausência para chegar até aqui.

À minha irmã Jullyane Costa Lemes pelo carinho e apoio.

Aos meus avós maternos e paternos e à toda minha família pelo apoio e por compreender minha ausência.

À Maria Albertina Monteiro dos Reis pelo carinho, cuidado, apoio e parceria. O caminho se torna muito mais leve quando não se está sozinho.

À Profa. Dra. Leila Trevisan Braz, que além de orientadora de assuntos técnico-científicos, tornou-se uma mentora e um exemplo de ética e conduta profissional. Meu muito obrigado pelas inúmeras oportunidades e por acreditar no meu potencial.

Ao meu coorientador, Prof. Dr. Willame dos Santos Candido, pelos ensinamentos, orientação e compreensão. Agradeço também pela amizade e pelas oportunidades concedidas.

À Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Câmpus de Jaboticabal.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal) e aos professores com quem muito aprendi em disciplinas e cursos durante o doutorado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de doutorado.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

À Organização de Serviços para Estudantes do Japão (Japan Student Services Organization - JASSO) pelo auxílio financeiro durante minha experiência no Japão.

À Universidade de Agricultura e Tecnologia de Tóquio (Tokyo University of Agriculture and Technology - TUAT) e ao Prof. Dr. Tetsuya Yamada pelo acolhimento e oportunidade.

À Embrapa Hortaliças pelo fornecimento do material genético, por meio de Termo de Transferência de Materiais, nº 07 de 2016/CNPH/Embrapa Hortaliças, necessário para que esta pesquisa fosse realizada.

Aos amigos da República TOca Fogo: Adão Felipe, Everton Carvalho, Antônio Tássio, Luan Pereira, Emmanuel Pereira, Mailson Oliveira, João Godinho, Armando Brito e Jarlyson Brunno. E também aos agregados que fizeram parte dos almoços de domingo e de vários momentos de descontração: Stefany Souza, Taynara Valeriano, Larissa Nogueira, Kárita Almeida, Karollayne Emiliano e Letícia Santos.

Aos amigos do Núcleo de Estudos em Olericultura e Melhoramento (NEOM), em especial à Carolina Franco e Renato Soares pelo auxílio enquanto estive fora. Meu muito obrigado pelos momentos de convivência e trabalho, desejo muito sucesso a todos.

Aos funcionários do Setor de Olericultura e Plantas Aromático-Medicinais: Inauro, Reinaldo, Sílvio e Cláudio.

Aos funcionários do Departamento de Produção Vegetal (Horticultura): Rosane, Sidnéia e Wagner.

Aos membros da banca do Exame Geral de Qualificação: Profa. Dra. Leila Trevisan Braz, Prof. Dr. Dilermando Perecin, Dr. Rinaldo César de Paula. Obrigado pelas valorosas correções e sugestões.

Ao Prof. Dr. Lucas da Silva Santos da Universidade Federal de Rondônia (UNIR) pela leitura criteriosa do texto e sugestões pertinentes.

Ao Prof. Dr. Rouverson Pereira da Silva pela amizade e oportunidades.

Aos professores e pesquisadores que gentilmente compartilharam seus conhecimentos relacionados aos procedimentos estatísticos utilizados neste trabalho: Prof. Dr. Cláudio Antônio Ferreira de Melo da Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC), Profa. Dra. Marcela Pedroso Mendes Resende da Universidade Federal de Goiás (UFG) e Prof. Dr. Vanderly Janeiro da Universidade Estadual de Maringá (UEM).

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram com o êxito dessa pesquisa.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	ii
ABSTRACT.....	iii
CAPÍTULO 1 – Considerações gerais.....	01
INTRODUÇÃO.....	01
REVISÃO DE LITERATURA.....	03
A cultura do quiabeiro.....	03
Recursos genéticos de quiabeiro e caracterização.....	04
Divergência genética.....	05
Melhoramento genético de quiabeiro.....	07
Análise dialélica.....	08
REFERÊNCIAS.....	09
CAPÍTULO 2 – Morphoagronomic characterization and genetic diversity of a Brazilian okra panel.....	17
ABSTRACT.....	17
INTRODUCTION.....	17
MATERIAL AND METHODS.....	19
Plant material.....	19
Agronomic and morphological characterization	19
Data analysis.....	22
RESULTS AND DISCUSSION.....	22
CONCLUSIONS.....	29
REFERENCES.....	30
CAPÍTULO 3 – Identificação de híbridos produtivos de quiabeiro por meio de análise dialélica parcial.....	38
RESUMO.....	38
INTRODUÇÃO.....	38
MATERIAL E MÉTODOS.....	40
Genitores e cruzamentos dialélicos parciais.....	40
Delineamento experimental e condução dos experimentos.....	41
Análise dos dados.....	45
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	45
Análise dialélica.....	45
Análise agrônômica.....	49
CONCLUSÕES.....	54
REFERÊNCIAS.....	54
CAPÍTULO 4 – Considerações finais.....	57

PROSPECÇÃO DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE QUIABEIRO POR ANÁLISES GENÉTICAS BIOMÉTRICAS

RESUMO - O quiabeiro é uma cultura de destacada importância socioeconômica em regiões tropicais e subtropicais. Seus usos e aplicações são variados, pois apresenta características nutracêuticas interessantes, bem como potencial para exploração industrial. A produtividade de quiabeiro não tem acompanhado a evolução que se verifica para outras culturas olerícolas. Provavelmente, pelo fato da cultura do quiabeiro ser sistematicamente negligenciada do ponto de vista da pesquisa e inovação, não havendo desenvolvimento de genótipos superiores e de técnicas de manejo mais eficientes. A exploração da heterose seria a forma mais rápida para se aumentar a produtividade, pois verifica-se, no cenário brasileiro, predominância de cultivares de polinização aberta. Assim, com o objetivo final de obter híbridos produtivos de quiabeiro, este trabalho foi dividido em: (1) caracterização morfoagronômica e divergência genética de parte do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Hortaliças; (2) análise dialélica parcial de híbridos experimentais e comparativo de desempenho agrônômico com cultivares comerciais. Na primeira etapa, 47 genótipos foram caracterizados quanto a descritores nacionais e internacionais e a divergência genética foi explorada por meio da estratégia Ward-MLM (Modified Location Model). Formou-se sete grupos com número variável de genótipos. Esta informação foi utilizada na escolha dos genitores para a próxima etapa. As características comprimento e largura de folhas, tamanho do pecíolo, diâmetro da haste na base da planta e altura da primeira flor foram as que mais contribuíram para a variação genética. Na segunda etapa, as linhagens selecionadas foram cruzadas em esquema de dialelo parcial, com sete genótipos em um grupo e dois genótipos em outro grupo, totalizando 14 híbridos. Obteve-se também os respectivos recíprocos de cada híbrido. Os híbridos experimentais foram avaliados no inverno e no verão de Jaboticabal – SP quanto à produtividade, número de frutos e precocidade. Nenhuma linhagem apresentou capacidade geral de combinação significativa. Oito combinações híbridas apresentaram capacidade específica de combinação significativa para a característica número de frutos. Destas combinações, observou-se estimativas positivas para quatro, sendo estes considerados híbridos promissores, que foram comparados por meio de contraste ortogonal com cultivares comerciais. No verão, não se observou diferenças significativas entre os híbridos experimentais e os híbridos comerciais. No inverno, os híbridos experimentais 1x8 e 3x8 apresentaram desempenho produtivo superior aos híbridos comerciais e são potenciais genótipos para o cultivo de entressafra.

Palavras-chave: *Abelmoschus esculentus* L. (Moench), exploração da heterose, produtividade, seleção de parentais.

PROSPECTING EXPERIMENTAL OKRA HYBRIDS BY BIOMETRIC GENETIC ANALYSIS

ABSTRACT - Okra is a crop of outstanding socioeconomic importance in tropical and subtropical regions. Several uses and applications are practiced, as okra has interesting nutraceutical characteristics as well as potential for industrial exploitation. Although its importance and potential, okra yield has not improved as observed for other vegetable crops. Probably because okra is systematically neglected from the point of view of research and innovation, with no development of superior genotypes and more efficient management techniques. The exploitation of heterosis would be the fastest way to increase yield, as open-pollinated cultivars predominate the Brazilian scenario. Thus, with the ultimate goal of obtaining productive okra hybrids, this work was divided into: (1) morphoagronomic characterization and genetic divergence of part of the Embrapa Hortaliças Okra Active Germplasm Bank; (2) partial diallel analysis of experimental hybrids, and comparative of agronomic performance with commercial cultivars. First, the accessions were characterized according to national and international descriptors and genetic divergence was explored through the Ward-MLM (Modified Location Model) strategy. Seven groups with variable number of genotypes were formed. This information was used in the choice of parents for the next step. The characteristics leaf length and leaf diameter, petiole length, stem diameter at plant base, and first flowering height contributed the most to the genetic variation. Then, in the second stage, the selected lines were crossed in partial diallel scheme, with seven genotypes in one group and two genotypes in another group, totaling 14 hybrids. The respective reciprocals of each hybrid were also obtained. The experimental hybrids were evaluated in winter and summer of Jaboticabal - SP for yield, fruit number and precocity. No line showed significant general combining ability. Eight hybrid combinations presented significant specific combining ability for the characteristic number of fruits. From these combinations, positive estimates were observed for four, which were considered promising hybrids, being subsequently compared by orthogonal contrast with commercial cultivars. In winter, the experimental 1x8 and 3x8 hybrids presented superior performance than the commercial hybrids. In summer, no significant differences were observed between experimental and commercial hybrids.

Keywords: *Abelmoschus esculentus* L. (Moench), heterosis exploitation, yield, parental selection.

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

INTRODUÇÃO

O quiabeiro (*Abelmoschus esculentus* L. Moench) apresenta relevância socioeconômica no Brasil, sendo fonte de renda para agricultores familiares e aportando importantes propriedades nutraceuticas. O interesse em quiabeiro tem aumentado por ser alimento tido como funcional (Chen et al., 2015).

O Brasil não figura entre os principais produtores mundiais, todavia a cultura é amplamente cultivada e consumida no país. Não se tem dados econômicos confiáveis acerca do agronegócio brasileiro de quiabeiro, mas sabe-se, por exemplo, que a produtividade no estado de São Paulo não teve incrementos significativos nas últimas décadas (IEA, 2019). Dois grandes fatores provavelmente explicam esse cenário: a ocorrência de nematoides de galha em áreas produtoras e a falta de cultivares modernas.

Embora algumas iniciativas tenham sido relatadas, o melhoramento genético de quiabeiro ainda é incipiente no Brasil. Acredita-se que o apelo comercial da cultura não seja suficiente para que empresas invistam no desenvolvimento de novos genótipos. Todavia, este cenário sinaliza mudança. Novas cultivares foram recentemente lançadas no Brasil, e, dentre estas, algumas híbridas. Não obstante, a cultivar de polinização aberta, 'Santa Cruz 47', vem dominando o mercado há mais de 45 anos.

A condição básica para se desenvolver novas cultivares de quiabeiro é a variabilidade genética (Eshiet e Brisibe, 2015; Shivaramgowda et al., 2016). Globalmente, a variabilidade genética de quiabeiro é considerada baixa (Dhankar et al., 2009), razão pela qual recomenda-se explorar ao máximo bancos de germoplasma disponíveis. No Brasil, a base genética de quiabeiro pode ser ainda mais estreita que em outros países produtores, pois a cultura foi introduzida por escravos africanos que não tinham como aportar grande variabilidade. O Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Hortaliças é um dos mais importantes do Brasil e pode deter variabilidade genética estratégica para o desenvolvimento de novos genótipos.

Para que um banco de germoplasma seja efetivamente utilizado em um programa de melhoramento genético, faz-se necessário que este seja

caracterizado a fim de identificar genótipos superiores e aferir informações que possibilitem selecionar bons genitores. A caracterização do germoplasma pode ser feita com base em descritores morfológicos, agronômicos, moleculares, entre outros, a depender dos objetivos e dos recursos disponíveis. Usar informações morfológicas e agronômicas é estratégico pelos potenciais resultados e pela aplicabilidade.

Sempre que possível, melhoristas buscam desenvolver híbridos. A hibridação é mais comum em plantas alógamas, todavia tal método é possível em culturas autógamas ou de reprodução mista, como o quiabeiro. O método de obtenção de híbridos permite explorar a heterose, que pode conferir maior produtividade, precocidade, uniformidade e possibilidade de fixar determinadas características.

A depender dos genitores de interesse, o número de potenciais híbridos pode ser maior que as capacidades dos programas de melhoramento genético, que têm recursos humanos e financeiros limitados. Assim, é primordial selecionar os melhores genitores e/ou as melhores combinações híbridas para que ensaios multiambientais possam ser conduzidos. Na obtenção de híbridos, quanto mais diferentes geneticamente os genitores são, maior pode ser o vigor híbrido, gerando melhores indivíduos (Dhankar et al., 2009).

A informação de divergência genética pode auxiliar os melhoristas na tomada de decisão sobre quais genitores serão cruzados, visando trabalhar com o máximo de variabilidade genética. Neste sentido, cruzamentos dialélicos parciais podem ser ferramenta importante para aumentar a eficiência do processo, pois não há necessidade de se avaliar todas as combinações possíveis. Neste tipo de esquema, os cruzamentos são feitos entre grupos geneticamente distintos. Como resultado desta abordagem, ter-se-á estimativas das capacidades geral e específica de combinação das linhagens, que são úteis na obtenção de cultivares de polinização aberta ou híbridas.

Diante do exposto, este estudo foi conduzido com o objetivo de fornecer informações para melhoramento genético eficiente de quiabeiro, por meio de caracterização e estimativa de divergência genética de parte de uma coleção brasileira de quiabeiro.

REVISÃO DE LITERATURA

A cultura do quiabeiro

A cultura do quiabeiro (*Abelmoschus esculentus* L.), pertencente à família botânica Malvaceae, é principalmente explorada como hortaliça pelos seus frutos imaturos. Outros usos são relatados, como na produção de biodiesel (Anwar et al., 2010), biogás (Ugwu e Enweremadu, 2019), na indústria alimentícia (Araújo et al., 2018), indústria têxtil com fibras e polímeros (Alam e Arifuzzaman Khan, 2007; Arifuzzaman Khan et al., 2009; De Rosa et al., 2010) e compostos bioativos (Tian et al., 2015; Yuan et al., 2019).

A origem geográfica do quiabeiro não foi totalmente elucidada (Werner et al., 2016), mas acredita-se que seja a África ou a Ásia. Trata-se de cultura adaptada às regiões tropicais e subtropicais, com baixa tolerância a climas amenos. Por essa razão, no Brasil, é cultivada ao longo do ano em regiões quentes, e no verão em regiões frias.

A Índia é responsável por mais de 60% da produção mundial de quiabo, seguida de Nigéria, Sudão, Mali e Iraque (FAOSTAT, 2019). O quiabeiro é explorado predominantemente por países em desenvolvimento econômico e/ou em vulnerabilidade social, o que eleva sua importância na segurança alimentar de tais regiões, pois trata-se de hortaliça com excelentes e estratégicas qualidades nutracêuticas (Eshiet e Brisibe, 2015).

O Brasil não figura entre os principais produtores mundiais. Não obstante, a cultura é amplamente cultivada no país, principalmente por pequenos agricultores que se enquadram nos moldes da agricultura familiar (Santos-Cividanes et al., 2011). Além de gerar emprego e renda, apresenta importância sociocultural por fazer parte de pratos tradicionais brasileiros, como o frango com quiabo do estado de Minas Gerais (Abdala, 2006).

Em 2018, no estado de São Paulo, produziu-se 25.862 toneladas de quiabo em 1.933 hectares, perfazendo produtividade média de 13,38 t ha⁻¹ (IEA, 2019). Embora a produtividade média paulista esteja superior à mundial (4,01 t ha⁻¹), há potencial para aumentar a eficiência de produção. Dentre os principais fatores que limitam a produtividade, destacam-se cultivares obsoletas, alta

incidência de pragas e doenças e densidade de plantio não adequada (Eshiet e Brisibe, 2015).

O gênero *Abelmoschus* compreende oito espécies (Ramya e Bhat, 2012). Entre as espécies cultivadas, *A. esculentus* é amplamente explorada em regiões tropicais e subtropicais, *A. caillei* no oeste e centro da África e *A. manihot* na Papua Nova Guiné como hortaliça-folhosa (Dhankhar et al., 2009). O genoma de quiabeiro tem 1,6 Gb e o número de cromossomos geralmente é $2n=130$ (Joshi e Hardas, 1956). São relatados genótipos de *A. esculentus* diploides ($2n=60-70$) e tetraploides ($2n=120-130$) (Nwangburuka et al., 2011).

