



GANHO DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE FEIJÃO-CAUPI

Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira¹, Geraldo do Amaral Gravina¹, Maurisrael de Moura Rocha², Francisco de Alcântara Neto³, Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira⁴, Rafael Nunes de Almeida¹, Gabriella Rodrigues Golçalves¹, Ramon de Moraes¹, Richardson Sales Rocha¹, Jose Tiago Barroso Chagas¹, Camila Queiroz da Silva Sanfim de Sant'anna¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro/Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Avenida Alberto Lamego, 2000, Parque California - 28013-602 – Campos dos Goytacazes - RJ, Brasil, tamara_rebecca@hotmail.com, agro.camilaqs@gmail.com, deri.engineer@gmail.com, gravina@uenf.br.

²Embrapa Meio Norte, Avenida Duque de Caxias, nº 5.650, Bairro Buenos Aires - 64008-780 - Teresina – PI, Brasil, maurisrael.rocha@embrapa.br.

³ Universidade Federal do Piauí/Centro de Ciências Agrárias, Bairro Ininga - 64049-550 - Teresina – PI, Brasil, fneto@ufpi.edu.br.

⁴Universidade Federal de Sergipe/ Núcleo de graduação de agronomia, Rodovia Engenheiro Jorge Neto, km 3 – Silos - 49680-000 - Nossa Sra. da Glória – SE, Brasil, gustavo.melhorista@gmail.com.br.

Resumo – O conhecimento dos componentes da variância das características a serem melhoradas, em um programa de melhoramento vegetal, é essencial para se obter ganhos genéticos com a seleção. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de genótipos de feijão-caupi por meio da metodologia REML/BLUP. Foram avaliadas as características peso de vagem, número de grãos por vagem, peso de 100 sementes e produtividade de grãos de 14 linhagens de feijão-caupi no município do Bom Jesus de Itabapoana nos anos agrícolas 2016 e 2017. Os resultados mostraram que a constituição fenotípica de peso de 100 sementes e produtividade de grãos pode ser atribuído, principalmente, devido ao efeito da variância de ambiente. No entanto os genótipos apresentaram boa variabilidade e herdabilidade para todas as características estudadas, podendo ser utilizados para dar sequência ao programa de melhoramento de feijão-caupi.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, melhoramento genético, REML/BLUP.

Área do Conhecimento: Engenharia Agrônômica.

Introdução

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.) é uma leguminosa constituída de proteína, aminoácidos, carboidratos, minerais, vitaminas e fibras, sendo um dos principais componentes da dieta alimentar para as populações de baixa renda. No Brasil é amplamente cultivado em diferentes sistemas de produção para produção de grãos, secos ou verdes, para o consumo humano (ANDRADE JUNIOR et al., 2002). No entanto a baixa tecnologia aplicada, juntamente com a suscetibilidade a estress bióticos e abióticos, fatores que influenciam negativamente a produtividade de feijão-caupi fazendo com que esta ainda seja considerada baixa, principalmente no período das secas (FREIRE FILHO et al., 2011).

O feijão-caupi apresenta ampla variabilidade genética para as características de interesse agrônomo e de mercado, permitindo a obtenção de linhagens mais produtivas e resistentes. Desta forma, o desenvolvimento de cultivares resistentes, por meio do melhoramento genético, representa uma estratégia que ajudará os agricultores a obter melhores rendimentos com menores custos.

Uma das principais etapas para se obter bons resultados com o melhoramento é o estudo dos parâmetros genéticos. Estes parâmetros contribuem para o direcionamento do programa de melhoramento, principalmente duante o processo de seleção dos genótipos mais promissores (BÁRBARO, 2006). Segundo Resende (2004), o melhor método para estimar os componentes de variância é o REML (Método da Máxima Verossimilhança Restrita) e o procedimento para a predição dos valores genéticos é o BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada)



Metodologia

Foram avaliadas 14 linhagens de feijão-caupi, nas safras de 2015 e 2016, no município de Bom Jesus de Itabapoana, localizado no Noroeste do Estado do Rio de Janeiro (Latitude 21°08'02"S, longitude 41°40'47"W e altitude 88m), temperatura média anual de 23°C e solo classificado como latossolo vermelho-amarelo + cambissolo, segundo a classificação climática revista de Köppen-Geiger (Alvares, 2013).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições, sendo a parcela experimental constituída por quatro linhas de 5m, com espaçamento entre fileiras de 0,20m x 0,50m, tendo como área útil as duas fileiras centrais. O desbaste foi realizado 15 dias após o plantio, deixando apenas uma planta por cova.

