

CONTROLE GENÉTICO DO COMPRIMENTO DO PEDÚNCULO EM FEIJÃO-CAUPI

K. J. M. de CARVALHO¹, F. R. FREIRE FILHO², A. C. de A. LOPES³, M. de M. ROCHA², R. L. F. GOMES⁴ e I. de S. SOUSA⁵

Resumo - O estudo da herança do caráter comprimento do pedúnculo em feijão-caupi foi realizado através de estimativas dos parâmetros genéticos, baseando-se em médias e variâncias, a partir do cruzamento entre genótipos parentais TVx-5058-09C de pedúnculo curto e TR 96-282-22G de pedúnculo longo. Estes genótipos e as gerações F_1 , F_2 , RC_1 ($P_1 \times F_1$) e RC_2 ($P_2 \times F_1$) foram avaliados quanto ao caráter citado, num experimento de blocos casualizados com quatro repetições. Foram estimados valores para as variâncias fenotípica, genotípica, ambiental, aditiva, e devido à dominância; herdabilidades no sentido amplo e restrito; grau médio de dominância e número mínimo de genes determinando o caráter. O modelo aditivo-dominante foi suficiente para explicar a variação observada, o efeito gênico aditivo foi o mais importante no controle do caráter em estudo, sendo este controlado por cinco genes. O alto valor da herdabilidade no sentido restrito permite a seleção precoce para o comprimento do pedúnculo.

Palavras-chave: parâmetros genéticos, arquitetura da planta, modelo aditivo-dominante.

CONTROL GENETIC OF THE LENGTH OF THE STALK IN COWPEA

Abstract - The study of inheritance of stalk length in cowpea was conducted through estimates of the genetic parameters, based in averages and variances, starting from the crossing among parents TVx-5058-09C of short stalk and TR 96-282-22G of long stalk. These genotypes and the generations F_1 , F_2 , RC_1 ($P_1 \times F_1$) and RC_2 ($P_2 \times F_1$) were evaluated in relation to mentioned character, in an experiment of randomized block design with four repetitions. The values for the genotypic, phenotypic, environmental, additive, and dominance variance; heritability in the wide and restricted sense; medium degree of dominance and minimum number of genes determining the character were evaluated. The additive-dominant model was explain the observed variation, the effect additive gene was the most important in the control of the character in study, being controlled by five genes. The high value of the heritability in the restricted sense allows the precocious selection for the length of the stalk.

Keywords: genetic parameters, plant architecture, additive-dominant model.

¹ Universidade Federal do Piauí, Graduada em Bacharelado do Curso de Ciências Biológicas. Teresina – PI, E-mail: kenny@bol.com.br

² Embrapa Meio-Norte, caixa postal 01, CEP 64006-220, Teresina – PI. E-mail: freire@cpamn.embrapa.br; mmrocha@cpamn.embrapa.br

³ Universidade Federal do Piauí, Departamento de Biologia, Campus Ministro Petrônio Portela, Bairro Ininga, CEP 64049-550, Teresina – PI. E-mail: acalopes@ufpi.br

⁴ Engenheiro Agrônomo. Dra. Professora da Universidade Federal do Piauí, Departamento de Fitotecnia, Campus Ministro Petrônio Portela, Bairro Ininga, CEP 64049-550, Teresina – PI. E-mail: rlfgomes@ufpi.br

⁵ Universidade Federal do Piauí, Graduada em Ciências Biológicas. Teresina – PI. E-mail: iradeniaufpi@bol.com.br

Introdução

No Piauí, o feijão-caupi é cultivado normalmente por pequenos produtores, mas existe um crescente interesse de cultivo por parte de grandes produtores, o que levou pesquisadores a estudar e tentar melhorar geneticamente essa cultura.

O melhoramento genético permite o desenvolvimento de materiais com características produtivas comerciais, como estrutura das plantas adaptadas à colheita mecânica capaz de mudar o perfil do sistema produtivo, estimulando a iniciativa empresarial para a produção em grande escala (Frota et al., 2000)

Os caracteres que formam a arquitetura da planta em feijão-caupi, tais como o hábito de crescimento; comprimento do hipocótilo, dos entrenós, dos ramos principais e secundários; e tamanho do pedúnculo, podem influenciar para um maior ou menor acamamento das plantas, bem como permitir a colheita mecânica ou facilitar a colheita manual. Segundo Freire Filho et al. (2005), o melhoramento genético do feijão-caupi tem vários objetivos: desenvolver resistência a vírus e insetos; desenvolver cultivares com arquitetura moderna, ou seja, com porte mais compacto, ereto e com baixo índice de acamamento; e desenvolver cultivares para a produção de feijão-verde com características para o processo industrial.