As flores de quiabeiro são hermafroditas e autocompatíveis, o que caracteriza a cultura como autógama. Todavia, apresenta flores com pétalas atrativas a insetos, o que pode ocasionar polinização cruzada (Oyetunde e Ariyo, 2014). Diversos autores relataram nível variado de polinização entomófila (Choudhury e Choomsai, 1970; Shalaby, 1972), com o máximo de 42,2% no Brasil (Mitidieri e Vencovsky, 1974) e de 60% em Porto Rico (Martin, 1983). A magnitude da polinização cruzada depende principalmente da cultivar, variabilidade floral na área, população de insetos e época de plantio (Bairwa et al., 2016). Diferentemente de outras espécies autógamas, a autofertilização de quiabeiro não ocorre por completo antes da antese, acontecendo progressivamente na manhã de abertura da flor, o que representa potencial para alogamia (Hamon e Koechlin, 1991).

Recursos genéticos de quiabeiro e caracterização

O quiabeiro foi introduzido no Brasil por escravos africanos (Minami et al., 1998; Madeira et al., 2008). Esse processo não garantia aportar grande quantidade e variedade de sementes, assim, presume-se que a base genética de quiabeiro brasileiro seja estreita. Por esse motivo, recomenda-se que o potencial dos recursos genéticos disponíveis sejam explorados ao máximo (Srivastava, 2009).

No Brasil, o primeiro banco de germoplasma de quiabeiro foi estabelecido em 1930 no Instituto Agrônomo de Campinas. Em 1964, o Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa foi criado, detendo variabilidade importante de diferentes olerícolas, inclusive quiabeiro. Na

década de 1974, o Governo Federal Brasileiro criou o Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), hoje Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, órgão que mantém Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) de diversas culturas, e também de quiabeiro.

A caracterização do germoplasma disponível é primordial para uso pelos melhoristas. Vários descritores são comumente utilizados, integrando parâmetros morfológicos, agronômicos e moleculares. Dois grandes grupos de descritores se destacam, o do “Bioversity International” (antigo “International Plant Genetic Resources Institute” (Carrier, 1984) e o do Ministério Brasileiro da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2008).

Divergência genética

A divergência genética pode ser definida como a distância genética entre genótipos ou populações, estimada por meio de diferentes métodos, como características morfológicas, agronômicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares (Amaral Júnior et al., 2010). Trata-se de condição essencial para o melhoramento de plantas, pois para que novas cultivares sejam desenvolvidas, faz-se necessário que a população base tenha variabilidade genética.

Em geral, os genótipos são agrupados por compartilharem maior semelhança entre si em um processo de duas etapas, sendo estimativa da distância ou da similaridade/dissimilaridade, seguido da aplicação de uma técnica de agrupamento que permitirá visualizar a formação de grupos (Cruz et al., 2012).

Os diferentes métodos disponíveis para quantificar a diversidade genética variam de acordo com o tipo de variável utilizada na análise. Vários coeficientes estão disponíveis para variáveis binárias, como distância binária de Sokal, coincidência simples, Roger e Tanimoto, Sokal e Sneath, Russel e Rao, Jaccard, Sorenson-Dice, e Nei & Li, entre outros (Cruz et al., 2011). Para variáveis quantitativas, as mais utilizadas são distância Euclidiana, distância Euclidiana média e distância generalizada de Mahalanobis. Para variáveis de padrão multicategórico, pode-se estimar a similaridade por coincidência simples, ou a dissimilaridade conforme Cole-Rodgers et al. (1997).

A adoção de métodos de agrupamento ou de projeções de distância em gráficos bi ou tridimensionais a partir da medida de dissimilaridade é de grande utilidade para os melhoristas, pois é impraticável reconhecer padrões de agrupamento simplesmente pelo exame visual das estimativas (Cruz et al., 2011).

Cruz et al. (2011) dividem as técnicas de agrupamento em três abordagens iniciais: 1 – técnicas que produzem dendrogramas a partir das medidas de dissimilaridade por meio de processos aglomerativos ou divisivos; 2 – partições em um grupo plástico ao longo da análise, no qual os indivíduos podem se mover para fora ou para dentro da análise; 3 – métodos baseados em dispersão gráfica. Os métodos de agrupamentos mais utilizados são os hierárquicos, como o de ligação simples, média, entre grupos (UPGMA) e Ward.

Há situações em que a diversidade genética pode ser estudada por meio de vários tipos de caracteres. Neste caso, três estratégias podem ser adotadas: 1 - subdividir as características em subgrupos de acordo com as particularidades das mensurações, a fim de utilizar a medida de dissimilaridade mais adequada; 2 - adotar uma medida de dissimilaridade única para todos os tipos de características ou utilizar diferentes medidas de dissimilaridade que apresentam mesmo intervalo de definição; 3 – converter todas as variáveis em único padrão por meio da transformação de variáveis quantitativas em multicategóricas (Cruz et al., 2011).

Em estudos de diversidade genética é interessante adotar técnicas multivariadas que permitam explorar, simultaneamente dados contínuos (quantitativos), multicategóricos (qualitativos) e binários (moleculares). Para tal, é necessário utilizar medida de distância adequada, como, por exemplo, o algoritmo de Gower (1971), que permite calcular as distâncias com base em informações provindas de variáveis contínuas e discretas, simultaneamente.

O procedimento MLM (Modified Location Model), proposto por Franco et al. (1998), considera todos os tipos de variáveis simultaneamente. Trata-se de um processo com duas etapas, sendo agrupamento hierárquico pelo método de Ward (Ward, 1963) usando matriz de dissimilaridade obtida pelo algoritmo de Gower (Gower, 1971); seguido da estimativa do vetor das médias das variáveis quantitativas dentro de cada grupo, utilizando o método MLM. A estratégia Ward-MLM usa toda a informação genética disponível e permite definir o número ideal

de grupos com precisão e melhor probabilidade (Amaral Júnior et al., 2010). Ainda, possibilita identificar os descritores que mais contribuíram para a diferenciação dos grupos.

A estratégia Ward-MLM tem sido utilizada em diferentes culturas hortícolas, como mamoeiro (Nascimento et al., 2019), meloeiro (Andrade et al., 2019), *Capsicum* spp. (Sudré et al., 2010; Baba et al., 2016; Cardoso et al., 2018), bananeira (Reis et al., 2015; Gonçalves et al., 2018), tomateiro (Gonçalves et al., 2009; Fernandes et al., 2018), maracujazeiro (Melo et al., 2015), mas não há relatos de aplicação na cultura do quiabeiro.

Melhoramento genético de quiabeiro

Além de altas produtividades, recomenda-se que um programa de melhoramento genético de quiabeiro tenha como objetivo maximizar a eficiência de uso de insumos, considerar os estresses bióticos e abióticos, melhorar a qualidade de frutos e possibilitar o processamento, e se atentar a objetivos regionais específicos que possam existir (Dhankar et al., 2009).

Métodos de melhoramento comumente empregados em espécies autógamas podem ser adotados em quiabeiro, como introdução de plantas, seleção de linhas puras, obtenção de híbridos, mutação e indução de poliploidia (Dhankhar et al., 2009). Ferramentas biotecnológicas ainda não são frequentes em melhoramento de quiabeiro, devido a disponibilidade de poucos marcadores moleculares e ausência de mapas genéticos (Schafleitner et al., 2013; Yildiz et al., 2015; Mishra et al., 2017).

A introdução de cultivares foi o primeiro método de melhoramento de quiabeiro no Brasil. Diversas cultivares introduzidas foram utilizadas em programas que realizavam seleção massal e objetivavam aumentar a produtividade, melhorar a qualidade, reduzir altura de planta, aumentar a precocidade, entre outros (Mattedi, 2014).

Atualmente, melhoristas de quiabeiro buscam desenvolver híbridos produtivos e precoces (Mattedi et al., 2015; Binalfew e Alemu, 2016; Maciel et al., 2018). A hibridização tem por objetivo gerar variabilidade genética, incorporar características de interesse em cultivares e explorar a heterose (Dhankhar et al., 2009). O vigor híbrido em quiabeiro foi primeiramente relatado por Vijayraghvan

e Warier (1946). No Brasil, o primeiro relato de exploração da heterose em quiabeiro foi feito por Susuki (1992).

Ainda que sementes híbridas sejam mais caras que sementes obtidas por polinização aberta, vantagens como maior produtividade, uniformidade e resistência a doenças podem compensar o investimento (Maciel et al., 2018). No sentido de baratear o custo de produção de sementes híbridas, Maciel et al. (2017) avaliaram alternativa que consiste de emasculação incompleta com polinização entomófila sem prejuízo ao efeito heterótico dos híbridos.

Análise dialélica

Embora seja útil, nem sempre é eficiente selecionar genitores com base no desempenho *per se* (Allard, 1971), pois também é importante conhecer a capacidade combinatória dos genótipos. Dentre os métodos disponíveis para identificar genitores potenciais, os cruzamentos dialélicos são frequentemente utilizados.

Os cruzamentos dialélicos podem ser definidos como o conjunto de todos os cruzamentos possíveis entre um determinado grupo de linhagens (Miranda Filho e Gorgulho, 2001; Ramalho et al., 2001). Na análise dialélica, além dos híbridos, pode-se incluir os respectivos pais, os híbridos recíprocos (adotando o genitor masculino como feminino e vice-versa), e outras gerações pertinentes, como F₂ e retrocruzamentos (Cruz et al., 2012).

Os dialelos podem ser completos, parciais, circulantes, incompletos ou desbalanceados. Os completos incluem os híbridos F₁ gerados entre todos os pares de combinações de genitores. A análise pode incluir os genitores, híbridos recíprocos e gerações relacionadas.

Os dialelos completos tem a desvantagem de ter alto número de combinações híbridas. Quando se tem informação acerca da divergência genética ou grupos heteróticos definidos, é estratégico proceder cruzamentos entre grupos específicos, caracterizando os dialelos parciais. Este tipo de esquema gera menor número de cruzamentos, pois maximiza informações já disponíveis dos grupos.

A análise dialélica pode ser feita por meio de diferentes métodos. Os mais comuns são de Griffing (1956), Gardner e Eberhart (1966) e Hayman (1954). O

método de Griffing permite estimar as capacidades geral e específica de combinação dos genótipos, comumente abreviados como CGC e CEC. A CGC caracteriza o comportamento médio de cada linhagem em cruzamento com as demais linhagens e está associada a efeitos genéticos aditivos. Por sua vez, a CEC representa o desvio de um determinado cruzamento em relação à média da CGC dos pais, sendo resultante de efeitos de dominância, epistasia e vários outros tipos de interações gênicas (Cruz et al., 2012).

O método de Gardner e Eberhart estuda a heterose. O método de Hayman permite estudar a herança de um determinado caráter, limites de seleção e potencial dos genitores. Um outro método, o de Cockerham e Weir (1977) permite avaliar o efeito recíproco (nuclear e citoplasmático), mas apenas em dialelos completos.

Barata et al. (2019) desenvolveram modelo de análise dialélica parcial que consideram pais, híbridos e recíprocos, permitindo avaliar este efeito que antes era comumente ignorado. Outra alternativa, para dialelos parciais, foi encontrada por De Abreu et al. (2018 ao estimar a CGC e a CEC pelo Modelo II de Griffing e posteriormente estimar os efeitos recíprocos pelo Modelo III de Griffing, também usando informações de pais, híbridos e recíprocos.

REFERÊNCIAS

Abdala MC (2006) Sabores da tradição. **Revista do Arquivo Público Mineiro** 42:119-129.

Alam MS, Arifuzzaman Khan GM (2007) Chemical analysis of okra bast fiber (*Abelmoschus esculentus*) and its physico-chemical properties. **Journal of Textile Apparel, Technology and Management** 5:1-9.

Allard RW (1971) Princípios de melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blüchner. 381 p.

Amaral Júnior AT, Viana AP, Gonçalves LSA, Barbosa CD (2010) Procedimentos multivariados em recursos genéticos vegetais. In: Pereira TNS (Ed.). **Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas**. Viçosa: Arca, 205- 254p.

Andrade IS, Melo CAF, Nunes GHS, Holanda ISA, Grangeiro LC, Correa RX (2019) Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits. **Scientia Horticulturae** 243:514-523. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.09.006>

Anwar F, Rashid U, Ashraf M, Nadeem M (2010) Okra (*Hibiscus esculentus*) seed oil for biodiesel production. **Applied Energy** 87:779–785.

Araújo A, Galvão A, Silva Filho C, Mendes F, Oliveira M, Barbosa F, Sousa Filho M, Bastos M (2018) Okra mucilage and corn starch bio-based film to be applied in food. **Polymer Testing** 71:352-361. <https://doi.org/10.1016/j.polymertesting.2018.09.010>

Arifuzzaman Khan GM, Shaheeruzzaman M, Rahman MH, Abdur Razzaque SM, Sakinul Islam M, Shamsul Alam M (2009) Surface modification of okra fiber and its physico-chemical characteristics. **Fibers and Polymers** 10:65-70.

Baba VY, Rocha KR, Gomes GP, Ruas CF, Ruas PM, Rodrigues R, Gonçalves LSA (2016) Genetic diversity of Capsicum chinense accessions based on fruit morphological characterization and AFLP markers. **Genetic Resources and Crop Evolution** 63:1371-1381. <https://doi.org/10.1007/s10722-015-0325-4>

Bairwa RK, Singh M, Bhoge RK, Devi C, Randhawa G (2016) Monitoring adventitious presence of transgenes in ex situ okra (*Abelmoschus esculentus*) collections conserved in genebank: a case study. **Genetics and Crop Evolution** 63:175-184.

Barata NM, Scapim CA, Guedes TA, Janeiro V, Pinto RJB, Soto RIC, Kuki MC (2019) A new partial diallel model adapted to analyze reciprocal effects in grain yield of maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 19:22-30. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332019v19n1a04>

Binalfew T, Alemu Y (2016) Characterization of Okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench) Germplasms Collected from Western Ethiopia. **International Journal of Research in Agriculture and Forestry** 3:11-17.

Cardoso R, Ruas CF, Giacomini RM, Ruas PM, Ruas EA, Barbieri RL, Rodrigues R, Gonçalves LSA (2018) Genetic variability in Brazilian *Capsicum baccatum*

germplasm collection assessed by morphological fruit traits and AFLP markers. **Plos One** 13:e0196468. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0196468>

Charrier A (1984) Genetic resources of the genus *Abelmoschus* (Okra). Rome: International Board for Plant Genetic Resources.

Chen Y, Zhang BC, Sun YH, Zhang JG, Sun HJ, Wei ZJ (2015) Physiochemical properties and adsorption of cholesterol by okra (*Abelmoschus esculentus*) powder. **Food & Function** 6:3728-3736. <https://doi.org/10.1039/C5FO00600G>

Choudhury B, Choomsai MLA (1970) Natural cross-pollination in some vegetable crops. **Indian Journal of Agricultural Science** 40:805-812.

Cockerham CC, Weir BS (1977) Quadratic analyses of reciprocal crosses. **Biometrics** 33:187-203.

Cole-Rodgers P, Smith DW, Bosland PW (1997) A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using capsicum as an example. **Crop Science** 37:1000-1002.

Cruz CD, Ferreira FM, Pessoni LA (2011) Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Viçosa: UFV, 620p.

Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 514 p.

De Abreu VM, Pinho EVRV, Mendes-Resende MP, Balestre M, Lima AC, Santos HO, Pinho RGV, 2018. Combining ability and heterosis of maize genotypes under water stress during seed germination and seedling emergence. **Crop Science** 59:1-11.

De Rosa IM, Kenny JM, Puglia D, Santulli C, Sarasini F (2010) Morphological, thermal and mechanical characterization of okra (*Abelmoschus esculentus*) fibres as potential reinforcement in polymer composites. **Composites Science and Technology** 70: 116–122.

Dhankar BS, Singh R, Kumar R, Kumar S (2009) Genetic improvement. In.: Dhankar BS, Singh R (Eds.) **Okra handbook: global production, processing, and crop improvement**. New York: HNB Publishing, p. 125-158.

