

Herdabilidades e estimativas do número mínimo de genes para os caracteres comprimento da haste principal e dias para floração em três cruzamentos de feijão-caupi

Carlos Antônio Fernandes Santos¹; Gilmara Santos Mabel^{1,2}, Michel Gomes de Sá Ferraz^{1,3}, Ierla Carla Nunes dos Santos^{1,3}.

¹Embrapa Semi-Árido, Caixa Postal 23 – Petrolina, PE. 56302-970 . E-mail: casantos@cpatsa.embrapa.br;

²Bolsista DCR do CNPq; ³Estagiários Embrapa Semi-Arido

RESUMO

O feijão-caupi é o único feijão possível de ser cultivado pelos agricultores familiares, em áreas dependentes de chuva, nos estados do Ceará, Paraíba e Rio Grande do Norte. Neste trabalho são apresentadas estimativas para herdabilidades e número de genes para os caracteres comprimento da haste principal (CHP) e dias para a floração (DPF) nos cruzamentos IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 e BR 17 Gurgueia x PI 293588 para subsidiar o desenvolvimento de novos cultivares de crescimento determinado e ciclo precoce adaptados à região. As estimativas do número de genes para CHP variaram de 0,002 a 0,004; de 0,2 a 0,6 e de 0,3 a 0,4 nos cruzamentos IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 e BR 17 Gurgueia x PI 293588, respectivamente. Para DPF as estimativas variaram de 0,4 a 0,8; de 0,15 a 1,3 e de 2,2 a 2,6 nos mesmos cruzamentos, respectivamente. As estimativas para herdabilidade no sentido amplo não foram concordantes entre as duas estimativas para os dois caracteres dentro dos cruzamentos IPA 206 x PI 293588 e Epace 11 x PI 293588. Entre cruzamentos as estimativas para herdabilidades foram concordantes para os dois caracteres, exceto DPF no cruzamento Epace 11 x PI293588. No geral as estimativas indicam de um a três genes envolvidos no controle genético dos caracteres comprimento da haste principal e dias para floração. As estimativas de herdabilidades foram em torno de 0,5 nos três cruzamentos, exceto para o caráter DPF no cruzamento Epace 11 x PI 293588, que foi em torno de 0,7. No conjunto esses resultados sugerem que o desenvolvimento de novas cultivares para estes caracteres pode ser alcançado com forte pressão de seleção nas gerações iniciais.

Palavras-chaves: *Vigna unguiculata*, feijão-de-corda, crescimento determinado.

ABSTRACT – Heritabilities and minimum number of genes involved in the control of days for flowering and length of principal branch in three cowpea crosses.

Cowpea is the only bean possible to be grown by small farmers, under rainfed conditions, in the Brazilian States of Ceará, Paraíba and Rio Grande do Norte. Estimation of broad-sense heritabilities and the minimum number of genes was estimated for length of the main stem

(LPB) and days to flowering (DFL) in the cowpea crosses IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 and BR 17 Gurgueia x PI 293588 in order to develop new varieties of determinate growing habit and short-duration cycle adapted to the Brazilian semi-arid region. The minimum number of genes estimates for LPB ranged from 0.002 to 0.004; from 0.2 to 0.6 and from 0.3 to 0.4 in the crosses IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 and BR 17 Gurgueia x PI 293588, respectively. The minimum number of genes estimates for DFL ranged from 0.4 to 0.8; from 0.15 to 1.3 and from 2.2 to 2.6, respectively. The broad-sense heritabilities estimates were not concordant for the two traits in the crosses IPA 206 x PI 293588 and Epace 11 x PI 293588. Among crosses the heritabilities estimates were concordant for the two traits, except for DFL in the cross Epace 11 x PI 293588. The overall estimates suggested the minimum of one to tree genes were involved in the control of length of the main stem and days to flowering. The broad sense heritabilities were around 0.5 in the tree crosses, except for the trait DFL in the cross Epace 11 x PI 293588, which was around 0.7. These data suggested that the development of new cultivars for length of the main stem and days to flowering would be possible with strong selection in early generations.

Key words: *Vigna unguiculata*, bush-habit.

INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é um dos principais componentes da dieta alimentar do nordestino, além de ser também um importante gerador de emprego e renda (Freire Filho *et al.*, 1999). Devido a sua rusticidade e tolerância ao estresse hídrico, o feijão-caupi é o unico feijão possível de ser cultivado em condições de sequeiro em estados como o Ceará, Rio Grande do Norte e Paraíba.

Estimativas do número de genes por intermédio de métodos clássicos de genética são importantes não só para orientar programas de melhoramento, como também para relacionar com estimativas de quantitative trait loci (QTLs), bem como com a evolução de um determinado caráter. Valores elevados da herdabilidade indicam que seleções podem ser realizadas em gerações iniciais do cruzamento, o que facilita o melhoramento para um determinado caráter.

Neste trabalho são apresentadas as estimativas de herdabilidades e do número de genes para os caracteres comprimento da vagem e dias para floração nos cruzamentos IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 e BR 17 Gurgueia x PI 293588, avaliados nas condições de Petrolina, PE.