As características avaliadas foram: peso de vagens por planta (PVP): determinada pelo peso total em gramas (g) de vagens por planta, peso de grãos por vagem (PGV): peso total em gramas (g) de sementes/vagem; peso de 100 grãos (W100S): pesagem de 100 sementes, de uma amostra escolhida aleatoriamente; e produtividade de grãos (PG): quantificação do peso total em gramas (g) dos grãos de cada planta após a debulha de vagens. Estas avaliações foram obtidas com o auxílio de balança de precisão.

O programa utilizado para estimar e prever os valores genéticos foi o SELEGEN – REML/BLUP (Restricted Maximum Likelihood – Best Linear Unbiased Prediction). O modelo genético estatístico utilizado foi o 18 (RESENDE, 2007b), com a seguinte descrição: $y = Xr + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela, e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Resultados

De acordo com as estimativas dos parâmetros genéticos, as linhagens apresentaram variabilidade genética e alta herdabilidade para as variáveis estudadas (Tabela 1).

Tabela 1. Parâmetros genéticos estimados para peso de vagens por planta (PVP), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 sementes (P100S), produtividade de grãos (PG) e a média geral das progênes.

Estimativas	PVP	NGV	P100S	PG
σ^2	58.02	3.10	127.82	0.05
σe^2	2.32	2.08	507.03	0.22
σf^2	60.35	5.18	634.85	0.27
h^2g	0.96 +- 0.37	0.60 +- 0.29	0.20 +- 0.14	0.20 +- 0.17
h^2ml	0.99	0.86	0.50	0.50
Aclinh	1.00	0.93	0.71	0.71
CVgi%	103.71	16.66	88.58	22.72
CVe%	20.76	13.66	176.41	45.52
PEV	0.58	0.45	63.64	0.03
SEP	0.76	0.67	7.98	0.16
Média geral	7.35	10.56	12.76	1.02

σ^2 : variância genotípica; σe^2 : variância residual; σf^2 : variância fenotípica individual; h^2g : herdabilidade individual no sentido amplo; h^2ml : herdabilidade média de genótipo; $c2parc = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $h2ml$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas; Aclinh: acurácia da seleção de genótipos; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação residual; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito.

As variáveis peso de 100 sementes e produtividade de grãos foram muito influenciadas pelo ambiente, apresentando variâncias genotípicas menores que as variâncias residuais. Além disto, os



valores de VCg% e VCe% demonstram que seleção com base nessas variáveis não se mostram favoráveis, não obtendo assim grandes ganhos genéticos.

Usando como base a seleção das cinco melhores, as linhagens 4, 6, 14, 12 e 10, respectivamente destacaram-se por obterem maiores ganhos genéticos e novas médias, para peso de vagem (Tabela 2).

Para Número de grãos por planta, as linhagens que apresentaram os maiores ganhos foram 4, 6, 10, 2 e 14 e para peso de 100 sementes, as linhagens 8, 6, 4, 2 e 14. No que diz respeito a produtividade de grãos, as linhagens 4, 6, 12, 14 e 8 propiciaram maiores incrementos de produtividade. Vale ressaltar que a linhagem 4 ficou em primeiro lugar para três das variáveis (PVP, NGV e PG), se destacando como a melhor para ganho de seleção das variáveis avaliadas. Além desta, as linhagens 6 e 14 também estão entre as cinco melhores para obtenção de ganhos genéticos das quatro variáveis avaliadas.

Tabela 2. Estimativas de ganho genético previsto para peso de vagens, número de grãos por vagem, peso de 100 sementes e rendimento de grãos de 14 linhagens de feijão-caupi.

Peso de vagens					
Ordem	Linhagem	g	u + g	Ganho	Nova média
1	4	9.44	16.78	9.44	16.78
2	6	7.95	15.30	8.69	16.04
3	14	7.83	15.17	8.40	15.75
4	12	6.71	14.06	7.98	15.33
5	10	6.59	13.93	7.70	15.05
6	2	6.34	13.69	7.48	14.82
7	8	5.97	13.32	7.26	14.61
8	11	-7.26	0.09	5.45	12.79
9	9	-7.26	0.09	4.03	11.38
10	3	-7.26	0.08	2.90	10.25
11	7	-7.26	0.08	1.98	9.33
12	13	-7.26	0.08	1.21	8.56
13	5	-7.26	0.08	0.56	7.90
14	1	-7.26	0.08	0.00	7.35

Número de grãos por vagem					
Ordem	Linhagem	g	u + g	Ganho	Nova média
1	4	2.73	13.29	2.73	13.29
2	6	1.96	12.52	2.34	12.91
3	10	1.66	12.22	2.11	12.68
4	2	1.36	11.92	1.92	12.49
5	14	1.23	11.79	1.79	12.35
6	12	0.89	11.45	1.64	12.20
7	8	0.46	11.02	1.47	12.03
8	11	-0.87	9.70	1.18	11.74
9	5	-0.95	9.61	0.94	11.50
10	1	-1.47	9.10	0.70	11.26
11	9	-1.51	9.05	0.50	11.06
12	7	-1.68	8.88	0.32	10.88
13	13	-1.85	8.71	0.15	10.71
14	3	-1.94	8.63	0.00	10.56

g: efeito genotípico; u + g: valor genotípico predito;



Tabela 2. Continuação.