Eshiet AJ, Brisibe EA (2015) Morphological characterization and yield traits analysis in some selected varieties of okra (*Abelmoschus esculentus* L. Moench). **Advances in Crop Science and Technology** 3:197. <https://doi.org/10.4172/2329-8863.1000197>

FAOSTAT (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS STATISTICS), 2019. Disponível em (<http://faostat.fao.org>)

Fernandes MO, Bianchi PA, Silva LRA, Vianna LS, Santos EA, Moulin MM (2018) Morpho-agronomic characterization and analysis of genetic divergence among accessions of tomatoes (*Solanum lycopersicum*). **Ciência Rural** 48:e20180433. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20180433>

Franco J, Crossa J, Villasenõr J, Taba S, Eberhart SA (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science** 38:1688-1696. <https://doi.org/10.2135/cropsci1998.0011183X003800060045x>

Gardner CO, Eberhart AS (1966) Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics** 22:439-452. <https://doi.org/10.2307/2528181>.

Gonçalves LSA, Rodrigues R, Amaral Júnior AT, Karasawa M, Sudré CP (2009) Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research** 8:364-374.

Gonçalves ZS, Invenção DRS, Ledo CAS, Ferreira CF, Amorim EP (2018) Agronomic performance of plantain genotypes and genetic variability using Ward-MLM algorithm. **Genetics and Molecular Research** 17:gmr16039882. <https://doi.org/10.4238/gmr16039882>

Gower JC (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics** 27:857-874.

Griffing B (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biology Science** 9:463-493.

Hamon S, Koechlin J (1991) The reproductive biology of okra. 2. Self-fertilization kinetics in the cultivated okra (*Abelmoschus esculentus*), and consequences for breeding. **Euphytica** 53: 49-55.

Hayman BI (1954) The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics** 39:789-809.

IEA. **Banco de dados**. São Paulo: Instituto de Economia Agrícola do estado de São Paulo, 2019. Disponível em: <http://www.iea.sp.gov.br/>

Joshi AB, Hardas MW (1956) Allopolyploid nature of okra, *Abelmoschus esculentus* (L.) Moench. **Nature** 178:1190.

Maciel GM, Luz JMQ, Campos SFB, Finzi RR, Azevedo BNR (2017) Heterosis in okra hybrids obtained by hybridization of two methods: traditional and experimental. **Horticultura Brasileira** 35:119-123. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620170118>.

Maciel GM, Finzi RR, Marra AWC, Carvalho FJ, Nogueira APO (2018) Agronomic potential and selection of okra hybrids to obtain potential genitors. **Horticultura Brasileira** 36:112-117. <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-053620180119>.

Madeira NR, Reifschneider FJB, Giordano LB (2008) Contribuição portuguesa à produção e ao consumo de hortaliças no Brasil: uma revisão histórica. **Horticultura Brasileira** 26:428-432. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362008000400002>

MAPA – Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (2008) Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de quiabeiro (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench). Brasília: MAPA.

Martin FW (1983) Natural outcrossing of okra in Puerto Rico. **Journal of Agriculture of University of Puerto Rico** 67:50-52.

Mattedi AP (2014) **Caracterização e pré-melhoramento de acessos de quiabeiro do banco de germoplasma de hortaliças da UFV e seleção de híbridos**. 60f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa.

Mattedi AP, Laurindo BS, Silva DJH, Gomes CN, Bhering LL, Souza MA (2015) Selection of okra parents based on performance and genetic divergence. **African Journal of Biotechnology** 14:3044-3050.

Melo CAF, Souza MM, Sousa AGR, Viana AP, Santos EA (2015) Multivariate analysis of backcross progeny of *Passiflora* L. (Passifloraceae) for pre-breeding genotype selection. **Genetics and Molecular Research** 14:15376-15389. <http://dx.doi.org/10.4238/2015.November.30.15>.

Minami K, Modolo VA, Zanin ACW, Tessarioli Neto J (1998) Cultura do quiabeiro: técnicas simples para hortaliças resistentes ao calor. Piracicaba: Esalq, 36p.

Miranda Filho JB, Gorgulho EP (2001) Cruzamentos com testadores e dialelos. In: Nass LL, Valois ACC, Melo IS, Valadares MC (Eds.) **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 650- 671.

Mishra GP, Singh B, Seth T, Singh AK, Halder J, Krishnan N, Tiwari SK, Singh PM (2017) Biotechnological advancements and Begomovirus management in okra (*Abelmoschus esculentus* L.): status and perspectives. **Frontiers in Plant Science** 8: 360.

Mitidieri J, Vencovsky R (1974) Polinização cruzada do quiabeiro em condições de campo. **Brazilian Journal of Agriculture – Revista de Agricultura** 49:3-6.

Nascimento AL, Schmildt O, Ferreguetti GA, Krause W, Shmildt ER, Cavatte PC, Amaral JAT (2019) Genetic diversity of segregating *Carica papaya* genotypes using the Ward-MLM strategy. **Genetics and Molecular Research** 18:1-10. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18186>

Nwangburuka CC, Kehinde OB, Ojo DK, Denton OA, Popoola AR (2011) Morphological classification of genetic diversity in cultivated okra, *Abelmoschus esculentus* (L.) Moench using principal component analysis (PCA) and single linkage cluster analysis (SLCA). **African Journal of Biotechnology** 10:54.

Oyetunde OA, Ariyo OJ (2014) Genetics of seed yield and related traits in biparental crosses of okra, *Abelmoschus esculentus* (L.) Moench. **Nigerian Journal of Genetics**, 28:8-14.

Ramalho MAP, Abreu AFB, Santos JB (2001) Melhoramento de espécies autógamias. In: Nass LL, Valois ACC, Melo IS, Valadares-Ingles MC (Eds.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 201-230.

Ramya P, Bhat KV (2012) Analysis of phylogenetic relationships in *Abelmoschus* species (Malvaceae) using ribosomal and chloroplast intergenic spacers. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding** 72:445–453.

Reis RV, Amorim EP, Amorim VB, Ferreira CF, Pestana RK, Ledo CA, Gonçalves Z, Borém A (2015) Genetic dissimilarity and selection of putative mutants of Terra Maranhão plantain cultivar using the Ward-MLM strategy. **Genetics and Molecular Research** 14:15339-15348.
<http://dx.doi.org/10.4238/2015.November.30.11>.

Santos-Cividanes TM, Ferraz RB, Suguino E, Blat SF, Hora RC, Dall'orto LTC (2011) Atributos agronômicos de cultivares de quiabeiro em diferentes sistemas de fertilização. **Ciência & Tecnologia: FATEC-JB** 2:1-13.

Schafleitner R, Kumar S, Lin C, Hegde SG, Eberta A (2013) The okra (*Abelmoschus esculentus*) transcriptome as a source for gene sequence information and molecular markers for diversity analysis. **Gene** 517:27-36.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.gene.2012.12.098>.

Shalaby GI (1972) Natural cross-pollination in okra. **Journal of Agricultural Science** 3:381-386.

Shivaramgowda KD, Krishnan A, Jayaramu YK, Kumar V, Yashoda, Hee-Jong Koh (2016) Genotypic variation among okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench) germplasms in South India. **Plant Breeding and Biotechnology** 4:234-241.

Srivastava U (2009) Genetic resources. In: Dhankhar BS, Singh R (Eds.) **Okra Handbook: global production, processing, and crop improvement**. New York: HNB Publishing, p. 103-124.

Sudré CP, Gonçalves LSA, Rodrigues R, Amaral Júnior AT, Riva-Souza EM, Bento CS (2010) Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp. as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research** 9:283-294.

Susuki CK (1992) Heterose em híbridos F₁ e caracterização agronômica de quatro genótipos de quiabo (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench). 86f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Engenharia Agrônoma) – Unesp, Jaboticabal.

Tian ZH, Miao FT, Zhang X, Wang QH, Lei N, Guo LC (2015) Therapeutic effect of okra extract on gestational diabetes mellitus rats induced by streptozotocin. **Asian Pacific Journal of Tropical Medicine** 8:1038-1042. <http://dx.doi.org/10.1016/j.apjtm.2015.11.002>

Ugwu SN, Enweremadu CC (2019) Effects of pre-treatments and co-digestion on biogas production from Okra waste. **Journal of Renewable and Sustainable Energy**, 11:1-10. <https://doi.org/10.1063/1.5049530>

Vijayraghvan C, Warier VA (1946) Evolution of high yielding hybrid bhindi (*Hibiscus esculentus* L). **Proceeding of the Indian Science Congress** 33:163.

Ward JH (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association** 58:236-244.

Werner O, Magdy M, Ros RM (2016) Molecular systematics of *Abelmoschus* (Malvaceae) and genetic diversity within the cultivated species of this genus based on nuclear ITS and chloroplast rpl16 sequence data. **Genetic Resources and Crop Evolution** 63:429-445. <http://dx.doi.org/10.1007/s10722-015-0259-x>.

Yildiz M, Koçak M, Baloch FS (2015) Genetic bottlenecks in Turkish okra germplasm and utility of iPBS retrotransposon markers for genetic diversity assessment. **Genetics and Molecular Research** 14:10588-10602.

Yuan Q, Lin S, Fu Y, Nie XR, Liu W, Su Y, Han QH, Zhao L, Zhang Q, Lind DR, Qin W, Wu DT (2019) Effects of extraction methods on the physicochemical characteristics and biological activities of polysaccharides from okra (*Abelmoschus esculentus*). **International Journal of Biological Macromolecules** 127:178-186. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2019.01.042>

CAPÍTULO 2 – Morphoagronomic characterization and genetic diversity of a Brazilian okra panel

ABSTRACT – Okra has been neglected by breeders as few cultivars have been released over the last years, which contributes to yield stagnation. Developing modern cultivars is key to increase okra production. To provide information to efficiently improve okra cultivars, this study aimed to characterize and assess the genetic diversity of a Brazilian collection by using the Ward-MLM (Modified Location Model) multivariate procedure. Both quantitative and qualitative variables can be simultaneously considered in this strategy. Forty-six okra accessions from the active germplasm bank of Embrapa Hortaliças and the open-pollinated ‘Santa Cruz 47’ were characterized according to descriptors lists. Seven groups were identified comprising seven, six, fourteen, six, five, seven, and two genotypes, respectively. Group VII was the most distant in relation to the other groups, probably because of the greatest vegetative development and lowest fruit production. Variability was observed for most morphological traits. The grouping information will be useful for germplasm conservation management and for crossing strategies. Leaf length, leaf width, petiole length, stem diameter at plant base, and first flowering height contributed the most to genetic variation. The genetic variability verified in this study suggests a high potential for breeding new okra cultivars.

Keywords: *Abelmoschus esculentus* L. Moench.; exploratory multivariate analysis; genetic variability.

INTRODUCTION

Okra is a multipurpose vegetable, but mostly explored for its immature fruits in tropical and subtropical regions. Many industrial uses have been reported, such as for bioenergy, pharmaceutical and food applications (Anwar et al. 2010; Ghori et al. 2014; Gemedede et al. 2015; Moosavi et al. 2018). Recently,

okra have gained importance for its anti-diabetic properties (Nguekouo et al. 2018; Zhang et al. 2018).

There is no reliable record on okra production area and yield in Brazil, but the crop is broadly cultivated and consumed. The relative easiness to cultivate, the high adaptation to warm conditions, and the importance to regional cuisine stimulate okra cropping in Brazil, commonly by family farmers (Aguiar et al. 2013).

Genetic diversity is a “sine qua non” condition to efficient plant breeding, and a systematic characterization is the very first step to assess the amount of variation and to identify genotypes of interest for curators and breeders (Koundinya et al. 2013). The effective use of genetic resources depends on the information gathered on the genotypes, as well as on how easy breeders can access this information (Valcárcel et al. 2018). In this way, characterization of plant material enable the exploitation of genetic resources in breeding programs (Zanklan et al. 2018).

To date, there are few reports on okra germplasm diversity in Brazil (Mattedi et al. 2015; Maciel et al. 2017; Maciel et al. 2018). Nevertheless, breeding efforts on okra are somewhat incipient. Embrapa Hortaliças detains one of the biggest okra germplasm bank in Brazil, which may hold important and strategic genetic diversity, but is to be characterized. Some cultivars have been released recently, including hybrids, but one open-pollinated cultivar (i.e ‘Santa Cruz 47’) has been dominating the market over 45 years. Though the crop presents socioeconomic relevance, the profit seems insufficient to be appealing to seed enterprises. In this sense, the development of modern cultivars that perform better in the new crop systems and meet both farmers and consumers standards should be envisaged.

Germplasm characterization can be performed by several procedures, such as descriptive analysis of quantitative and qualitative traits, estimation of genetic parameters, and molecular analyses (Melo et al. 2015). Morphological characterization is frequently used as preliminary assessment of genetic variability, as the evaluations are fast, cheap and simple. Morphological traits should be considered before any deeper study, such as biochemical or molecular, is performed (Yonas et al. 2014). The adoption of morphological traits in diversity studies is highly encouraged as traditional approaches for cultivar identification

rely on phenotypic data, being also included in registration and protection of new cultivars procedure (Ertan 2007; Farahani et al. 2019).

Employing multivariate techniques to assess genetic diversity is very efficient, as it enables the simultaneous exploration of quantitative (continuous), qualitative (multicategorical), and molecular (binary) data. Nevertheless, scarce studies have actually engaged multivariate methods to study genetic diversity. The MLM (Modified Location Model) was developed to consider all types of variables simultaneously (Franco et al. 1998). This is a two-way process, which consists of hierarchical grouping by the Ward method (Ward, 1963) using Gower dissimilarity matrix (Gower 1971), followed by estimation of vector averages of the quantitative variables within each group using the MLM procedure. Moreover, this strategy defines the ideal number of groups and designates the descriptors that contributed the most to group differentiation. The Ward-MLM procedure has been used to investigate the genetic diversity of several crops, but not yet of okra.

This study was conducted to provide information to efficiently improve okra cultivars, by characterizing and assessing the genetic diversity of a Brazilian collection. To this end, we employed the multivariate Ward-MLM procedure using both quantitative and qualitative traits.

MATERIAL AND METHODS

Plant material

The divergence between 46 okra accessions (from CNPH-01 to CNPH-46) as to agronomic and morphological traits from the Active Germplasm Bank of Embrapa Hortaliças was evaluated. The origin of the accessions is unknown, but they have been multiplied since 1984 in Brasília-DF (15°55'58" South, 48°8'8" West, 1001 m). In addition, the open-pollinated 'Santa Cruz 47' was included as control. The study was conducted in open field, located 21°14'05" South and 48°17'09" West, at 614 meters of altitude, from November 2016 to March 2017.

Agronomic and morphological characterization

Thirty-six traits were evaluated as recommended by the Bioversity International (former IPGRI - International Plant Genetic Resources Institute) and MAPA (Brazilian Ministry of Agriculture, Livestock and Food Supply) (Table 1). Among these traits, 12 were suggested or modified by the authors. Some descriptors are illustrated in supplementary materials 1 to 6.

The experiment was conducted in a randomized block design, with three replicates. Each plot consisted of three rows with six plants. The rows were spaced of 1 m, and the plants of 0.25 m. The four central plants of the central row were considered as useful plot.

Seedlings of each genotype were formed in protected environment, and transplanted to the open field 30 days after seedling. The crop was managed according to the local recommendations (Passos et al. 2014). A sprinkler irrigation system was employed.

The morphological traits were assessed in all plants in the useful plot, as recommended by IPGRI and MAPA. The characteristics including maximum plant height, petiole length, leaf length, leaf width, peduncle length, first flowering node height, and height of first fruit insertion were evaluated using a graduated ruler. A digital caliper was employed to assess the stem diameter at plant base. The fruits were harvested every two days and weighted in electronic balance with 0.01 g precision, to measure the number of fruits, yield, and average mass of fruits. The color of five fruits of each plot was measured using a colorimeter Chroma Meter CR-40 KONICA MINOLTA (MINOLTA CORP, 1994); the chromaticity was calculated by the equation $(a^{*2}+b^{*2})^{1/2}$, and the Hue angle by $\tan^{-1} b^*/a^*$.

Table 1 – Descriptors used to characterize 47 okra accessions that were characterized using 30 qualitative and quantitative characters.

