

CONTROLE GENÉTICO DO COMPRIMENTO E DO NÚMERO DE NÓS DO RAMO PRINCIPAL EM FEIJÃO-CAUPI

C. H. A. MATOS FILHO¹, R. L. F. GOMES¹, F. R. FREIRE FILHO² e A. C. A. LOPES¹

Resumo – O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma importante leguminosa, fonte de proteína cuja plasticidade permite a adaptação em diferentes condições ambientais. A tendência atual é a utilização de tecnologia na lavoura, que possibilite a colheita mecanizada, sendo imprescindível à definição do ideotipo da cultura. Neste sentido, objetivou-se estudar a herança dos caracteres relacionados à arquitetura da planta, comprimento e número de nós do ramo principal. Avaliou-se as linhagens parentais de feijão-caupi e as populações F_1 's, F_2 's e RC's dos cruzamentos TE96-282-22G (P_1) x TVX-5058-09C (P_2) e TE96-282-22G (P_1) x IT81D-1332 (P_3), na Embrapa Meio-Norte, em Teresina, PI, no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. Foram estimadas as variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, devido à dominância e ambiental; herdabilidades no sentido amplo e restrito; número de genes e grau médio de dominância. O modelo reduzido, aditivo-dominante, explica a variação observada no comprimento e número de nós do ramo principal. Os componentes de maior relevância no controle dos caracteres foram a média e o efeito aditivo. Em programas de melhoramento, o comprimento e o número de nós do ramo principal devem ser considerados na seleção para aumento de produtividade.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, herança genética, herdabilidade.

GENETIC CONTROL OF LENGTH AND NUMBER OF KNOTS OF THE MAJOR BRANCH IN COWPEA

Abstract – The cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] is an important grain legume, protein source, whose plasticity allows the adaptation in different environmental conditions. The current tendency is to use the technology in the farming that makes possible the crop mechanized harvest, being indispensable to the definition of the ideotipo of the culture. In this sense, the objective of this work was to study the inheritance of the characters related to the plant architecture, length and number of knots of the major branch in cowpea. It was evaluated the parents and the populations F_1 's, F_2 's and RC's of the crosses TE96-282-22G (P_1) x TVX-5058-09C (P_2) and TE96-282-22G (P_1) x IT81D-1332 (P_3), in Embrapa Meio-Norte, in Teresina, PI, Brazil, in a completely randomized block-design with four replications. The genetic parameters estimated were: phenotypic, total genetic variance, additive and dominance genetic components of variance, and the variance attributed to the environment; heritability both in the broad and narrow sense; the number of genes and average degree of dominance. The additive-dominance model explains the variation obtained for the length and number of knots of the major branch. The mean and the additive effect were the most important components in the genetic control of these characters. In the breeding programs, the major branch's length and the number of knots should be considered as selection criteria for increasing grain yield.

Keywords: *Vigna unguiculata*, genetic inheritance, heritability.

¹ Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Campus Agrícola da Socopo, CEP 64049-550, Teresina, Piauí. E-mail: carumba@ig.com.br; rlfgomes@ufpi.br; acalopes@ufpi.br

² Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, B. Buenos Aires, CEP 64006-220 Teresina, PI. E-mail: freire@cpamn.embrapa.br

Introdução

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma importante leguminosa, fonte de proteína de baixo custo, cuja plasticidade permite a adaptação em diferentes condições ambientais. É explorada principalmente na região Nordeste do Brasil, sendo utilizada no consumo familiar e na geração de renda por agricultores.

O Brasil é o maior produtor e consumidor de feijão, possuindo um déficit que é importado. No país, a área plantada em 2001, segundo IBGE, foi de 3.879.069 hectares, com rendimento médio de 711 Kg /ha. No Piauí, o feijão-caupi ocupa posição de destaque na agricultura, segundo lugar em área plantada, ficando apenas atrás do milho. Porém, sua produtividade (270 Kg/ha) está abaixo da média nordestina.