O comprimento do pedúnculo representa um dos caracteres que influenciam diretamente na arquitetura da planta de feijão-caupi. Tem-se observado que genótipos de porte prostrado apresentam pedúnculos mais compridos, comparado aos genótipos de porte ereto e semi-ereto. Para o ideótipo de arquitetura moderna da planta de feijão-caupi, o melhoramento busca selecionar genótipos com pedúnculos mais curtos. No entanto, estudos sobre herança, tipo de ação gênica e número de genes que controlam esse caráter, são pouco encontrados na literatura e o conhecimento da genética do caráter comprimento do pedúnculo é imprescindível para a escolha de métodos de seleção mais adequados para melhorar a arquitetura da planta em feijão-caupi.

Alguns estudos sobre o controle genético de alguns caracteres foram desenvolvidos em feijão-caupi: Bhowal (1976), estudou a herança do comprimento de vagem e tamanho da semente; Lopes et al. (2003) estudaram o controle genético de peso de 100 sementes, mas com relação ao controle genético de caracteres relacionados à arquitetura, mais especificamente sobre o comprimento do pedúnculo, nenhuma referência foi encontrada na literatura.

Neste trabalho objetivou-se, estudar o controle genético do caráter comprimento do pedúnculo, para servir de base em programas de melhoramento genético que visem à melhoria da arquitetura da planta em feijão-caupi.

Material e Métodos

Foram utilizados dois genótipos de feijão-caupi: TVx-5058-09C (P_1) de pedúnculo curto e TE 96-282-22G (P_2) de pedúnculo longo, que variavam de 11,3 a 55,3 centímetros, respectivamente. Ambos cedidos pelo Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte localizado em Teresina, Piauí.

Os cruzamentos foram realizados em condições de telado no ano de 2002, na Embrapa Meio-Norte, com latitude média de 05°05' S, longitude 42° 49' W, e 72 m de altitude. Esta etapa foi dividida em duas fases: na primeira, obteve-se a geração F_1 ($P_1 \times P_2$) e na segunda, os segregantes F_2 , RC_1 ($P_1 \times F_1$) e RC_2 ($P_2 \times F_1$).

Os parentais (P_1 e P_2) e as gerações segregantes F_1 ($P_1 \times P_2$), F_2 , RC_1 ($P_1 \times F_1$) e RC_2 ($P_2 \times F_1$) foram avaliados em experimento conduzido ao nível de campo, na Embrapa Meio Norte. Adotou-se o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições; cada bloco foi constituído por

17 fileiras de cinco metros. Para os parentais, F₁ e RC's, as parcelas foram de apenas uma fileira e, para F₂, utilizaram-se quatro fileiras. O espaçamento entre fileiras foi de 0,8 m e de 0,25m entre plantas dentro das fileiras.

Durante a condução do experimento foram coletados dados de plantas individuais de cada uma das populações, referentes ao caráter comprimento do pedúnculo, obtido como uma média de três pedúnculos mensurados na parte superior, média e inferior do ramo principal.

Para o estudo da herança do caráter comprimento do pedúnculo, a metodologia estudada foi a de Mather & Jinks (1984) e Cruz & Regazzi (1994), utilizando o programa computacional GENES (2003).

Resultados e Discussão

As médias e variâncias para o caráter comprimento do pedúnculo mostram que o contraste entre os genótipos parentais foi muito significativo, onde o genótipo TE96-282-22G apresentou comprimento de pedúnculo acima de 42 cm, enquanto o TVx 5058-09C com aproximadamente 19 cm, fator esse que contribui para um bom estudo de herança do caráter em questão (Tabela 1). Segundo Cruz & Regazzi (1994) para se obter maior precisão nas análises genéticas, os genótipos parentais devem ser bastante divergentes quanto aos caracteres em estudo.

Tabela 1. Número de plantas (N), média (\bar{X}), variância(σ^2) e variância da média ($V_{(\bar{x})}$) para o caráter comprimento do pedúnculo (cm) obtidos a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) de feijão-caupi. Teresina, PI. 2002/03.