No.	Trait	Abbreviation	Descriptor	Type	Unit
1	Branching	Br	BI	Qualitative	Code
2	Stem pubescence	StPu	BI	Qualitative	Code
3	Stem color	StCo	BI	Qualitative	Code
4	Leaf shape	LfSh	BI	Qualitative	Code
5	Maximum plant height	PIHe	MAPA	Quantitative	m
6	Stem diameter at plant base	StDi	Authors	Quantitative	cm
7	Leaf lobe incision	LfLI	MAPA	Qualitative	Code
8	Leaf serration	LfSe	MAPA	Qualitative	Code
9	Petiole length	PeLe	Authors	Quantitative	cm
10	Leaf length	LfLe	Authors	Quantitative	cm
11	Leaf width	LfWi	Authors	Quantitative	cm
12	Maximum number of internodes	Nuln	BI	Qualitative	-
13	Number of branches	NBr	Authors	Qualitative	-
14	Number of productive branches	NPBr	Authors	Qualitative	-
15	Number of epicalyx segments	NEp	BI	Qualitative	Code
16	Shape of epicalyx segments	ShEp	BI	Qualitative	Code
17	Persistence of epicalyx segments	PeEp	BI	Qualitative	Code
18	Petal color	PeCo	BI	Qualitative	Code
19	Position of fruit on main stem	PoFr	BI	Qualitative	Code
20	Peduncle length	PdLe	BI	Qualitative	Code
21	Fruit shape	FrSh	BI	Qualitative	Code
22	Number of ridges per fruit	NRF	BI	Qualitative	Code
23	Fruit pubescence	FrPu	BI	Qualitative	Code
24	Fruit surface between the edges	FrEd	MAPA	Qualitative	Code
25	Fruit apex	FrAp	MAPA	Qualitative	Code
26	First flowering	FFI	BI	Quantitative	Days
27	First flowering node	FFN	BI	Quantitative	-
28	First flowering node height	FFNH	BI	Quantitative	m
29	Height of first fruit insertion	HFFI	Authors	Quantitative	cm
30	Number of fruits	NF	Authors	Quantitative	-
31	Yield	Yield	BI	Quantitative	t ha ⁻¹
32	Average fruit mass	AFM	Authors	Quantitative	g
33	Luminosity of the fruit	L	Authors	Quantitative	-
34	Hue of the fruit	Hue	Authors	Quantitative	Degrees
35	Chromaticity of the fruit	Chr	Authors	Quantitative	Chroma
36	Harvest duration	HrDu	BI	Quantitative	Days

BI (Bioversity International). MAPA (Brazilian Ministry of Agriculture, Livestock and Food Supply)

Data analysis

The genetic diversity was investigated by concomitantly using phenotypic data from qualitative and quantitative data. Six qualitative traits showed no variation and were not included in the analysis. Qualitative variables were transformed to a numerical code. The multivariate Ward-MLM procedure was employed using the SAS software (SAS Institute Inc. 2002, Carry, NC, USA). The dissimilarity was calculated according to Gower logarithmic function (Gower, 1971), as follows:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} x S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

in which: K = number of variables ($k = 1, 2, \dots, p$); i and j = genotypes; W_{ijk} is the weight for the comparison ijk ; being $W_{ijk} = 1$ for valid comparisons and $W_{ijk} = 0$ for invalid comparisons (in case the value of the variable is lacking in one or both genotypes); S_{ijk} = contribution of the variable k in the similarity between genotypes i and j , with values ranging from 0 to 1. For qualitative variables, if k value is the same for both genotypes (i and j) then $S_{ijk} = 1$, otherwise will be 0. For quantitative variable:

$$S_{ijk} = 1 - \frac{|x_{ik} - x_{jk}|}{R_k},$$

where x_{ik} e x_{jk} are k values for genotypes i and j , respectively, and R_k is the range of variable k . After dividing by R_k , the variables have the same scale and equal weights, and range from 0 to 1.

RESULTS AND DISCUSSION

The number of groups in MLM procedure is defined by the logarithmic function of Log-likelihood probability according to pseudo-F and pseudo-T² tests (Melo et al., 2015). The greatest likelihood increase occurred with ten groups (45.30), but another peak was verified for seven groups (35.22) (Figure 1; Table 2). As the likelihood decreased for eight and nine groups, before peaking again with ten groups, the ideal number of groups could be either seven or ten groups. Because the formation of seven groups is more logical from a biological

perspective, the seven groups level was selected. Ortiz et al. (2008) reported two group formation possibility (four and eight groups) by the Ward-MLM procedure, and selected eight groups for being more suitable for the set of genotypes evaluated. The seven groups contained seven, six, fourteen, six, five, seven, and two accessions and were named groups I, II, III, IV, V, VI, and VII (Tables 3 and 4).

Variation among genotypes for target traits suggest genetic variability that is potentially useful in selecting superior cultivars (Kyriakopoulou et al. 2014; Sood et al. 2017). Group I comprised seven genotypes with the lowest first flowering node and flowering node height, indicating precocity in these genotypes, and lower luminosity and chromaticity (Tables 3 and 4). Group II composed six genotypes mainly characterized by the lowest number of productive branches and the highest average fruit mass. The highest number of genotypes was allocated into group III (fourteen), which present the lowest means for several biometric traits (leaf length and width, peduncle length, plant height, stem diameter at plant base, first flowering node height and number of internodes), suggesting less vegetative development.

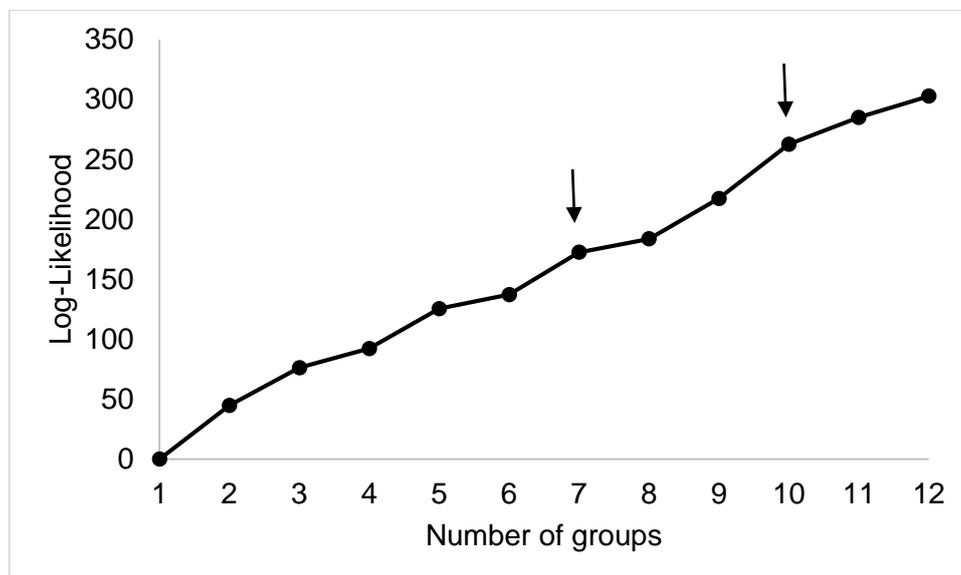


Figure 1 – Logarithmic function probability (Log-Likelihood) with the formation of seven groups in the Brazilian okra panel that were characterized using 30 qualitative and quantitative characters.

Table 2 – Number of groups formed based on the logarithmic function of probability (Log-Likelihood) and its increment in okra accessions that were characterized using 30 qualitative and quantitative characters.

Number of groups	Log-Likelihood	Increment
1	0.00	0.00
2	-1115.48	44.93
3	-1084.15	76.25
4	-1068.22	92.19
5	-1034.90	125.50
6	-1023.15	137.25
7	-987.93	172.47
8	-976.72	183.68
9	-943.04	217.37
10	-897.73	262.67*
11	-875.37	285.04
12	-857.66	302.74

*Greater increment in the formation of ten groups by the logarithmic function, but enough amount of increment was observed for seven groups, which successfully separate the genotypes. The increment decreased for 8 and 9 groups, indicating that it could be either 7 or 10 groups formation.

Group IV included one the most productive accessions (six) as revealed by yield and number of fruits, and with the highest number of internodes. The lowest values of first flowering node height, number of branches and first flowering height was observed in group IV. Group V is formed by five genotypes that needed the least days to flower, and presented the lowest Hue angle, but he highest plant height, fruit luminosity, and harvest duration. Group VI comprised seven genotypes, including okra ‘Santa Cruz 47’ that was employed as standard cultivar, and presented the highest first flowering height and Hue angle.

The least productive genotypes (two) were allotted into group VII, with lowest yield, number of fruits, average fruit mass and harvest duration, but with highest leaf length and width, peduncle length, stem diameter at plant base, first flowering node first flowering node height, number of branches and of productive branches, first flowering, and fruit chromaticity.

The greater distance was found between group VII and other groups by Ward-MLM procedure, probably because of the greatest vegetative development and lowest fruit production verified in this group (Table 5). The closest groups were I and III (9.26) and the most distant groups were I and VII, and III and VII (Table 5, Figure 2).

The genetic variability verified in this study suggests a high potential for breeding new okra cultivars. The descriptors adopted in this study provided

information to group the accessions according to the phenotypic similarity. The grouping information is useful to select genotypes for hybrids development, as divergent parents tend to result in better hybrids (Seth et al. 2016). Also, greater genetic variability can be obtained in segregating generations by crossing divergent genitors (Das et al. 2012).

Table 3 – Average of the nineteen quantitative variables for each of the seven groups formed by Ward-MLM procedure, and correlation between traits and the first two canonical variables (CAN) of 47 okra accessions from part of a Brazilian panel.

	Groups							CAN	
	I (7)	II (6)	III (14)	IV (6)	V (5)	VI (7)	VII (2)	CAN1	CAN2
LfLe	21.07	23.57	20.26	27.40	24.66	26.30	28.08	0.84	-0.31
LfWi	22.90	29.82	22.62	24.77	28.92	24.86	33.37	0.58	0.42
PeLe	32.47	33.65	28.95	38.85	35.93	33.11	42.59	0.58	-0.11
PIHe	2.26	2.31	1.96	2.34	2.62	2.17	2.35	0.35	0.01
StDi	2.74	2.84	2.42	2.75	2.97	2.79	2.99	0.50	0.06
FFN	7.06	7.73	7.43	7.22	7.51	7.70	8.79	0.26	0.17
FFNH	1.08	1.12	1.08	1.08	1.09	1.10	1.13	0.30	0.35
NuIn	6.20	6.56	5.83	6.84	6.60	6.04	6.34	0.34	-0.01
NBr	1.69	1.90	1.65	1.63	1.71	1.67	2.49	0.37	0.40
NPBr	1.27	1.19	1.23	1.22	1.28	1.38	1.44	0.19	-0.11
Yield	4.77	4.44	4.09	4.98	4.99	4.52	3.50	0.08	-0.32
NF	39.11	35.38	34.33	40.53	41.25	37.45	27.77	0.01	-0.38
AFM	14.22	14.36	13.18	14.31	13.94	13.53	12.05	0.00	-0.02
FFI	52.10	54.39	53.67	53.25	51.78	54.57	58.96	0.32	0.19
HFFI	3.84	4.07	3.79	3.76	3.94	4.24	4.22	0.42	0.11
L	45.80	49.34	50.82	49.79	52.38	50.43	49.60	0.12	-0.04
Hue	123.85	124.68	124.01	123.44	123.15	124.83	123.22	0.01	0.07
Chroma	20.47	23.62	22.74	21.46	23.24	22.47	24.12	0.19	0.29
HrDu	88.19	83.06	77.02	84.86	90.46	78.57	65.92	-0.08	-0.11

For coding, see Table 1.

Table 4 – Groups formed by the Ward-MLM procedure for the thirty variables evaluated on 47 okra genotypes from a Brazilian panel that were characterized using 30 qualitative and quantitative characters.

Group	Genotype
I	CNPH-02, CNPH-03, CNPH-13, CNPH-14, CNPH-16, CNPH-18, CNPH-43
II	CNPH-05, CNPH-07, CNPH-09, CNPH-11, CNPH-12, CNPH-34
III	CNPH-22, CNPH-23, CNPH-25, CNPH-26, CNPH-27, CNPH-29, CNPH-30, CNPH-31, CNPH-32, CNPH-33, CNPH-36, CNPH-40, CNPH-41, CNPH-45
IV	CNPH-19, CNPH-35, CNPH-37, CNPH-38, CNPH-39, CNPH-46
V	CNPH-04, CNPH-06, CNPH-17, CNPH-24, CNPH-28
VI	CNPH-08, CNPH-15, CNPH-20, CNPH-21, CNPH-42, CNPH-44, Santa Cruz 47
VII	CNPH-01, CNPH-10

Six qualitative traits had no variation among the accessions, including leaf serration (medium serration), shape of epicalyx segments (lanceolate), position of fruit on main stem (erect), peduncle length (measuring from 1 to 3 cm), number of ridges per fruit (5 to 7 ridges per fruit), and fruit pubescence (slightly rough fruits). Variation intra and inter-groups was verified for the other eleven qualitative traits. In some cases, even though three or four categories were possible, the accessions showed variability limited to two possibilities, such as in leaf lobe incision, persistence of epicalyx segment.

The coding for leaf shape provided by Bioversity International comprises 11 classes, but only types 6, 7, 9, and 10 were verified (Table 6). All leaf shapes observed are 5-lobuled, but diverge as to lobule deepening. Leaf lobe incision were either slight (28) or medium (18). Concerning the floral traits, the majority of the accessions present from eight to 10 epicalyx segments, non-persistent epicalyx segments, and cream or yellow-colored flowers, and (Table 6). Fruit edge surface were either concave (27) or flat (20) (Table 6). Most fruit apex were acute (30), but some were very acute (15) and only two were little acute (Table 6). Four types of fruit shape were observed (types 1, 3, 7, and 8). The majority of genotypes are type 3 (39), which are the commercial standard of okra fruits. Fewer accessions presented types 1, 7, and 8 (5, 2, and 1, respectively), which are shapes really close to commercial standard. The accessions tended to be medium or strong branched, with only three genotypes with orthotropic stem only (Table 6). The stem pubescence were either glabrous (31) or slight (16) and the stem color were massively green, with only three genotypes presenting green with red patches stems (Table 6).

Table 5 – Distance between the groups formed by the Ward-MLM procedure in okra genotypes that were characterized using 30 qualitative and quantitative characters.

	I	II	III	IV	V	VI	VII
I	0.00	45.09	9.26	37.51	32.07	50.59	154.74
II		0.00	45.68	45.76	23.77	40.13	84.18
III			0.00	42.22	42.64	49.94	148.95
IV				0.00	19.37	16.98	91.81
V					0.00	20.70	97.35
VI						0.00	72.59
VII							0.00

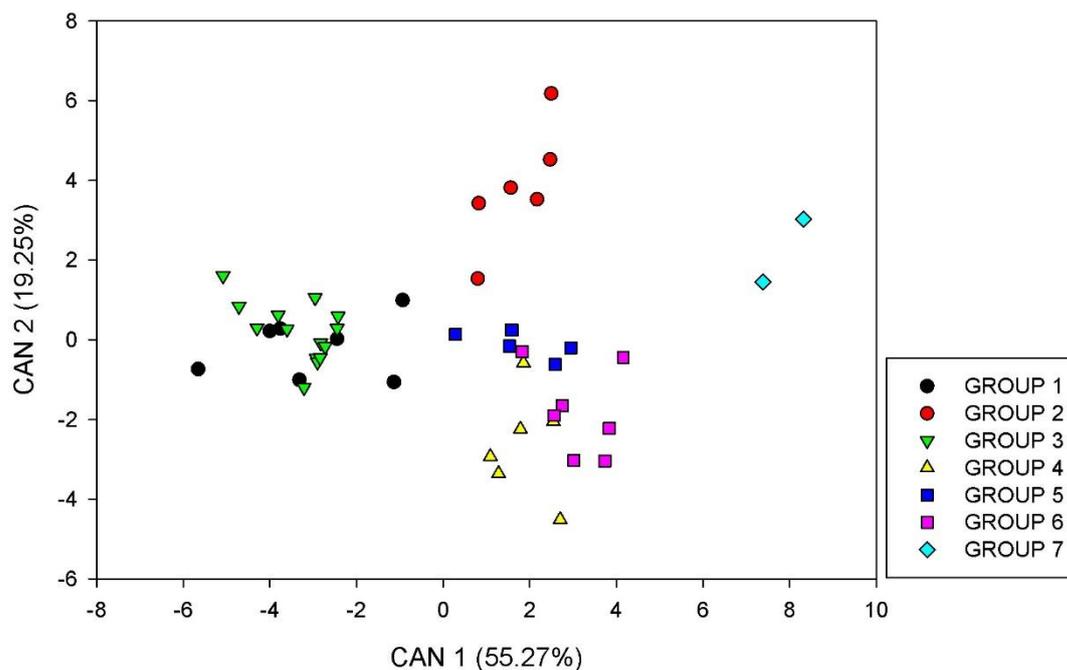


Figure 2 – First two canonical variables (CAN) for the seven groups formed by multivariate Ward-MLM procedure in a Brazilian okra panel.