A tendência atual é a utilização de tecnologia na lavoura, que possibilite a colheita mecanizada, sendo imprescindível à definição do ideotipo da cultura. Neste sentido, objetivou-se estudar a herança de caracteres relacionados à arquitetura da planta, como o comprimento e número de nós do ramo principal.

Material e Métodos

As três linhagens parentais utilizadas foram: TE96-282-22G (P₁), TVX-5058-09C (P₂), IT81D-1332 (P₃), provenientes do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, selecionadas por serem contrastantes quanto ao comprimento e número de nós do ramo principal.

Os cruzamentos foram realizados entre (P₁ X P₂) e (P₁ X P₃), em telado, sendo as onze populações (P₁, P₂, P₃, F₁'s, F₂'s, e os RC's) avaliadas na área experimental da Embrapa Meio-Norte, utilizando-se o delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. O espaçamento utilizado foi de 0,80 m entre fileiras e 0,25 m entre covas, sendo a semeadura realizada em 22 de julho de 2003.

Os caracteres comprimento do ramo e número de nós do ramo principal foram mensurados em plantas individuais. O primeiro após a maturação da primeira vagem e o segundo na maturação de campo.

Os estudos genéticos baseados em médias e variâncias obtidas em indivíduos das populações P₁, P₂, P₃, F₁'s, F₂'s, RC's, foram realizados segundo Cruz & Regazzi (1994), com o auxílio do programa genes (Cruz, 2001).

Resultados e Discussão

As médias e as variâncias dos caracteres comprimentos do ramo principal e número de nós do ramo principal, analisados nos genótipos parentais TE96-282-22G (P₁), TVx5058-09C (P₂) e IT81D-1332 (P₃), e nas gerações obtidas dos cruzamentos, mostram contrastes entre os progenitores, principalmente no primeiro caráter (Tabelas 1 e 2). A ocorrência de contraste entre os parentais selecionados é necessária para obtenção de análises genéticas mais precisas, segundo Cruz & Regazzi (1994).

Tabela 1. Número de plantas, média (μ), variância (s^2) e variância da média (V) do comprimento do ramo principal (cm) e número de nós do ramo principal, avaliados em caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.], nas populações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂, do cruzamento TE96-282-22G X TVx5058-09C, em Teresina, PI, 2003.

Populações	N.º de plantas	Comprimento ramo principal			Nº de nós/ramo principal		
		Média	Variância	V(x)	Média	Variância	V(x)
P ₁ (TE96-282-22G)	50	144,02	820,102	16,402	18,96	3,631	0,073
P ₂ (TVx5058-09C)	65	35,32	11,535	0,177	11,35	1,170	0,018
F ₁	31	182,32	2401,892	77,480	20,54	4,189	0,135
F ₂	278	108,84	3449,525	12,408	16,89	12,631	0,045
RC ₁	33	156,45	1919,943	58,180	18,54	6,318	0,191
RC ₂	72	82,97	3199,323	44,435	15,39	17,565	0,244

Tabela 2. Número de plantas, média (μ), variância (s^2) e variância da média (V) do comprimento do ramo principal (cm) e número de nós do ramo principal, avaliados em caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.], nas populações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂, do cruzamento TE96-282-22G X IT81D-1332, em Teresina, PI, 2003.