População	N	\bar{X}	σ^2	$V_{(\bar{x})}$
P ₁ (TE 96-282-22G)	63	42,59	30,72	0,49
P ₂ (TVx5058-09C)	68	18,95	8,28	0,12
F ₁	37	43,67	30,19	0,81
F ₂	274	36,13	76,50	0,28
RC ₁ (F ₁ x TE 96-282-22G)	32	45,88	34,45	1,07
RC ₂ (F ₁ x TVx5058-09C)	72	30,82	77,72	1,08

A partir das estimativas de variâncias, herdabilidades, do grau médio de dominância e do número de genes observa-se uma predominância da variação genotípica (51,66) sobre a ambiental (24,84). A variância aditiva (40,83) foi o componente mais importante da variância genética para o caráter em questão, enquanto a variância atribuída à dominância foi a menor de todas (10,83), fato este que deve estar associado com o grande contraste entre os parentais (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, devido à dominância e de ambiente, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam o caráter comprimento do pedúnculo, obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) de feijão-caupi. Teresina, PI. 2002/03.

Parâmetro	Estimativa
Variância fenotípica	76,50
Variância genotípica	51,66
Variância de ambiente	24,84
Variância aditiva	40,83
Variância devido à dominância	10,83
Herdabilidade no sentido amplo (%)	67,52
Herdabilidade no sentido restrito (%)	53,37
Grau médio de dominância	0,72
Número de genes que controlam o caráter	5,00

Os coeficientes de herdabilidades no sentido amplo e restrito foram de 67,52% e 53,37%, respectivamente. Reforçando a importância da variância aditiva. Ramalho (1993) considera a variância aditiva como sendo a mais importante para o melhorista e responsável pelo efeito positivo da seleção, o que significa dizer que a transmissão dos caracteres foi bem significativa e que o fator ambiente teve pouca interferência no efeito genético.

O grau médio de dominância foi da ordem de 0,72, em que comprimento de pedúnculo teve dominância parcial, ou seja, pedúnculos longos foram parcialmente dominantes sobre pedúnculos pequenos.

O número de genes que controlam o caráter, foi igual a cinco, tendo uma influência direta no elevado valor da herdabilidade, pois quanto menor o número de genes envolvidos, menor a influência do ambiente, tornando-se mais fácil a seleção e manipulação do ponto de vista do melhoramento genético do caráter. Resultados parecidos foram observados por Lopes et al. (2003) para o caráter peso de 100 sementes em feijão-caupi.

Nos testes de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros estimados a partir do modelo completo observa-se a significância, a 5 e 1% de probabilidade, para todos os parâmetros avaliados, destacando-se o elevado valor de t para o efeito gênico aditivo. O efeito devido à dominância mostrou a maior variância enquanto a variância de efeito aditivo foi menor (Tabela 3).

Tabela 3. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias do comprimento do pedúnculo (cm) obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) de feijão caupi. Teresina, PI. 2002/03.

Parâmetros	Estimativa	Variância	t	Graus de liberdade
m	21,90	13,24	6,02**	504
a	11,82	0,15	30,27**	129
d	35,14	97,68	3,55**	540
aa	8,86	13,09	2,45**	375
ad	6,48	9,23	2,13*	231
dd	-13,37	42,84	-2,04*	540

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F₂; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios de dominância; aa: medida das interações aditivo x aditivo; ad: medida das interações aditivo x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante; *: Significativo a 5% de probabilidade; **: Significativo a 1% de probabilidade pelo Teste t.

Na Tabela 4, encontra-se os testes de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros estimados a partir do modelo reduzido. O valor de T foi mais expressivo, com valores significativos a 1% o mesmo apresentado no modelo completo (Tabela 3). Para as variâncias, obteve-se valores muito baixos para todos os parâmetros, tendo o efeito de dominância maior valor; isso se deve ao fato de que no modelo simplificado foi eliminado os efeitos epistáticos.

Tabela 4. Decomposição não-ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do comprimento do pedúnculo (cm) obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) de feijão-caupi. Teresina, PI. 2002/03.

Fontes de variação	Soma de Quadrados	R ² (%)
m/a, d, aa, ad, dd	36,23	3,70
a/m, d, aa, ad, dd	916,64	93,51
d/m, a, aa, ad, dd	12,64	1,29
aa/m, a, d, ad, dd	6,00	0,61
ad/m, a, d, aa, dd	4,55	0,46
dd/m, a, d, aa, ad	4,17	0,43
Total	980,25	100,00

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F₂; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios de dominância; aa: medida das interações aditivo x aditivo; ad: medida das interações aditivo x dominante; dd: medida das interações dominante x dominante.

A decomposição não ortogonal da soma de quadrados dos parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd) para o caráter comprimento de pedúnculo é apresentada na Tabela 5.