The first two canonical variables obtained by the Ward-MLM procedure were sufficient to explain 74.52% of the total variation (Figure 2). The characters that contributed the most to genetic divergence were leaf length, leaf width, petiole length, stem diameter at plant base, and first flowering height (Table 2).

Genetic diversity is critical to succeed in obtaining superior genotypes, and this variability is usually found in germplasm banks (Seth et al. 2016; Valcárcel et al. 2018). We demonstrate in the present study that most of the traits, both morphological and agronomic, vary significantly among okra accessions. The okra Active Germplasm Bank of Embrapa Hortaliças is therefore an important collection for breeders aiming to develop better yielding and with high adaptation cultivars.

Other studies conducted germplasm characterization with both quantitative and qualitative variables (Nwangburuka et al. 2011; Das et al. 2012; Kyriakopoulou et al. 2014; Gangopadhyay et al. 2017), but none of them have used the Ward-MLM procedure to analyze simultaneously all types of variables. The Ward-MLM procedure was very useful as both quantitative and qualitative data were considered simultaneously. To date, this study is the first to employ this technique to study okra genetic diversity. Considering that several descriptors are important for okra genotypes differentiation, the Ward-MLM strategy can be used to consider all variables.

Table 6 – Absolute frequency of eleven qualitative variables for each of the seven groups formed by Ward-MLM procedure of 47 okra accessions that were characterized using 30 qualitative and quantitative characters.

	I (7)	II (6)	III (14)	IV (6)	V (5)	VI (7)	VII (2)	Total
LfSh								
Type 6	6	5	6	-	-	-	-	17
Type 7	-	-	4	1	3	2	1	11
Type 9	1	1	4	4	1	2	1	14
Type 10	-	-	-	1	1	3	-	5
LfLI								
Slight	7	6	12	1	2	1	-	29
Medium	-	-	2	5	3	6	2	18
Deep	-	-	-	-	-	-	-	0
NEp								
From 5 to 7	-	-	2	3	-	2	-	7
From 8 to 10	7	1	10	3	5	3	1	30
More than 10	-	5	2	-	-	2	1	10
PEp								
Non-persistent	7	4	14	5	2	5	-	37
Partially persistent	-	2	-	1	3	2	2	10
Persistent	-	-	-	-	-	-	-	-
PeCo								
Cream	1	6	5	2	-	6	-	20
Yellow	5	-	7	4	4	1	2	23
Golden	1	-	2	-	1	-	-	4
FrEd								
Concave	6	5	2	2	5	5	2	27
Flat	1	1	12	4	-	2	-	20
Convex	-	-	-	-	-	-	-	-
FrAp								
Very acute	1	-	2	4	2	5	1	15
Acute	5	6	12	2	3	1	1	30
Little acute	1	-	-	-	-	1	-	2
FrSh								
Type 1	1	1	2	1	-	-	-	5
Type 3	5	5	12	5	4	6	2	39
Type 7	-	-	-	-	1	1	-	2
Type 8	1	-	-	-	-	-	-	1
Br								
Orthotropic stem	-	-	2	-	-	1	-	3
only								
Medium	6	3	8	6	3	3	-	29
Strong	1	3	4	-	2	3	2	15
StPu								
Glabrous	6	4	7	5	2	5	2	31
Slight	1	2	7	1	3	2	-	16
Conspicuous	-	-	-	-	-	-	-	-
StCo								
Green	6	6	13	5	5	7	2	44
Green with red	1	-	1	1	-	-	-	3
patches								
Purple	-	-	-	-	-	-	-	-

For coding, see Table 1.

Okra flowers can be easily emasculated and pollinated, and a large number of seeds is produced in a single pollination, which enable commercial exploitation of heterosis (Das et al. 2013). Moreover, incomplete emasculation (hand emasculation followed by natural insect pollination) has been reported as a viable alternative for hybrid okra seed production, as it is cheaper and easier than traditional emasculation (hand emasculation and pollination), highlighting the feasibility of this technique. Some okra hybrids have been released in Brazil, but its popularity is not ideal, as farmers continue cropping only one open-pollinated cultivar (i.e. 'Santa Cruz 47').

In addition, the genetic diversity of a given crop is not only important for breeding purposes, but also to orientate strategies of germplasm conservation (Caballero et al. 2010). Maintaining Active Gene Banks demands a significant amount of financial resources to adequately store and preserve the seeds or plants, or to efficiently evaluate the entries. Focusing on a broad diversity of a given species is strategic to direct resources on samples that are not redundant (Ronoh et al. 2019). In this way, our findings could be useful to future breeders and germplasm bank curators.

CONCLUSIONS

There are genetic variability among the okra accessions evaluated. Seven groups were formed by the multivariate Ward-MLM procedure, which can guide both breeders and gene bank curators in selecting genotypes. The characters that contributed the most to genetic divergence were leaf length, leaf width, petiole length, stem diameter at plant base, and first flowering height.

FUNDING

This work was supported by CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, grant number 001); and CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, grant number 142571/2016-4).

ACKNOWLEDGMENTS

The authors would like to thank EMBRAPA Hortaliças (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) for providing the okra accessions by material transfer agreement, n° 07 de 2016/CNPH/Embrapa Hortaliças.

REFERENCES

Aguiar FM, Michereff SJ, Boiteux LS, Reis A (2013) Search for Fusarium wilt (*Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum*) in okra germplasm. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 13:33-40. <http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332013000100004>.

Anwar F, Rashid U, Ashraf M, Nadeem M (2010) Okra (*Hibiscus esculentus*) seed oil for biodiesel production. **Applied Energy** 87:779-785. <https://doi.org/10.1016/j.apenergy.2009.09.020>.

Caballero A, Rodriguez-Ramilo ST, Avila V, Fernandez J (2010) Management of genetic diversity of subdivided populations in conservation programmes. **Conservation Genetics** 11:409-419. <https://doi.org/10.1007/s10592-009-0020-0>.

Das S, Chattopadhyay A, Chattopadhyay SB, Dutta S, Hazra P (2012) Characterization of okra germplasm and their genetic divergence in the Gangetic Alluvium of Eastern India. **Vegetos** 25:86-94.

Das S, Chattopadhyay A, Dutta S, Chattopadhyay SB, Hazra P (2013) Breeding okra for higher productivity and Yellow Vein Mosaic Tolerance. **International Journal of Vegetable Science** 19:58-77.

Ertan E (2007) Variability in leaf and fruit morphology and in fruit composition of chestnuts (*Castanea sativa* Mill.) in the Nazilli region of Turkey. **Genetic Resources and Crop Evolution** 54:691-699. <https://doi.org/10.1007/s10722-006-0020-6>.

Farahani M, Salehi-Arjmand H, Khadivi A, Akramian M (2019) Phenotypic diversity among *Morus alba* var. *nigra* genotypes as revealed by multivariate analysis. **Scientia Horticulturae** 248:41-49. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.12.055>.

Franco J, Crossa J, Villasenõr J, Taba S, Eberhart SA (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science** 38:1688-1696. <https://doi.org/10.2135/cropsci1998.0011183X003800060045x>

Gangopadhyay KK, Singh A, Bag MK, Ranjan P, Prasad TV, Roy A, Dutta M (2017) Diversity analysis and evaluation of wild *Abelmoschus* species for agro-morphological traits and major biotic stresses under the north western condition of India. **Genetic Resources and Crop Evolution** 64:775-790. <https://doi-org.ez87./10.1007/s10722-016-0400-5>

Gemedede HF, Ratta N, Haki GD, Beyene F, Woldegiorgis AZ (2015). Nutritional quality and health benefits of okra (*Abelmoschus esculentus*): A review. **Journal of Food Processing & Technology** 6:1000458. <https://doi.org/10.4172/2157-7110.1000458>

Ghori MU, Alba K, Smith AM, Conway BR, Kontogiorgos V (2014) Okra extracts in pharmaceutical and food applications. **Food Hydrocolloids** 42:342-347. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2014.04.024>.

Gower JC (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics** 27:857-874.

Koundinya AVV, Dhankhar SK, Yadav AC (2013) Genetic variability and divergence in okra (*Abelmoschus esculentus*). **Indian Journal of Agricultural Sciences** 83:685-683.

Kyriakopoulou OG, Arens A, Pelgrom KTB, Karapanos I, Bebeli P, Passam HC (2014) Genetic and morphological diversity of okra (*Abelmoschus esculentus* [L.] Moench.) genotypes and their possible relationships, with particular reference to Greek landraces. **Scientia Horticulturae** 171:58-70. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.03.029>

Maciel GM, Luz JMQ, Campos SFB, Finzi RR, Azevedo BNR (2017) Heterosis in okra hybrids obtained by hybridization of two methods: traditional and experimental. **Horticultura Brasileira** 35:119-123. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620170118>.

Maciel GM, Finzi RR, Marra AWC, Carvalho FJ, Nogueira APO (2018) Agronomic potential and selection of okra hybrids to obtain potential genitors. **Horticultura Brasileira** 36:112-117. <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-053620180119>.

Mattedi AP, Laurindo BS, Silva DJH, Gomes CN, Bhering LL, Souza MA (2015) Selection of okra parents based on performance and genetic divergence. **African Journal of Biotechnology** 14:3044-3050. <http://dx.doi.org/10.5897/AJB2015.14952>.

Melo CAF, Souza MM, Sousa AGR, Viana AP, Santos EA (2015) Multivariate analysis of backcross progeny of *Passiflora* L. (Passifloraceae) for pre-breeding genotype selection. **Genetics and Molecular Research** 14:15376-15389.

Moosavi SA, Aghaalikhani M, Ghobadian B, Fayyazi E (2018) Okra: A potential future bioenergy crop in Iran. **Renewable & Sustainable Energy Reviews** 93:517-524. <https://doi.org/10.1016/j.rser.2018.04.057>.

Nguekouo PT, Kuate D, Kengne APN, Woumbo CY, Tekou FA, Oben JE (2018) Effect of boiling and roasting on the antidiabetic activity of *Abelmoschus esculentus* (Okra) fruits and seeds in type 2 diabetic rats. **Journal of Food Biochemistry** 42:e12669. <https://doi-org.ez87.periodicos.capes.gov.br/10.1111/jfbc.12669>.

Nwangburuka CC, Kehinde OB, Ojo DK, Denton OA, Popoola AR (2011) Morphological classification of genetic diversity in cultivated okra, *Abelmoschus esculentus* (L) Moench using principal component analysis (PCA) and single linkage cluster analysis. **African Journal of Biotechnology** 10:11165-11172.

Ortiz R, Crossa J, Franco J, Sevilla R, Burgueño J (2008) Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. **Genetic Resources and Crop Evolution** 55:151-162. <https://doi.org/10.1007/s10722-007-9224-7>.

Passos FA, Trani PE, Sanches J, Antoniali S, Teodoro MCCL, Santos VJ (2014) Quiabo. In: Aguiar ATE, Gonçalves C, Paterniani MEAGZ, Tucci MLS, Castro CEF (Eds.) **Boletim 200**: Instruções agrícolas para as principais culturas econômicas. Campinas: IAC. p. 356-361.

Ronoh R, Linde M, Winkelmann T, Abukutsa-Onyango M, Dinssa FF, Debener T (2019) Morphological and characterization, genetic diversity and population structure of African nightshades (section *Solanum* L.). **Genetic Resources and Crop Evolution** 66:105-120. <https://doi.org/10.1007/s10722-018-0700-z>.

SAS Institute, 2008. The SAS system for Windows. Release 9.2. SAS Inst., Cary, NC.

Seth T, Chattopaghyay A, Chatterjee S, Dutta S, Singh B (2016) Selecting parental lines among cultivated and wild species of okra for hybridization aiming at YVMV disease resistance. **Journal of Agricultural Science and Technology** 18:751-762.

Sood S, Kapoor D, Devi J, Gupta N (2017) Multivariate analysis in advance lines of okra (*Abelmoschus esculentus*). **Indian Journal of Agricultural Sciences** 87:363-368.

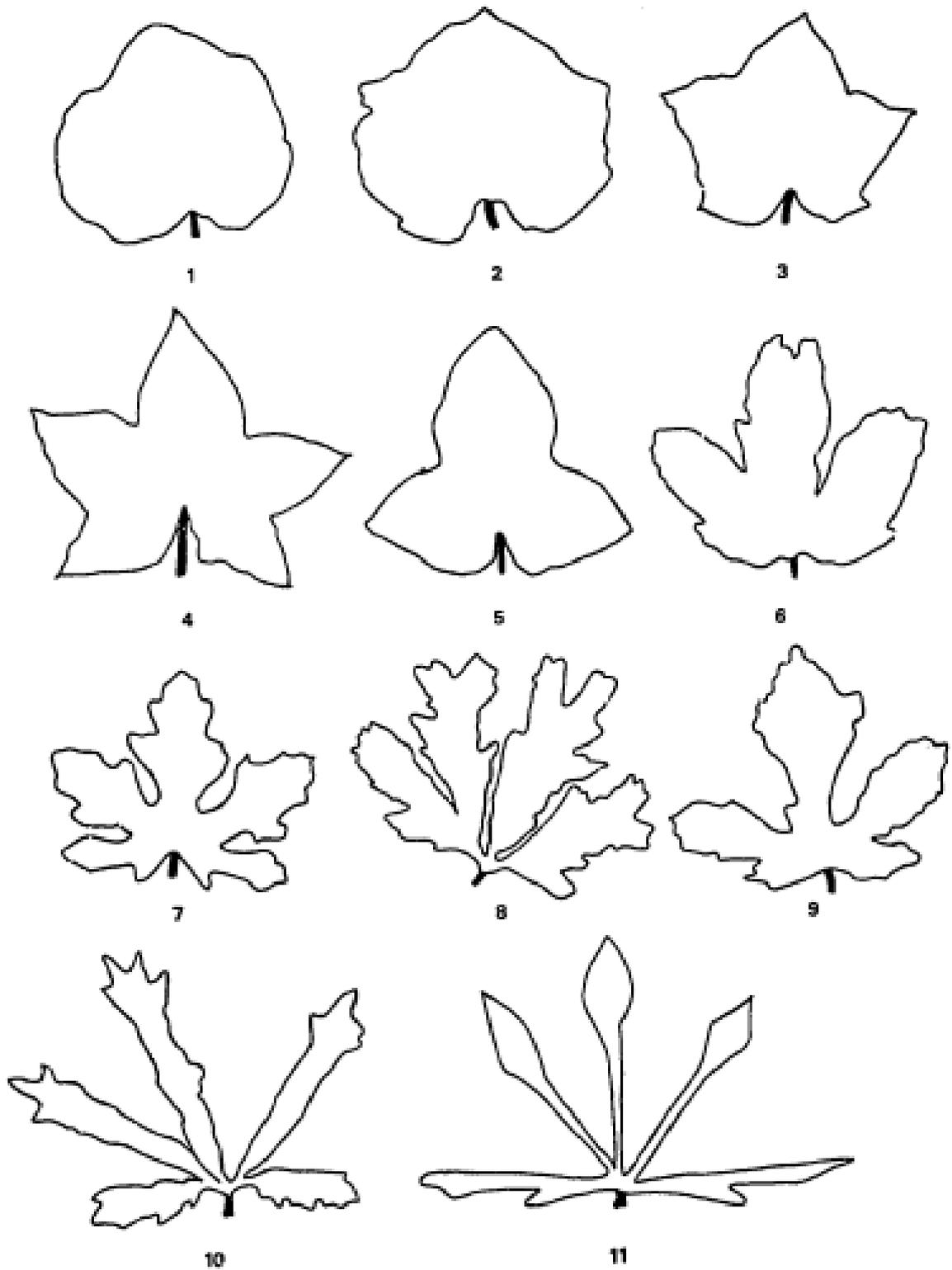
Valcárcel JV, Peiró RM, Pérez-De-Castro A, Díez MJ (2018) Morphological characterization of the cucumber (*Cucumis sativus* L.) collection of the COMAV's Genebank. **Genetic Resources and Crop Evolution** 65:1293-1306. <https://doi.org/10.1007/s10722-018-0614-9>.

Ward JH (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association** 58:236-244.