MATERIAL E MÉTODOS

As gerações parentais, F1s, F2s e os retrocruzamentos para ambos os parentais foram desenvolvidas para três cruzamentos de feijão-caupi, quais sejam: IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 e BR 17 Gurgueia x PI 293588. Os caracteres comprimento da haste principal (CHP) e dias para a floração (DPF) foram mensurados individualmente em cada uma das plantas de cada geração em cada um dos cruzamentos. As sementes foram semeadas em caixa de isopor e as mudas de cada geração transplantadas em faixa contínua após 15 dias, no espaçamento de 0,2 m x 1,0 m. A irrigação foi por gotejamento.

O número de plantas avaliadas para cada geração nos três cruzamentos foi: a) 74, 107, 31, 131,28 e 65 para IPA 206, PI 293588, F1, F2, RC1 e RC2, respectivamente; b) 36, 107, 26, 206, 52 e 45 para Epace 11, PI 293588, F1, F2, RC1 e RC2, respectivamente; c) 48, 107, 36, 190, 27 e 42 para BR 17 Gurgueia, PI 293588, F1, F2, RC1 e RC2, respectivamente.

As médias e variâncias obtidas para cada geração em cada cruzamento foram analisadas segundo as generalizações apresentadas por Lande (1981) na equação original do S. Wright, para obtenção de quatro estimativas do número de genes para cada caráter. As estimativas para o número de genes foram obtidas com o uso da planilha Excel, para cada um dos cruzamentos avaliados. Duas estimativas de herdabilidades foram obtidas segundo formulas clássicas (Burton, 1951).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas do número de genes para CHP variaram de 0,002 a 0,004; de 0,2 a 0,6 e de 0,3 a 0,4 nos cruzamentos IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 e BR 17 Gurgueia x PI 293588, respectivamente (Tabela 1). Para DPF as estimativas variaram de 0,4 a 0,8; de 0,15 a 1,3 e de 2,2 a 2,6 nos mesmos cruzamentos, respectivamente (Tabela 1). Uma única estimativa ao invés de quatro é possível de obter, com base em quadrados mínimos ponderados, conforme demonstrado por Cockerham (1986). Contudo, as quatro estimativas apresentam informações de como os dados se adequam às análises.

As estimativas para herdabilidades no sentido amplo não foram concordantes para as duas estimativas para os dois caracteres dentro dos cruzamentos IPA 206 x PI 293588 e Epace 11 x PI 293588 (Tabela 1). Entre cruzamentos as estimativas para herdabilidades foram concordantes para os dois caracteres, exceto DPF no cruzamento Epace 11 x PI293588 (Tabela 1).

No geral as estimativas indicam de um a três genes envolvidos no controle genético dos caracteres comprimento da haste principal e dias para floração. As estimativas de herdabilidades foram consideradas moderadas para os dois cruzamentos, exceto para o caráter DPF no cruzamento Epace 11 x PI 293588, que foi considerada elevada. No conjunto esses resultados sugerem que o desenvolvimento de novas cultivares para estes caracteres pode ser alcançado com certa facilidade. Por outro lado, nenhuma conclusão sobre a evolução dos caracteres é possível no presente estudo, devido à ausência de tendência, como cruzamentos mais contrastantes apresentando menor número de genes (variação próxima da descontínua) e cruzamentos menos contrastantes com maior número de genes (variação contínua), conforme teoria discutida por Orr (1998).

LITERATURA CITADA

- BURTON, G.W. Quantitative inheritance in pearl millet (*Pennisetum glaucum*). *Agronomy Journal*, n.43, p.409-417, 1951.
- COCKERHAM, C.C. Modifications in estimating the number of genes for a quantitative character. *Genetics*, n.114, p. 659-664, 1986.
- LANDE, R. The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. *Genetics*, n.99, p.541-553, 1981.
- FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q.; BARRETO, P.D.; SANTOS, C.A.F. Melhoramento genético de caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) na região Nordeste. In: QUEIRÓZ, M.A. de; GOEDERT, C.O.; RAMOS, S.R.R., ed. Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste brasileiro. (on line). Versão 1.0. Petrolina-PE: Embrapa Semi-Árido / Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, nov. 1999. Disponível via Word Wide Web <http://www.cpatsa.embrapa.br>. ISBN 85-7405-001-6.
- ORR, H.A. The population genetics of adaptation: the distribution of factors fixed during adaptive evolution. *Evolution*, 52, p.935-949, 1998.

Tabela 1. Estimativas da herdabilidade (h^2) e do número de genes (ng) envolvidos no controle genético dos caracteres comprimento da haste principal (CHP) e dias para a floração (DPF) nos cruzamentos de feijão-caupi IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 e BR 17 Gurgueia x PI 293588. Petrolina, PE, 2004.

Caráter	Estimativas da herdabilidade e número de genes						
	Estimativas	IPA 206 x PI293588		Epace 11 x PI293588		BR 17 Gurgueia x PI293588	
		h^2	ng	h^2	Ng	h^2	ng
CHP	n1	0,41	0,004	0,39	0,592	0,42	0,397
	n2	0,67	0,003	0,59	0,392	0,54	0,310
	n3		0,002		0,184		0,269
	n4		0,005		-3,137		0,365
DPF	n1	0,59	0,427	0,78	0,254	0,50	2,506
	n2	0,36	0,705	0,74	0,270	0,51	2,451
	n3		0,773		0,151		2,644
	n4		0,648		1,277		2,284