Populações	N.º de plantas	Comprimento ramo principal			Nº de nós/ramo principal		
		Média	Variância	V(x)	Média	Variância	V(x)
P ₁ (TE96-282-22G)	50	144,02	820,102	16,402	18,96	3,631	0,072
P ₃ (IT81D-1332)	58	28,05	39,418	0,679	11,90	1,743	0,030
F ₁	53	120,17	528,836	9,978	17,75	3,150	0,059
F ₂	278	91,73	2551,656	9,178	15,88	10,788	0,038
RC ₁	58	134,01	2164,017	37,310	17,69	7,270	0,125
RC ₂	31	60,54	1993,456	64,305	14,61	9,778	0,315

No comprimento do ramo principal, a variância aditiva foi o componente mais importante da variância genética, no cruzamento TE96-282-22G X TVx5058-09C. No cruzamento TE96-282-22G X IT81D-1332, a variância atribuída à dominância foi superior à aditiva. As diferenças entre os coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito estimados em cada cruzamento refletem os valores das variâncias aditiva e, devido à dominância, nos respectivos cruzamentos. Para este caráter Santos & Vencovsky (1986) encontraram valores superiores de herdabilidade tanto no sentido amplo quanto no restrito. Freire Filho (1988) cita como herdabilidade média para este caráter o valor de 50,6% (Tabela 3).

Para o número de nós do ramo principal, houve predominância de variância genética sobre a ambiental nos dois cruzamentos. A variância devido à dominância foi superior à aditiva no cruzamento TE96-282-22G X TVx5058-09C, e inferior no cruzamento TE96-282-22G X IT81D-1332. As estimativas da herdabilidade no sentido amplo foram superiores às obtidas por Kornegay *et al.* (1992), cujos valores variam de 17% a 60% e inferiores à obtida por Santos & Vencovsky (1986) cuja estimativa foi de 82%.

O grau médio de dominância para o comprimento do ramo principal, no cruzamento TE96-282-22G X TVx5058-09C, sugere a existência de dominância parcial. No cruzamento TE96-282-22G X IT81D-1332, foi observada sobredominância. Para o número de nós do ramo principal ocorreu sobredominância nos dois cruzamentos.

Os números de genes que controlam o comprimento do ramo principal foram cinco e nove, nos cruzamentos TE96-282-22G X TVx5058-09C e TE96-282-22G X IT81D-1332, respectivamente. Para o número de nós do ramo principal, os números de genes foram 36 (TE96-282-22G X TVx5058-09C) e 18 (TE96-282-22G X IT81D-1332). Essas estimativas podem não refletir o verdadeiro valor do

parâmetro, porque o método utilizado para a sua obtenção pressupõe ausência de ligação gênica, efeito igual de locos e genótipos parentais suficientemente contrastantes (Cruz & Regazzi, 1994).

Tabela 3. Estimativas das variâncias fenotípicas, genotípicas, aditiva, devido à dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes dos caracteres comprimento do ramo principal (cm) e número de nós do ramo principal, avaliados na geração F_2 dos cruzamentos das linhagens de caupi TE96-282-22G X TVx5058-09C e TE96-282-22G X IT81D-1332, em Teresina, PI, 2003.

Estimativas	Comprimento ramo principal		Nº de nós/ramo principal	
	TE96-282-22G	TE96-282-22G	TE96-282-22G	TE96-282-22G
	X	X	X	X
	TVx5058-09C	IT81D-1332	TVx5058-09C	IT81D-1332
Variância fenotípica	3449,524	2551,656	12,630	10,788
Variância genotípica	2040,669	2072,358	9,336	7,869
Variância aditiva	1779,783	945,839	1,378	4,527
Variância devido à dominância	260,886	1126,518	7,957	3,342
Variância de ambiente	1408,855	479,297	3,294	2,918
Herdabilidade ampla (%)	59,157	81,216	73,914	72,944
Herdabilidade restrita (%)	51,595	37,067	10,915	41,966
Grau médio de dominância	0,541	1,543	3,397	1,215
Número de genes	5,0	9,0	36,0	19,0

Tendo em vista que no modelo completo apenas as médias e o efeito gênico aditivo foram significativos, o modelo reduzido aditivo-dominante foi avaliado. Segundo Cruz & Regazzi (1994), esse modelo além de mais simples, tem sido rotineiramente utilizado no melhoramento por fornece valiosas informações para o êxito dos programas de melhoramento. Observou-se que todas as estimativas foram significativas, nos dois cruzamentos, para ambos os caracteres em estudo (Tabela 4).