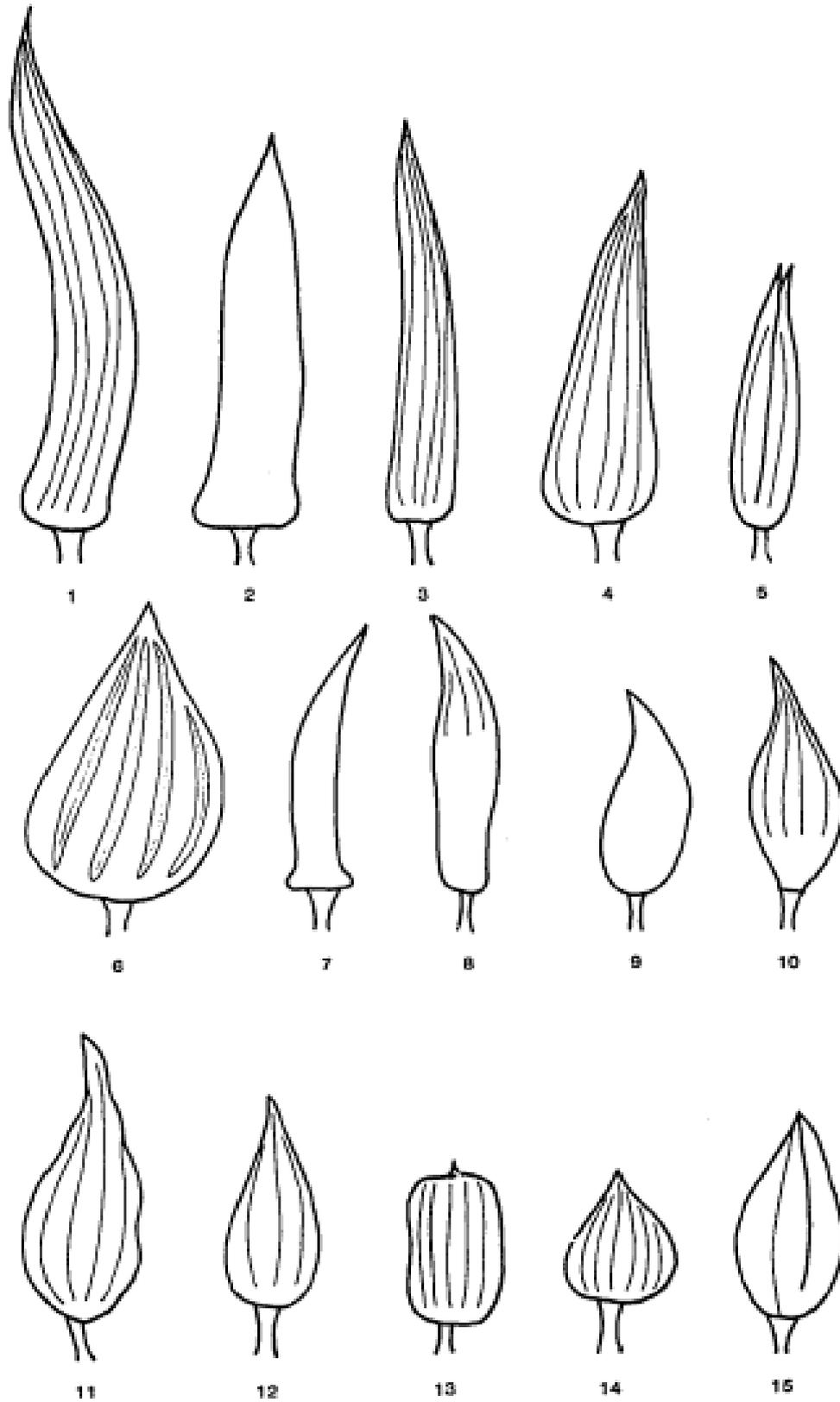
Yonas M, Garedew W, Debela A (2014) Multivariate analysis among okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench) collection in South Western Ethiopia. **Journal of Plant Sciences** 9:43-50. <https://doi.org/10.3923/jps.2014.43.50>.

Zanklan AS, Becker HC, Sorensen M, Pawelzik E, Grüneberg WJ (2018) Genetic diversity in cultivated yam bean (*Pachyrhizus* spp.) evaluated through multivariate analysis of morphological and agronomic traits. **Genetic Resources and Crop Evolution** 65:811-843. <https://doi.org/10.1007/s10722-017-0582-5>.

Zhang T, Xiang J, Zheng G, Yan R, Min X (2018) Preliminary characterization and anti-hyperglycemic activity of a pectic polysaccharide from okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench). **Journal of Functional Foods**. 41:19-24. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2017.12.028>.



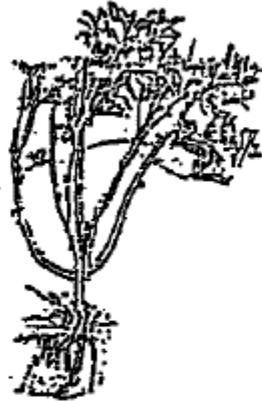
Supplementary material 1 – Okra leaf shape descriptor according to Bioversity International (former International Board for Plant Genetic Resources, IPGRI).



Supplementary material 2 – Okra fruit shape descriptor according to Bioversity International (former International Board for Plant Genetic Resources, IPGRI).



3 - fraco



5 - médio



7- forte

Supplementary material 3 – Okra branching descriptor according to Brazilian Ministry of Agriculture, Livestock, and Food Supply (MAPA). 3 = weak branching; 5 = medium branching; 7 = strong branching.



3 - pouco profunda



5 - média



7- profunda

Supplementary material 4 – Okra leaf lobe incision descriptor according to Brazilian Ministry of Agriculture, Livestock, and Food Supply (MAPA). 3 = slightly deep; 5 = medium; 7 = deep.



3 - côncava



5 - plana



7- convexa

Supplementary material 5 – Okra fruit surface between the edges descriptor according to Brazilian Ministry of Agriculture, Livestock, and Food Supply (MAPA). 3 = concave; 5 = flat; 7 = convex.



1 - muito agudo



2 - agudo



3 - pouco agudo

Supplementary material 6 – Okra fruit apex descriptor according to Brazilian Ministry of Agriculture, Livestock, and Food Supply (MAPA). 3 = very acute; 5 = acute; 7 = slightly acute.

CAPÍTULO 3 – Identificação de híbridos produtivos de quiabeiro por meio de análise dialélica parcial

RESUMO – A exploração da heterose pode ser alternativa eficiente para aumentar a produtividade de quiabeiro. E, na obtenção de híbridos, a estratégia de dialelos parciais otimiza os recursos humanos e financeiros por meio do norteamento dos cruzamentos com base em informações de diversidade genética entre os genótipos. O objetivo foi identificar potenciais combinações híbridas por meio de análise dialélica e comparação com cultivares comerciais. Os híbridos foram obtidos por meio de esquema dialélico parcial com base na divergência genética dos genótipos. Foram avaliados 14 híbridos e seus recíprocos nas condições de inverno e verão de Jaboticabal – SP quanto à produtividade, número de frutos e precocidade. Nenhuma linhagem apresentou capacidade geral de combinação significativa. O efeito recíproco não foi significativo para as características avaliadas. Oito combinações híbridas apresentaram capacidade específica de combinação significativa para a característica número de frutos, sendo que metade com estimativas positivas, sendo estes considerados híbridos promissores, que foram comparados por meio de contraste ortogonal com cultivares comerciais. No inverno, os híbridos experimentais 1x8 e 3x8 apresentaram desempenho produtivo superior aos híbridos comerciais. No verão, não foram observadas diferenças significativas entre os híbridos experimentais e os híbridos comerciais. A cultivar de polinização aberta ‘Santa Cruz 47’ foi mais influenciada quanto à precocidade do que os híbridos experimentais e comerciais.

Palavras-chave: *Abelmoschus esculentus* L. Moench; produtividade; interação genótipo x ambiente; dialelo parcial.

INTRODUÇÃO

O quiabeiro é amplamente cultivado e apreciado no Brasil, sendo seus frutos consumidos imaturos em diferentes tipos de preparos. Apresenta importantes características nutracêuticas (Durazzo et al., 2019), que o eleva a condição de alimento funcional, razão pela qual seu consumo tende a aumentar.

A cultura é considerada secundária em vários países, não havendo grandes investimentos por parte da iniciativa privada. Ademais, a maior parte da produção de quiabo se dá em países asiáticos e africanos que se encontram em situação de vulnerabilidade socioeconômica. Isto implica em dois aspectos importantes: o quiabo faz-se importante para a segurança alimentar dos países produtores, e poucos investimentos são feitos para desenvolvimento de cultivares modernas e/ou de técnicas de manejo cultural mais eficientes.

No Brasil, não se tem dados socioeconômicos confiáveis acerca do agronegócio de quiabeiro, todavia, no estado de São Paulo (IEA, 2019), a produtividade de quiabeiro não tem aumentado como verificado em outras culturas olerícolas. Pode ser atribuído a este fato, principalmente, o uso de cultivares de polinização aberta e a grande ocorrência de nematoides de galha. Há mais de 45 anos, a mesma cultivar tem sido plantada no Brasil, i.e 'Santa Cruz 47', por ser rústica, produtiva e com grande aceitação dos consumidores. Detecta-se, então, que há espaço para introdução de cultivares mais produtivas.

O quiabeiro é muito sensível às temperaturas baixas (Bhat e Rao, 2009). De fato, em regiões de inverno característico, com redução da temperatura, como no estado de São Paulo, os preços de quiabo aumentam consideravelmente pela baixa oferta do produto no mercado. No verão, embora possa ocorrer mais doenças pela alta umidade e precipitação, a produtividade é alta pela adaptação da espécie às condições tropicais. Portanto, é estratégico produzir quiabo no inverno, logo desenvolver cultivares mais tolerantes ao frio torna-se necessário.

Há possibilidade de aumento da produtividade por meio da exploração da heterose. Sementes híbridas, em geral, são mais caras que sementes obtidas por polinização aberta, mas há vantagens que podem justificar o investimento, como maior produção, uniformidade e resistência às doenças (Maciel et al., 2018). Para o mercado brasileiro, seria estratégico desenvolver híbridos produtivos a partir da 'Santa Cruz 47', devido à grande aceitação desta cultivar. Por esta razão, usar tal cultivar, ou linhagens semelhantes, nos cruzamentos a serem avaliados pode imprimir características de interesse, e, assim, influenciar positivamente o sucesso de um possível novo genótipo.

A estratégia de dialelos parciais otimiza os recursos humanos e financeiros de programas de melhoramento genético, pois os cruzamentos são feitos entre genótipos geneticamente distintos, aumentando a probabilidade de se identificar combinações com bom potencial. Na análise dialélica, obtém-se as estimativas das capacidades geral e específica de combinação, informações consideravelmente úteis na seleção de linhagens e combinações híbridas. Sabe-se que, para algumas características, há efeito materno, assim, estudar o efeito recíproco é primordial.

Visando à identificação de híbridos promissores, este trabalho objetivou estimar as capacidades geral e específica de combinação, e análises comparativas com cultivares comerciais por meio de contrastes de interesse.

MATERIAL E MÉTODOS

Genitores e cruzamentos dialélicos parciais

Nove genótipos foram separados em dois grupos com base na divergência genética. Os sete genótipos do primeiro grupo foram cruzados com os dois genótipos do segundo grupo e vice-versa, resultando em 14 híbridos e em 14 recíprocos (Tabela 1).

Tabela 1 – Genitores, F₁s e seus recíprocos de genótipos de quiabeiro avaliados em duas épocas (verão e inverno) em Jaboticabal - SP.

Genitores	Cruzamentos	
	F ₁ s	Recíprocos
Grupo I	1 X 8	8 X 1
1. CNPH-19 (IV)	1 X 9	8 X 2
2. CNPH-24 (V)	2 X 8	8 X 3
3. CNPH-11 (II)	2 X 9	8 X 4
4. CNPH-09 (II)	3 X 8	8 X 5
5. CNPH-05 (II)	3 X 9	8 X 6
6. CNPH-02 (I)	4 X 8	8 X 7
7. CNPH-35 (IV)	4 X 9	9 X 1
	5 X 8	9 X 2
	5 X 9	9 X 3
Grupo II	6 X 8	9 X 4
8. Santa Cruz 47 (VI)	6 X 9	9 X 5
9. CNPH-42 (VI)	7 X 8	9 X 6
	7 X 9	9 X 7

As sementes híbridas foram obtidas seguindo os seguintes passos: emasculação da linhagem feminina um dia antes da polinização; proteção com saco de papel; polinização manual, na manhã seguinte, com pólen da linhagem masculina; flores polinizadas identificadas e novamente protegidas por, pelo menos três dias; frutos maduros foram colhidos; e sementes removidas manualmente. Após atingirem umidade de 7%, as sementes foram então acondicionadas em sacos de papel e armazenadas em câmara fria com temperatura de 10°C.

Delineamento experimental e condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos no inverno (de abril a julho de 2018) e no verão (de outubro de 2018 a fevereiro de 2019) na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (21°15'22” S, 48°18'58” W, 595 metros). Padronizou-se o período de colheita dos dois experimentos em dois meses.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento em blocos casualizados com três repetições. Os tratamentos avaliados foram os híbridos e os recíprocos (Tabela 1). Adicionalmente, avaliaram-se quatro cultivares comerciais como testemunhas (Tabela 2).

As mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 128 células preenchidas com substrato comercial para produção de mudas de hortaliças-fruto. As bandejas foram acondicionadas em casa de vegetação equipada com sistema de irrigação por aspersão.

As mudas foram transplantadas para o campo aberto quando possuíam duas folhas não cotiledonares totalmente desenvolvidas. Adotou-se espaçamento de um metro entrelinhas de plantio e 0,25 m entre plantas. As parcelas foram constituídas de quatro linhas de plantio com seis plantas. Considerou-se como parcela útil as quatro plantas centrais das duas linhas centrais.

As médias diárias de temperatura máxima, média e mínima das duas épocas de cultivo podem ser encontradas na Figura 1. A análise de solo com suas características dos locais dos experimentos são fornecidas na Tabela 3.

Tabela 2 – Nome comercial, forma de obtenção da sementes, empresa detentora e características gerais das cultivares utilizadas como testemunha nos dois experimentos de híbridos experimentais de quiabeiro.

Cultivar	Semente	Empresa detentora	Características gerais¹
Santa Cruz 47	Polinização aberta	Feltrin sementes	Cultivar de ampla aceitação comercial e alta produtividade. Resistente à podridão bacteriana. Frutos de coloração verde médio, com tamanho médio de 15 x 2cm.
Speedy	Híbrida	Horticeres Sementes	Planta vigorosa e uniforme, de porte baixo, com internódios curtos, folha verde escuro digitada, sem presença de espinhos. Ciclo precoce. Frutos uniformes, de coloração verde médio brilhante, crocantes, seção transversal levemente quinada e ausência de fibras. Comprimento médio de 10-12 cm. Adequado para comercialização em bandejas. Adaptado a temperaturas quentes. Espaçamento recomendado 0,80 a 1,00 m entre fileiras e 0,20 a 0,30 entre plantas.
V-8	Híbrida	Agristar (SuperSeed)	Cultivar precoce, com boa sanidade de planta e amplitude de colheita. Planta vigorosa e com elevada brotação lateral. Frutos uniformes, com coloração verde-clara, tamanho médio de 17 x 1,8 cm e peso médio de 8 g. Ciclo precoce.
Esmeralda	Híbrida	Agristar (TopSeed)	Cultivar produtiva, com maior janela de colheita e precocidade. Planta vigorosa e de crescimento indeterminado. Frutos uniformes, com coloração verde-clara, tamanho médio de 16 x 1,8 cm e peso médio de 8 g. Elevada brotação lateral.

¹Informações das características retiradas do site de cada empresa detentora: Santa Cruz 47 (<https://www.sementesfeltrin.com.br/Produto/quiabo-santa-cruz-47/>); Speedy (<https://www.horticeres.com.br/produtos/outras/quiabo/quiabo-speedy/>); V-8 (<https://agristar.com.br/superseed/quiabo-hibrido/v8-f1/3343/>); Esmeralda (<https://agristar.com.br/topseed-premium/quiabo-hibrido/esmeralda-f1/2761/>).