Peso de 100 sementes					
Ordem	Linhagem	g	u + g	Ganho	Nova média
1	8	25.49	38.26	25.49	38.26
2	6	4.26	17.02	14.88	27.64
3	4	3.95	16.71	11.23	24.00
4	2	2.25	15.02	8.99	21.75
5	14	2.16	14.93	7.62	20.39
6	12	2.16	14.92	6.71	19.48
7	10	1.95	14.72	6.03	18.80
8	11	-5.33	7.43	4.61	17.38
9	9	-5.58	7.18	3.48	16.24
10	13	-5.72	7.05	2.56	15.32
11	7	-6.40	6.37	1.74	14.51
12	3	-6.40	6.37	1.07	13.83
13	5	-6.40	6.37	0.49	13.26
14	1	-6.40	6.37	0.00	12.76
Produtividade de grãos					
Ordem	Linhagem	g	u + g	Ganho	Nova média
1	4	0.24	1.26	0.24	1.26
2	6	0.23	1.25	0.23	1.26
3	12	0.20	1.22	0.22	1.25
4	14	0.13	1.15	0.20	1.22
5	8	0.12	1.14	0.18	1.21
6	10	0.04	1.06	0.16	1.18
7	2	0.01	1.04	0.14	1.16
8	11	-0.07	0.96	0.11	1.14
9	3	-0.09	0.94	0.09	1.11
10	9	-0.09	0.93	0.07	1.10
11	13	-0.13	0.89	0.05	1.08
12	7	-0.15	0.87	0.04	1.06
13	1	-0.16	0.86	0.02	1.04
14	5	-0.28	0.74	0.00	1.02

g: efeito genotípico; u + g: valor genotípico predito;

Discussão

As estimativas dos parâmetros genéticos são fundamentais para decidir qual a estratégia de melhoramento mais eficiente para a cultura (RESENDE, 2007a). As estimativas das variâncias genéticas entre populações (σ_g^2) indicaram a ocorrência de variabilidade genética, possibilitando a obtenção de sucesso com a seleção (Tabela 1). As variáveis peso de vagens e número de grãos por vagem se destacaram por apresentarem maiores valores de σ_g^2 podendo ser aproveitadas para fins de seleção, uma vez que estas apresentam correlações positivas com rendimento de grãos (LOPES et al., 2001; OLIVEIRA et al., 2018). As variâncias residuais (σ_e^2) de peso de vagens e número de grãos por vagem apresentaram baixos valores, indicando que o ambiente é um componente de pouca importância para essas variáveis e que as expressões fenotípicas apresentadas pelas plantas provavelmente se devem aos efeitos genotípicos. Ao contrário destas, o peso de 100 sementes e a produtividade de grãos se mostraram altamente influenciadas pelo ambiente.

Segundo Carvalho et al. (2001) embora os parâmetros auxiliem na seleção, estimar o parâmetro de herdabilidade é primordial quando se deseja saber quanto da variabilidade observada é devido ao genótipo. Sendo assim, a herdabilidade permite quantificar a fração da variação fenotípica que é de natureza herdável, podendo ser explorada na seleção (RESENDE, 2002). Segundo Resende (2015) as magnitudes das herdabilidades individuais podem ser classificadas como baixa ($0,01 \leq h^2 a \leq 0,15$), média ($0,15 < h^2 a < 0,50$) e alta ($h^2 a \geq 0,50$).

As variáveis peso de vagem e número de grãos por vagem apresentaram altos valores de herdabilidade no sentido amplo (h^2g). Esses valores demonstram que estas variáveis apresentam



elevado controle genético e que a seleção com base nestas permite a obtenção de ganhos genéticos significativos. No que se refere as variáveis peso de 100 sementes e produtividade de grãos, apesar destas apresentarem os menores valores, as herdabilidades foram consideradas médias, sendo assim, a seleção com base nessas variáveis também permitem obter ganhos genéticos.

Todas as variáveis apresentaram valores da herdabilidade média de genótipo (h^2ml), acima de 50% e valores da acurácia de seleção (Aclin) entre 0.70 e 99%. O valor da acurácia da seleção, evidencia alta precisão nas inferências dos valores genotípicos, indicando que a condução experimental foi apropriada para a caracterização dos genótipos superiores (RESENDE, 2002). Os valores de herdabilidade média e acurácia obtidos, afirmam que é possível obter progresso genético a partir da seleção de qualquer uma dessas variáveis.