Tabela 5. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias do comprimento do pedúnculo (cm) obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) de feijão-caupi. Teresina, PI. 2002/03.

Parâmetro ¹	Estimativa	Variância	t
m	30,83	0,13	83,69**
a	11,99	0,14	32,28**
d	12,46	0,70	14,86**

** significativo a 1% de probabilidade pelo Teste

Segundo Cruz & Regazzi (1994), a medida denotada por R² pode ser utilizada com a finalidade de dar idéia da importância de um efeito genético particular sobre a variabilidade disponível nos caracteres estudados. Observa-se que os efeitos genéticos mais importantes foram os aditivos (93,51%), seguidos pela média (3,70%), ressaltando a contribuição destes efeitos sobre a variação observada para o caráter em estudo, ao contrário dos efeitos de dominância (1,29%) que contribuíram menos para a variação total. As interações epistáticas também apresentaram valores muito baixos, sendo o componente aditivo por aditivo (aa) o mais importante. Isso indica que os efeitos de interação explicam muito pouco no modelo completo e que os efeitos da média e, principalmente, o efeito aditivo, são mais importantes para o modelo.

Para avaliar a adequação do modelo aditivo-dominante, correlacionou-se valores entre as médias observadas e estimadas (Tabela 6), que apresentou valor de natureza 0,99, isso equivale a uma determinação de 99%. O coeficiente de determinação (R²) foi de 98%, também significando uma alta precisão do modelo para o caráter comprimento do pedúnculo.

Tabela 6. Média observada (Yobservada) e estimada (Yestimada) para o comprimento do pedúnculo (cm), obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) de feijão-caupi. Teresina, PI. 2002/03.

Populações	Yobservado	Yestimado
P ₁ (TE 96-282-22G)	42,59	42,82
P ₂ (TVX5058-09C)	18,95	18,84
F ₁	43,67	43,29
F ₂	36,13	37,06
RC ₁ (F ₁ x TE 96-282-22G)	45,88	43,06
RC ₂ (F ₁ x TVX5058-09C)	30,82	31,07
r (Yobservado, Yestimado)	0,99	
R ² (%)	98,00	

A decomposição não ortogonal para o modelo reduzido (m, a, d), mostra que o modelo genético aditivo-dominante foi satisfatório para explicar a variabilidade aditiva presente em F₂, pois a expressão do efeito aditivo obteve valor superior (1042,04) à dominância (Tabela 7).

Tabela 7. Decomposição não-ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d) pelo método de eliminação de Gauss, com base nas médias do comprimento do pedúnculo (cm), obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) de feijão-caupi. Teresina, PI.

Fonte de variação ¹	Soma de Quadrados	R ²
m/ a, d	7004,81	84,72
a/ m, d	1042,04	12,60
d/ m, a	220,94	2,67
Total	8267,79	

m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F₂; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios de dominância.

Conclusão

O efeito gênico mais importante na determinação do caráter do comprimento do pedúnculo é de natureza aditiva, de controle genético oligogênico; herança relativamente simples associado a uma herdabilidade alta favorece a prática da seleção precoce e ganhos mais rápidos para o comprimento do pedúnculo em feijão-caupi.

Referências

CRUZ, C.D. **Programas Genes**. Viçosa: UFV. 2003.442p.

CRUZ, C.D. ; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. 1999. 309p.

FROTA, A. B.; FREIRE FILHO, F.R.; CORDEIRO, M. P. F **impactos sócio econômicos das cultivares de feijão caupi na região Meio Norte do Brasil**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2000. 26p. (Embrapa Meio Norte. Documentos 52).

FREIRE FILHO, F. R.; CARDOSO, M. J.; ARAÚJO, A G de; SANTOS. A. A dos; SILVA, P. H S. da. **Características botânicas e agrônômicas de cultivares de feijão-massaroca (*Vigna unguiculata* L. Walp.)**. Teresina: Embrapa –UEPAE de Teresina, 1991. 40p (Embrapa-UEPAE de Teresina. Boletim de Pesquisa, 4).

LOPES, F.C. da C.; GOMES, R. L. F.; FREIRE FILHO, F. R. Genetic control of cowpea seed sizes. **Scientia Agrícola** , Piracicaba, v. 60, n. 2, p. 315-318, 2003.

MATHER, K.; JINKS, J.L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: SBG, 1984. 242p.

RAMALHO, M. A . P.; SANTOS. J. B.; ZIMMERMANN. M. J. O. **Genética quantitativa de plantas autógamas**. Goiânia. UFG, 1993. 171p.