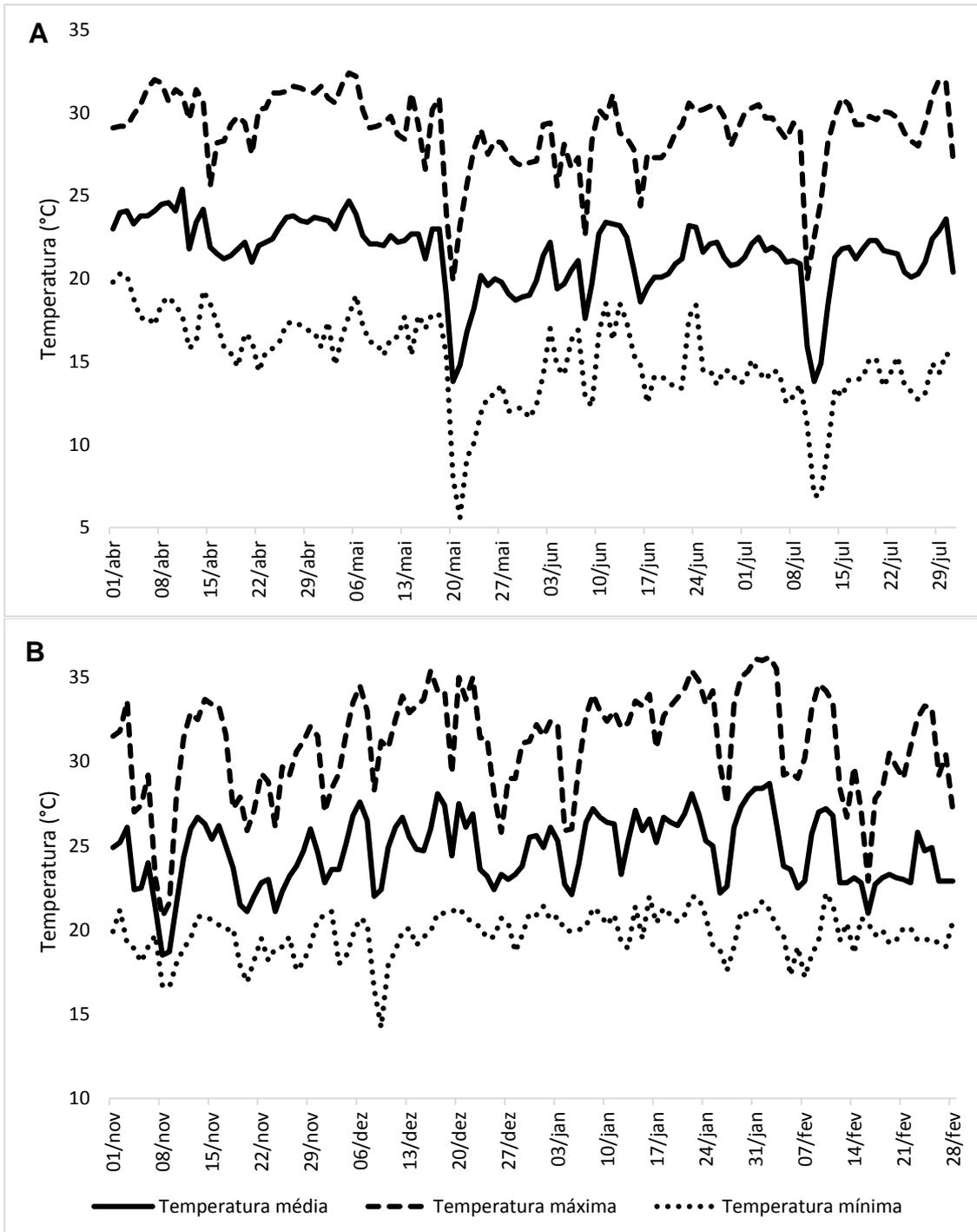


Figura 1 – Médias diárias de temperatura média, máxima e mínima no (A) Inverno e (B) Verão. No inverno, a temperatura máxima variou de 19,9 a 32,4°C, com média ao longo do período de 29,00 °C; a temperatura mínima variou de 5,6 a 20,3°C, com média ao longo do período de 15,04°C; a temperatura média do período foi de 21,48°C (variando de 13,8 a 25,4°C). No verão, a temperatura máxima variou de 20,8 a 36,2°C, com média ao longo do período de 31,04°C; a temperatura mínima variou de 14,2 a 22,2°C, com média ao longo do período de 19,75°C; a temperatura média do período foi de 24,61°C (variando de 18,5 a 28,7°C).

Tabela 3 – Atributos físicos e químicos dos solos das áreas experimentais, amostrados na camada 0-20 cm.

	Inverno	Verão
Argila (%)	58	52
Silte (%)	22	26
Areia total (%)	20	22
Matéria orgânica (g dm ⁻³)	13	20
pH (CaCl ₂)	5,9	4,7
P disponível (mg dm ⁻³)	24	17
S disponível (mg dm ⁻³)	13	12
K disponível (mmol _c dm ⁻³)	2,5	4,1
Al trocável (mmol _c dm ⁻³)	0	1
Ca trocável (mmol _c dm ⁻³)	26	22
Mg trocável (mmol _c dm ⁻³)	11	7
H + Al (SMP)	23	26
CTC	61,7	59,6
V (%)	63	56
m (%)	1	3
B disponível (mg dm ⁻³)	0,25	0,77
Fe disponível (mg dm ⁻³)	16	60
Mn trocável (mg dm ⁻³)	10	4,1
Zn extraível (mg dm ⁻³)	1,0	3,5
Cu extraível (mg dm ⁻³)	4,1	6,2

As plantas foram conduzidas conforme recomendações para a cultura do quiabeiro (Passos et al., 2014). Anotou-se o dia de florescimento de cada planta para estimar a precocidade dos materiais. Os frutos foram colhidos no máximo comprimento antes de se tornarem fibrosos, em dias alternados, com posterior contagem e pesagem em balança analítica.

Análise dos dados

A análise dialélica foi realizada conforme o método III proposto por Griffing (1956) adaptado para dialelos parciais (Cruz et al., 2012; De Abreu et al., 2018). O efeito do tratamento (14 híbridos e 14 recíprocos), considerado como fixo, foi particionado em capacidades de combinação geral (CGC) e específica (CEC). O efeito do ambiente foi considerado como aleatório. Estimaram-se ainda os efeitos recíprocos. Os valores de CGC, CEC, efeito recíproco e os componentes de variância associados a estes efeitos foram preditos por meio de REML/BLUP (residual maximum likelihood – best linear unbiased predictor) utilizando a rotina Proc IML do SAS versão 9.2 (SAS Institute, 2008). Testaram-se se as estimativas de CGC, CEC e efeito recíprocos eram estatisticamente iguais a zero conforme teste *t* descrito em Efron et al. (2001) e Efron & Tibshirani (2007). Ainda, contrastes de interesse entre os híbridos experimentais e a cultivar 'Santa Cruz 47 e os híbridos comerciais foram estimados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise dialélica

Os componentes de variância da capacidade geral de combinação (\hat{g}) variaram de 0,002 para precocidade a 0,1 para número de frutos, e os de capacidade específica de combinação (\hat{s}) de 0,009 para produção de frutos a 50,4 para número de frutos (Tabela 4). Estimativas de CGC próximo a zero indicam que a frequência alélica da linhagem parental não se diferencia da média do grupo, assim, estas linhagens não contribuem para a média do híbrido além do que se é esperado em média (De Abreu et al., 2018). Ainda, a magnitude da CGC é útil por fornecer informações acerca da concentração de genes de efeito aditivo (Cruz et al., 2012), de maneira que quanto mais alta for a CGC, mais a linhagem contribui para o incremento da característica.

A variância da interação entre CGC e os ambientes foi alta para a característica número de frutos, destacando-se os genótipos do grupo 2. Em geral, a variância da interação entre os genótipos do grupo 2 foi maior que o do grupo 1, para todas as

características, indicando maior variabilidade genética neste conjunto de linhagens. Ainda, a variância entre os genótipos do segundo grupo foi maior que a o primeiro grupo para produção de frutos frescos e precocidade, indicando que os genótipos do grupo 2 possuem mais alelos favoráveis a essas características avaliadas (Tabela 4).

Valores altos de $\hat{\sigma}_s^2$, como verificado para número de frutos, indicam que as linhagens dos dois grupos possuem alelos favoráveis contrastantes em locus com efeitos não aditivos (Tabela 4) (De Abreu et al., 2018).

Tabela 4 - Estimativas dos componentes de variância da capacidade geral de combinação ($\hat{\sigma}_g^2$) capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_s^2$) e de suas interações com os ambientes, para as características produtividade de frutos frescos (PROD), número de frutos (NF) e precocidade (PRECO) em híbridos de quiabeiro.

	PROD	NF	PRECO
$\hat{\sigma}_{g1}^2$	0,005	0,100	0,002
$\hat{\sigma}_{g2}^2$	0,008	0,100	0,010
$\hat{\sigma}_s^2$	0,009	50,400	0,020
$\hat{\sigma}_{g1 \times a}^2$	2,100	154,400	0,500
$\hat{\sigma}_{g2 \times a}^2$	9,900	1930,500	14,500
$\hat{\sigma}_{s \times a}^2$	0,010	0,300	0,400
$\hat{\sigma}_e^2$	11,300	1017,200	38,100

Nenhuma estimativa de CGC foi significativa (Tabela 5). A L4 apresentou estimativas negativas para todas as características, nos dois ambientes, indicando que esta linhagem, em cruzamento com as demais do outro grupo, tende a diminuir a média de produção de frutos, número de frutos e precocidade. Os maiores valores de CGC para produção de frutos frescos e número de frutos, nas duas épocas de cultivo, foram verificados para L1, sugerindo que esta linhagem, embora não tenha apresentado estimativa significativa, tende a aumentar a média das características de produção.

As estimativas de CGC de cada linhagem auxiliam os melhoristas na seleção de genitores para cruzamentos híbridos, por possibilitar inferir acerca da frequência

de alelos favoráveis de determinada característica de interesse, por meio da estimativa do comportamento médio das linhagens como genitora nos cruzamentos que está envolvida (De Abreu et al., 2018).

Tabela 5 - Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (\hat{g}) para as Características produtividade de frutos frescos (PROD), número de frutos (NF) e precocidade (PRECO) em híbridos de quiabeiro.

	Genitor	PROD	NF	PRECO
Inverno	1	0,0036	0,0045	0,0006
	2	0,0022	0,0020	-0,0001
	3	0,0001	-0,0003	-0,0012
	4	-0,0018	-0,0015	-0,0006
	5	-0,0026	-0,0039	0,0008
	6	-0,0002	0,0017	0,0004
	7	-0,0006	-0,0021	0,0002
	8	-0,0031	-0,0043	-0,0008
	9	0,0023	0,0039	0,0006
Verão	1	0,0031	0,0026	-0,0016
	2	0,0011	0,0008	0,0018
	3	-0,0019	-0,0017	-0,0008
	4	-0,0002	-0,0007	-0,0008
	5	-0,0020	-0,0023	-0,0026
	6	-0,0011	-0,0009	0,0035
	7	-0,0005	0,0011	0,0000
	8	0,0004	0,0002	0,0003
	9	0,0010	0,0009	0,0003

Não houve efeitos significativos pelo teste t.

Caso o programa se direcione para obtenção de populações segregantes em que potencialmente extrair-se-ão linhagens superiores, faz-se interessante que os genitores escolhidos tenham alta CGC e sejam geneticamente divergentes. No caso deste estudo, pouco sucesso é esperado se esta via for considerada, pois nenhuma linhagem se destacou significativamente quanto às estimativas de CGC.

O desempenho das combinações híbridas é estudado por meio da CEC. A CEC pode indicar se a característica é controlada por genes de ação não aditiva (De Abreu et al., 2018). Observaram-se diferenças significativas apenas para número de frutos, totalizando oito combinações híbridas significativas (Tabela 6). Apenas metade dos oito cruzamentos significativos apresentaram estimativas positivas (1x8, 3x8, 2x9 e 7x9). Os demais arranjos híbridos significativos (4x8, 7x8, 3x9 e 5x9) tendem a diminuir a média de número de frutos.

Tabela 6 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{s}) para as características produtividade de frutos frescos (PROD), número de frutos (NF) e precocidade (PROD) em híbridos de quiabeiro.

Genitor	PROD	NF	PRECO
1x8	0,008	4,50**	-0,004
2x8	-0,003	-1,70	0,008
3x8	0,005	3,13*	-0,006
4x8	-0,007	-3,16*	0,000
5x8	0,004	0,23	-0,009
6x8	-0,001	-0,60	-0,002
7x8	-0,010	-6,21**	0,010
1x9	0,003	0,47	0,005
2x9	0,009	3,80*	-0,005
3x9	-0,006	-3,99**	-0,003
4x9	0,003	1,57	-0,005
5x9	-0,011	-4,60**	0,010
6x9	0,000	1,80	0,011
7x9	0,008	4,77**	-0,008

* e ** = significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Assim, a melhor combinação híbrida apresenta a maior CEC, com pelo menos um dos genitores com alta CGC (Griffing, 1956). Todavia, nem sempre duas linhagens com alta capacidade geral de combinação vão originar os melhores híbridos (Cruz e Vencovsky, 1989). Ainda, é possível que genitores com baixa CGC resultem em híbridos com alta CEC, o que pode ser atribuído ao distanciamento genético entre as linhagens (Mattedi, 2014). Este fenômeno pode ser explicado pelos efeitos gênicos associados, pois componentes de dominância, sobredominância ou epistasia são agregados às contribuições aditivas favoráveis de cada genitor (Mayo, 1980).

Quando as linhagens envolvidas no cruzamento não são contrastantes quanto aos alelos que controlam a característica em locus com efeito de dominância, obtêm-se baixos valores de CEC (Cruz et al., 2012), o que não é desejável em um programa de melhoramento genético.

Embora resultados significativos não tenham sido verificados para produção de frutos frescos, é possível inferir que cruzamentos que possibilitam maior número de frutos, também proporcionariam maior produtividade. Número de frutos é um dos principais componentes de produção e pode ser ainda mais importante quando os frutos são destinados para comercialização a granel.

Com as informações da CEC é possível selecionar as combinações híbridas mais promissoras para as características de interesse, todavia faz-se necessário investigar se uma determinada linhagem deve ser usada como mãe ou pai, justificando o estudo do efeito recíproco (Cruz et al., 2012). Não houve efeito recíproco significativo, sugerindo que não é imperativo qual linhagem deve ser feminina ou masculina na obtenção dos híbridos (Tabela 7).

Quando a herança de uma determinada característica é controlada por genes citoplasmáticos, o fenótipo dos descendentes é igual ao do genitor materno (Hallauer et al., 2010). Por outro lado, quando são os genes nucleares que controlam a característica, não se verifica diferenças significativas entre o híbrido e seu recíproco, como verificado neste estudo (Tabela 8).

Análise agronômica

Houve interação entre genótipos e épocas de cultivo para as características produtividade e número de frutos (Tabela 9). Diferenças significativas entre as épocas de cultivo foram verificadas para todas as características. Como esperado, maior produtividade e número de frutos foram observados no cultivo de verão, provavelmente pelo fato das condições climáticas serem mais favoráveis para a cultura, que é adaptada às condições tropicais e subtropicais (Figura 1).

Tabela 7 - Estimativas dos componentes de variância de CGC (\hat{g}), CEC (\hat{s}), recíprocos (\hat{r}) e das interações com os ambientes, para as características produtividade de frutos frescos (PROD), número de frutos (NF) e precocidade (PRECO) em híbridos de quiabeiro.

	PROD	NF	PRECO
$\hat{\sigma}_{g1}^2$	0,004	0,060	0,001
$\hat{\sigma}_{g2}^2$	0,010	0,140	0,005
$\hat{\sigma}_s^2$	0,010	50,280	0,010
$\hat{\sigma}_r^2$	0,010	0,090	0,010
$\hat{\sigma}_{g1 \times a}^2$	2,060	154,420	0,520
$\hat{\sigma}_{g2 \times a}^2$	9,880	1930,480	14,470
$\hat{\sigma}_{s \times a}^2$	0,010	0,250	0,340
$\hat{\sigma}_{r \times a}^2$	0,010	0,200	0,030
$\hat{\sigma}_e^2$	11,300	1017,100	38,100

Não houve efeitos significativos pelo teste t.

Estimaram-se os contrastes de interesse entre os híbridos que apresentaram CEC significativa e positiva para número de frutos contra a cultivar Santa Cruz 47 (padrão comercial de polinização aberta) e contra híbridos comerciais (V-8, Esmeralda e Speedy), para as duas épocas avaliadas (Tabela 10).

