

ESTIMATIVAS DO NÚMERO DE GENES ENVOLVIDOS NO CONTROLE GENÉTICO DO PESO DE 100 GRÃOS E COMPRIMENTO DA VAGEM EM FEIJÃO-CAUPI. Carlos Antônio Fernandes Santos; Gilmara Santos Mabel; Michel Gomes de Sá Ferraz; Ierla Carla Nunes dos Santos. Embrapa Semi-Árido. E-mail: casantos@cpatsa.embrapa.br

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. Objetivou-se estimar o número de genes envolvidos no controle genético do peso de 100 grãos (PCG) e o comprimento da vagem (COV) do feijão-caupi, de forma a possibilitar comparações com estimativas de QTLs, bem como orientar na seleção de linhagens para o desenvolvimento de cultivares. As gerações parentais, F1s, F2s e retrocruzamentos para ambos os parentais foram desenvolvidos 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. As médias e variâncias obtidas para cada geração foram analisadas segundo as generalizações apresentadas por Lande (Genetics 99, 541-553, 1981) na equação original do S. Wright, para obtenção de quatro estimativas de variâncias. Os parentais apresentaram PCG e COV de 19,8 g e 14,8 cm; 18,4 g e 19,1 cm; 16,9 g e 19,9 cm; 11,0 g e 16,1 cm, respectivamente para PI 293588, Epace 11, IPA 206 e BR 10 Gurgueia. As estimativas do número de genes para COV variaram de 0,8 a 1,6; de 0,7 a 1,1 e de 0,1 a 2,8 nos cruzamentos IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 e BR 17 Gurgueia x PI 293588, respectivamente. Para PCG as estimativas oscilaram de 0,1 a 1,3; de 0,03 a 0,04 e de 2,1 a 2,8 nos mesmos cruzamentos, respectivamente. Desse modo, conclui-se que o cruzamento mais contrastante para PCG, ou seja, o BR 17 Gurgueia x PI 293588 apresentou o maior número de genes, enquanto a mesma tendência não foi observado para COV.