O coeficiente de variação genética (CVgi%) expressa, em porcentagem, a magnitude da variação genética disponível para seleção, sendo assim, altos valores são desejáveis. Desta forma, os CVgi% para número de grãos por vagem (16,66%) e produtividade de grãos (22,72%) foram considerados moderados. Levando em consideração os CVgi% de peso de vagem (103,71%) e peso de 100 sementes (88,58%) estes apresentaram alta magnitude da variação genética.

No que concerne aos coeficientes de variação experimental (CVe%), este apresentou valores considerados baixos, para peso de vagem (20,76%) e número de grãos por sementes (13,66%), e altos para peso de 100 sementes (176,41%) e produtividade de grãos (45,52%). Considerando que peso de 100 sementes e produtividade de grãos são duas variáveis quantitativas, sofrendo geralmente grande influência do ambiente, os valores de precisão experimental foram adequados.

Um índice simples, para se estudar a existência de variabilidade genética, é a relação entre o coeficiente de variação genético e o residual, onde valores próximos ou acima da unidade demonstram que a realização da seleção, baseado em aspectos fenotípicos, é favorável e possibilita ganhos genéticos (RESENDE; DUARTE, 2007; VENCOSKY; BARRIGA, 1992). Por conseguinte, peso de vagem e número de grãos por vagem apresentaram melhores índices.

Usando como base a seleção das cinco melhores, as linhagens 4, 6, 14, 12 e 10, respectivamente destacaram-se por obterem maiores ganhos genéticos e novas médias, para peso de vagem (Tabela 2).

Conclusão

As linhagens apresentam variabilidade genética, podendo ser utilizadas em novos programas de melhoramento de feijão-caupi.

Foi possível obter ganhos genéticos satisfatórios com a seleção das linhagens.

As linhagens 4, 6 e 14 se destacaram com maiores ganhos genéticos para todas as variáveis estudadas.

Agradecimentos

As agências de fomento CNPq, CAPES e FAPERJ pelas bolsas concedidas e à EMBRAPA pelos recursos necessários para a realização deste experimento.

Referências

ANDRADE JUNIOR, A.S; SANTOS, A.A; ATHAYDE SOBRINHO, C; BASTOS, E.A; MELO, F.B; VIANA, F.R.F; SILVA, J.C; ROCHA, M.M; CARDOSO, M.J; SILVA, P.H.S; RIBEIRO, V.Q. Cultivo do Feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp). Brasília: Ed. Embrapa, 2002.

ALVARES, C.A; STAPE, J.L; SENTELHAS, P.C; DE MORAES, G; LEONARDO, J; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorol. Z.** V.22, n.6, p.711-728, 2013.

BÁRBARO, I.M. Análises genéticas em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas canavieiras. **Colloq. Agrariae.** V.5, n.1, p.8-24, 2009.

CARVALHO, F.D; SILVA, S; KUREK, A; MARCHIORO, V. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção.** Pelotas: Ed. UFPel, 2001.



FREIRE FILHO, F.R; RIBEIRO, V.Q; ROCHA, M.M; SILVA, K.J.D; NOGUEIRA, M.S.R; RODRIGUES, E.V. **Feijão-caupi: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Brasília: Ed. Embrapa, 2011.

LOPES, A.C.D.A; FREIRE FILHO, F.R; SILVA, R.B.Q.D; CAMPOS, F.L; ROCHA, M.D.M. Variabilidade e correlações entre caracteres agrônômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesq. Agropec. Bras.** V.36, n.3, p.515-520, 2001.

OLIVEIRA, T.R.A; GRAVINA, G.A.; OLIVEIRA, G.H.F.D; ARAUJO, L.C; ARAUJO, K.C; CRUZ, D.P; AMARAL JÚNIOR, A.T; VIVAS, M; DAHER, R.F. Multivariate analysis used as a tool to select snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Aust. J. Crop Sci.** V.12, n.1, p.67, 2018.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Rio de Janeiro: Ed. Colombo, 2002.

RESENDE, M.D.V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Rio de Janeiro: Ed. Colombo, 2004.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Rio de Janeiro: Colombo, 2007a.

RESENDE, M.D.D. **Software SELEGEN- REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Rio de Janeiro: Ed. Colombo, 2007b.

RESENDE, M.D.V. **Genética quantitativa e de populações**. Visconde do Rio Branco: Ed. Suprema, 2015.

RESENDE, M.D.V.D; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesq. Agropec. Trop.** V.37, n.3, p.182-194, 2007.

VENCOVSKY, R; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. São Paulo: Ed. Sociedade Brasileira, 1992.