Os híbridos 1x8 e 3x8 apresentaram desempenho superior aos híbridos comerciais nas condições de inverno, com produtividade de 6,61 e 4,57 t ha⁻¹, em dois meses de colheita, respectivamente (Tabela 10). O híbrido 1x8 também apresentou superioridade para a característica número de frutos, comparado aos híbridos comerciais.

A produtividade observada no inverno é, como esperado, sensivelmente menor que no verão, época ideal de cultivo. A cultura do quiabeiro é conhecidamente sensível às baixas temperaturas (Marsh, 1992). Todavia, estes híbridos parecem ter potencial para cultivo na entressafra e devem ser avaliados em sistemas de produção a serem melhor definidos, ou seja, em época de semeadura, espaçamento e tratos culturais adequados para condições de temperatura mais amena. A cultura do quiabeiro é sensível a estresse por deficiência hídrica, principalmente nas fases vegetativa,

florescimento e desenvolvimento inicial de frutos, podendo afetar a área fotossinteticamente ativa, a biomassa e a produtividade (Chaturvedi et al., 2019). Assim, quando avaliados no inverno, período em que o regime de chuvas é consideravelmente menor, o uso ou não de irrigação e o manejo hídrico devem ser considerados.

Tabela 8 - Estimativas dos efeitos recíprocos obtidos pelo modelo III (Griffing, 1956) e diferenças entre as estimativas para as características produtividade de frutos (PROD), número de frutos (NF) e precocidade (PRECO) em híbridos de quiabeiro.

Cruz.	Hib.	Rec.	Efeito Recíproco			Diferenças		
			PROD	NF	PRECO	PROD	NF	PRECO
1x8	1	1	0,003	0,007	0,002	0,002	0,005	0,002
8x1	1	2	0,001	0,002	0,004			
2x8	2	1	0,000	0,001	-0,003	0,002	0,006	0,003
8x2	2	2	-0,002	-0,004	0,000			
3x8	3	1	0,002	0,002	-0,003	0,003	0,003	0,001
8x3	3	2	0,000	-0,001	-0,003			
4x8	4	1	-0,003	-0,007	0,004	0,005	0,007	0,004
8x4	4	2	0,002	0,000	0,001			
5x8	5	1	0,002	0,001	-0,004	0,002	0,003	0,003
8x5	5	2	0,000	-0,002	-0,001			
6x8	6	1	0,000	0,002	-0,002	0,005	0,011	0,008
8x6	6	2	-0,005	-0,009	0,006			
7x8	7	1	0,000	0,004	0,004	0,002	0,000	0,008
8x7	7	2	0,003	0,004	-0,003			
1x9	8	1	0,002	0,001	-0,004	0,005	0,006	0,005
9x1	8	2	-0,003	-0,005	0,001			
2x9	9	1	0,002	0,004	-0,001	0,005	0,006	0,001
9x2	9	2	-0,002	-0,001	0,000			
3x9	10	1	0,000	-0,002	-0,002	0,000	0,002	0,003
9x3	10	2	0,000	0,000	0,001			
4x9	11	1	-0,003	-0,004	0,001	0,003	0,005	0,001
9x4	11	2	0,000	0,001	0,003			
5x9	12	1	0,003	0,005	0,001	0,007	0,011	0,001
9x5	12	2	-0,004	-0,005	0,000			
6x9	13	1	0,002	0,001	-0,001	0,003	0,001	0,000
9x6	13	2	-0,001	0,000	-0,001			
7x9	14	1	0,000	-0,001	0,002	0,003	0,005	0,003
9x7	14	2	0,002	0,005	-0,001			

Não houve efeitos significativos pelo teste t.

Tabela 9 – Resumo da análise de variância conjunta dos experimentos de quiabeiro conduzidos no inverno e verão de Jaboticabal – SP, para as características produtividade (PROD, t ha⁻¹), número de frutos (NF) e precocidade (PRECO, dias para florescimento).

Fonte de variação	GL	Quadrado Médio		
		PROD	NF	PRECO
Bloco/Época	4	72,57	5125,31	159,98
Genótipos (G)	31	11,68	1666,50	39,84
Épocas (E)	1	3179,08**	483656,94**	2566,69**
G x E	31	16,47*	2393,77**	46,83
Resíduo	124	10,01	1014,03	37,04
Média inverno		3,43	41,97	51,37
Média verão		11,57	142,35	44,06
CV inverno		28,73	30,58	8,04
CV verão		14,96	13,91	2,08
QMr+/QMr-		2,06	2,15	18,96

Valores reais, mas com estatística com base nos dados transformados para $(x+1)^{0,5}$. * e ** = significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

Desenvolver híbridos de desempenho satisfatório nas condições de inverno pode ser estratégico, pois alcança-se os melhores preços de mercado, aumentando a rentabilidade do produtor. Por exemplo, ao analisar os preços pagos pela CEAGESP – São Paulo para o quilo de quiabeiro ao longo do ano de 2018, verifica-se maior valor médio no mês de agosto (R\$ 7,16) e menor valor médio no mês de dezembro (R\$ 4,45) (CEAGESP, 2019). Como no período mais quente do ano é mais fácil produzir quiabeiro, a oferta aumenta consideravelmente, diminuindo o preço pago ao produtor. De maneira análoga, no inverno, há pouca oferta devido as condições climáticas, aumentando o preço. Ainda, deve-se considerar que os consumidores de quiabo são culturalmente inclinados a comprar frequentemente, desde que o preço seja atrativo. Na literatura, não se tem relatos de cultivares adequadas para tal condição de cultivo. Assim, estes dois híbridos experimentais (1x8 e 3x8) podem, possivelmente, ocupar essa lacuna.

Os híbridos 3x8 e 2x9 foram significativamente mais precoces que a cultivar padrão de polinização aberta ‘Santa Cruz 47’ (Tabela 10). Em geral, todos os genótipos foram mais tardios no inverno, mas ‘Santa Cruz 47’ foi mais influenciada

pela diferença de temperatura. Alguns autores argumentam que genótipos mais precoces tendem a gerar retorno econômico mais rapidamente ao produtor, com maior duração de colheita e número de frutos por planta, sendo característica de interesse em programas de melhoramento genético de quiabeiro (Medagam et al., 2012; Mattedi et al., 2015).

Tabela 10 - Contrastes de interesse entre híbridos promissores e cultivares comerciais de quiabeiro, em duas épocas de cultivo (Inverno e Verão) quanto à produtividade (PROD), número de frutos (NF) e precocidade (PRECO).

Contrastes	PROD (t ha ⁻¹)		NF		PRECO (dias)	
	Inverno	Verão	Inverno	Verão	Inverno	Verão
1x8	6,61 a	12,18	76,33 a	155,33	54,00	44,33
Híbridos	1,40 b	14,15	22,56 b	188,44	48,00	43,00
Teste F	7,34**	0,35 ^{NS}	4,82*	0,49 ^{NS}	1,96 ^{NS}	0,12 ^{NS}
P-valor	0,0077	0,5559	0,0299	0,4847	0,1642	0,7350
1x8	6,61	12,18	76,33	155,33	54,00	44,33
Santa Cruz 47	3,12	7,51	41,67	98,00	57,00	43,00
Teste F	1,37 ^{NS}	2,05 ^{NS}	0,75 ^{NS}	1,51 ^{NS}	0,39 ^{NS}	0,08 ^{NS}
P-valor	0,2433	0,1546	0,3878	0,2213	0,5316	0,7822
3x8	4,57 a	11,00	51,33	143,00	47,00	44,33
Híbridos	1,40 b	14,15	22,55	188,44	48,00	43,00
Teste F	4,23*	1,02 ^{NS}	2,23 ^{NS}	0,99 ^{NS}	0,09 ^{NS}	0,12 ^{NS}
P-valor	0,0418	0,3145	0,1381	0,3223	0,7703	0,7350
3x8	4,57	11,00	51,33	143,00	47,00 a	44,33
Santa Cruz 47	3,12	7,51	41,67	98,00	57,00 b	43,00
Teste F	0,41 ^{NS}	1,19 ^{NS}	0,09 ^{NS}	0,98 ^{NS}	4,03*	0,08 ^{NS}
P-valor	0,5240	0,2778	0,7708	0,3240	0,0467	0,7822
2x9	4,17	14,32	47,33	164,67	46,00	44,33
Híbridos	1,40	14,15	22,55	188,44	48,00	43,00
Teste F	3,30 ^{NS}	0,00 ^{NS}	1,51 ^{NS}	0,27 ^{NS}	0,20 ^{NS}	0,12 ^{NS}
P-valor	0,0718	0,9712	0,2220	0,6025	0,6550	0,7350
2x9	4,17	14,32	47,33	164,67	46,00 a	44,33
Santa Cruz 47	3,12	7,51	41,67	98	57,00 b	43,00
Teste F	0,09 ^{NS}	3,55 ^{NS}	0,01 ^{NS}	1,89 ^{NS}	4,56*	0,08 ^{NS}
P-valor	0,7590	0,0618	0,9400	0,1715	0,0347	0,7822
7x9	4,26	13,42	49,33	162,67	48,00	43,00
Híbridos	1,40	14,16	22,56	188,44	48,00	43,00
Teste F	2,58 ^{NS}	0,06 ^{NS}	1,37 ^{NS}	0,28 ^{NS}	0,00 ^{NS}	0,00 ^{NS}
P-valor	0,1105	0,8068	0,2447	0,5992	0,9778	1,0000
7x9	4,26	13,42	49,33	162,67	48,00	43,00
Santa Cruz 47	3,12	7,51	41,67	98,00	57,00	43,00
Teste F	0,07 ^{NS}	2,94 ^{NS}	0,00 ^{NS}	1,88 ^{NS}	3,21 ^{NS}	0,00 ^{NS}
P-valor	0,7861	0,889	0,9780	0,1727	0,0755	1,0000

NS = não significativo. * e ** = significativo a 5% e a 1% de probabilidade, respectivamente.

CONCLUSÕES

O efeito recíproco não foi significativo para produtividade, número de frutos e precocidade.

Quatro combinações híbridas apresentaram CEC positiva e significativa para número de frutos, sendo genótipos potenciais. Destes, os híbridos 1x8 e 3x8 apresentaram desempenho produtivo superior aos híbridos comerciais nas condições de inverno.

Não se observaram diferenças significativas entre os híbridos experimentais e os híbridos comerciais no verão.

Todos os genótipos foram mais tardios no inverno, contudo, a cultivar de polinização aberta 'Santa Cruz 47' foi mais influenciada do que os híbridos experimentais e comerciais.

REFERÊNCIAS

Bhatt RM, Rao NKS (2009) Physiology: crop growth, development, and yield. In: Dhankhar BS, Singh R. Okra Handbook: global production, processing, and crop improvement.

Chaturvedi AK, Surendran U, Gopinath G, Chandran KM, Anjali NK, Mohamed Fasil CT, 2019. Elucidation of stage specific physiological sensitivity of okra to drought stress through leaf gas exchange, spectral indices, growth and yield parameters. **Agricultural Water Management** 222: 92-104.

CEAGESP (2019) Índice de preços CEAGESP. São Paulo: Companhia de Entrepostos e Armazéns Gerais de São Paulo. Disponível em: <<http://www.ceagesp.gov.br/entrepostos/servicos/indice-ceagesp/>>.

Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS, 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4th ed. Universidade Federal de Lavras, Viçosa, MG, Brasil.

De Abreu VM, Pinho EVRV, Mendes-Resende MP, Balestre M, Lima AC, Santos HO, Pinho RGV, 2018. Combining ability and heterosis of maize genotypes under water stress during seed germination and seedling emergence. **Crop Science** 59:1-11

Durazzo A, Lucarini M, Novellino E, Souto EB, Daliu P, Santini A (2019) *Abelmoschus esculentus* (L.): bioactive components' beneficial properties—focused on antidiabetic role—for sustainable health applications. **Molecules** 24: 10.3390/molecules24010038

Efron N, Tibshirani R, 2007. On testing the significance of sets of gene. *Ann. Appl. Stat.* 1:107-129. Doi:10.1214/07-AOAS101

Efron N, Tibshirani R, Storey JD, Tusher V, 2001. Empirical Bayes analysis of a microarray experiment. *J. A. Stat. Assoc.* 96:1151-1160. Doi:10.1198/016214501753382129.

Griffing B (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biology Science** 9:463-493.

Hallauer AR, Miranda FJB, Carena MJ (2010) Quantitative genetics in maize breeding. New York: Springer. 663p.

IEA. Banco de dados. São Paulo: Instituto de Economia Agrícola do estado de São Paulo, 2019. Disponível em: <<http://www.iea.sp.gov.br/>>.

Maciel GM, Finzi RR, Marra AWC, Carvalho FJ, Nogueira APO (2018) Agronomic potential and selection of okra hybrids to obtain potential genitors. **Horticultura Brasileira** 36:112-117. <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-053620180119>

Marsh L (1992) Emergence and seedling growth of okra genotypes at low temperatures. **HortScience** 27:1310-1312.

Mattedi AP (2014) Caracterização e pré-melhoramento de acessos de quiabeiro do banco de germoplasma de hortaliças da UFV e seleção de híbridos. Tese (doutorado) – Universidade Federal de Viçosa. 60f.

Mattedi AP, Laurindo BS, Silva DJH, Gomes CN, Bhering LL, Souza MA (2015) Selection of okra parents based on performance and genetic divergence. **African Journal of Biotechnology** 14:3044-3050. <http://dx.doi.org/10.5897/AJB2015.14952>.

Mayo O (1980) Heterosis. In: Mayo O (Ed.) *The theory of plant breeding*. Oxford: Clarendon Press, p. 131-157.

Medagam TR, Kadiyala H, Mutyala G, Hameedunnisa B (2012). Heterosis for yield and yield components in okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) MOENCH). *Chil. J. Agric. Res.* 72(3):316-325.

Passos FA, Trani PE, Sanches J, Antoniali S, Teodoro MCCL, Santos VJ (2014) Quiabo. In: Aguiar ATE, Gonçalves C, Paterniani MEAGZ, Tucci MLS, Castro CEF (Eds.) **Boletim 200: Instruções agrícolas para as principais culturas econômicas**. Campinas: IAC. p. 356-361.

SAS Institute, 2008. The SAS system for Windows. Release 9.2. SAS Inst., Cary, NC.

CAPÍTULO 4 – Considerações finais

A cultura do quiabeiro apresenta características nutracêuticas estratégicas para países que se encontram em vulnerabilidade socioeconômica. Seus usos e aplicações não se limitam ao seu valor olerícola, pois diferentes aplicações potenciais são relatadas. Todavia, o quiabeiro vem sendo negligenciado pelos pesquisadores. Este fato certamente culminou na estagnação da produtividade da cultura, pois o uso das mesmas cultivares e técnicas de manejo podem não serem mais adequadas a demanda atual. Embora apresente relevante importância socioeconômica, a cultura não vem atraindo atenção da iniciativa privada. Neste sentido, o envolvimento de instituições públicas é primordial.

Bancos de germoplasma são muito importantes na conservação de recursos genéticos, desde que se disponha de informações acerca dos acessos, para que seja possível a efetiva utilização em programas de melhoramento genético. Assim, este estudo forneceu informações para que melhoristas possam usar os recursos do Banco Ativo de Germoplasma de Quiabeiro da Embrapa Hortaliças no desenvolvimento de novas cultivares. Ainda, poderá direcionar os curadores do Banco, de maneira que poderão focar seus recursos na manutenção do máximo de variabilidade genética, diminuindo os custos associados.

Os híbridos 1x8 e 3x8 apresentaram desempenho produtivo superior aos híbridos comerciais nas condições de inverno, indicando potencial para cultivo de entressafra, quando os melhores preços são atingidos. A avaliação destes híbridos em sistemas de produção adaptados para cultivos de inverno deve ser um dos próximos passos desta pesquisa. Ainda, a avaliação da interação genótipo x ambiente deve ser conduzida tendo estes dois híbridos experimentais como objeto de estudo.

De maneira geral, os resultados deste estudo podem impactar direta ou indiretamente os quiabicultores brasileiros que, em sua maioria, são representantes da agricultura familiar. A disponibilização de cultivares mais produtivas e adaptadas potencialmente aumentará a rentabilidades dos produtores de quiabo e contribuirá para o desenvolvimento socioeconômico das regiões produtoras.