Tabela 4. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias de seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) de caupi, dos caracteres comprimento do ramo principal (cm) e número de nós ramo principal, nos cruzamentos TE96-282-22G X TVx5058-09C e TE96-282-22G X IT81D-1332, em Teresina, PI, 2003.

Parâmetro ¹	Comprimento ramo principal				Nº de nos ramo principal			
	TE96-282-22G		TE96-282-22G		TE96-282-22G		TE96-282-22G	
	X	X	X	X	X	X	X	
	TVx5058-09C	IT81D-1332	TVx5058-09C	IT81D-1332	TVx5058-09C	IT81D-1332	IT81D-1332	
	Estimativa	Variância	Estimativa	Variância	Estimativa	Variância	Estimativa	Variância
M	88,71*	3,86	84,67*	3,65	14,99*	0,02	15,24*	0,02
A	53,44*	3,86	56,83*	3,69	3,68*	0,02	3,43*	0,02
D	60,69*	34,03	30,83*	13,34	4,67*	0,11	2,12*	0,08

¹ m = média das linhagens homozigóticas derivadas de F_2 ; a = medida do efeito gênico aditivo; d = medida dos desvios da dominância.

*Significativo ($P < 0,05$).

Nas decomposições não-ortogonais das somas dos quadrados dos parâmetros (m, a e d) estimados pelo método de eliminação de Gauss, verificou-se que o modelo foi satisfatório para explicar o comportamento das gerações e que a variância aditiva presente em F_2 foi superior à atribuída aos desvios da dominância para os caracteres avaliados, nos dois cruzamentos. Esses resultados estão equivalentes aos encontrados por Santos & Vencovsky (1986).

A adequação do modelo aditivo-dominante para os caracteres estudados, avaliada pela correlação entre as médias observadas e estimadas, possibilitou a obtenção de médias preditas que se correlacionaram com as médias observadas em magnitude maior do que 0,95 e com coeficiente de determinação (R^2) maior do que 90,00%, nos cruzamentos considerados.

As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre o comprimento do ramo principal e o número de nós do ramo principal com a produção de grãos foram altas e positivas, portanto esses caracteres devem ser considerados na seleção, para obtenção de cultivares com e maior produtividade (Tabela 5).

Tabela 5. Coeficientes de correlação genotípica entre comprimento do ramo principal, número de nós do ramo principal e produção de grãos da planta, avaliados em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) de feijão-caupi, nos cruzamentos TE96-282-22G X TVx5058-09C (acima da diagonal) e TE96-282-22G X IT81D-1332 (abaixo da diagonal), em Teresina, PI, 2003.

Caracteres	Comprimento do ramo principal	Nº de nos ramo principal	Produção de grãos (g)
Comprimento do ramo principal (cm)	1,00	0,99	0,93
Nº de nos do ramo principal	0,00	1,00	0,89
Produção de grãos (g)	0,78	0,00	1,00

Referências

- CRUZ C. D.; REGAZZI, A J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 309p.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES**: aplicativo computacional ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2001. 648p.
- FREIRE FILHO, F. R. Genética do caupi . In: ARAÚJO, J. P. P. de & WATT, E. E. (Org.) **O caupi no Brasil**. Brasília: IITA: EMBRAPA, 1998. p. 194-222.
- IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA **Base de dados agregados**: Disponível em < <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/agric/default.asp> > . Acesso em: 20 jan. 2004.
- KORNEGAY, J., WHITE, J.W. e CRUZ, O.O. de la. Growth Habit and Gene Pool Effects on Inheritance of Yield in common Bean. **Euphytica**, v. 62, 171-180p, 1992.
- SANTOS J. B. dos, E VENCOVSKY, R. Controle Genético de Alguns Componentes do Porte da Planta em Feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 21, p. 957-963, 1986.