

# ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM GENÓTIPOS DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE FEIJÃO-COMUM.

## ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS IN GENOTYPES LANDRACES OF VARIETY OF BEAN-COMMON.

Rogger da Silva<sup>1</sup>, Vanderley Borges<sup>2</sup>, Francisca Silvana Silva do Nascimento<sup>1</sup>, Diego Raizer de Oliveira<sup>1</sup>, José Tadeu de Souza Marinho<sup>3</sup>, Amauri Siviero<sup>3</sup>, Sergio da Silva Fiuza<sup>4</sup>, Geison de Araújo Negreiros<sup>1</sup>

**Introdução.** As estimativas de parâmetros genéticos são importantes para caracterizar uma população e prever o seu comportamento em seleção artificial; permitindo identificar que tipo de variância genética predomina na população e no controle de caracteres determinando a magnitude do principal componente da variância total. Por isso são úteis para definir estratégias mais eficientes na seleção de genótipos superiores nas diversas fases do melhoramento. A maioria das características de interesse econômico nas espécies vegetais são de natureza métrica, seguindo-se as leis da genética quantitativa (FALCONER, 1987). O estudo e a identificação de parâmetros genéticos como: coeficiente de variação genético, herdabilidade e correlação entre caracteres são de suma importância, pois através destes podemos; conhecer a variabilidade genética, o grau de expressão de um caráter de uma geração para outra e a possibilidade de ganhos por meio de seleção direta ou indireta (ROCHA, 2003). O objetivo do trabalho foi estimar os parâmetros genéticos dos caracteres agrônômicos das variedades tradicionais de feijão-comum do Estado Acre.

**Material e métodos.** Foram avaliadas 16 genótipos de feijão-comum com base nas seguintes variáveis: Comprimento do Folíolo Terminal (CFT), Largura do Folíolo Terminal (LFT), Número de Dias para Emergência (NDE), Altura de Plantas (AP), Número de Dias até a floração (NDF). As sementes foram coletadas em feiras livres, produtores rurais e em mercados regionais que comercializam feijões locais/crioulos nos municípios de Assis Brasil, Cruzeiro do Sul, Feijó, Rio Branco e Sena Madureira. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal do Acre. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado, no qual as sementes foram semeadas em vasos, sendo composto por 16 tratamentos com duas repetições. Cada parcela foi composta por dois vasos de 10 litros. Os caracteres foram obtidos conforme Plant Genetic Resources Institute (IBPGRI, 2001) e por Silva (2005). As análises estatísticas foram realizadas com uso do aplicativo SELEGEM REML/BLUP, Modelo 21 (Blocos ao acaso, teste de linhagens de autógamias ou híbridias, médias por parcela), conforme Resende (2007) e Borges et al. (2010).

**Resultados e discussão.** Os resultados obtidos pela Análise de Deviance (ANADEV) são semelhantes à Análise de variância (ANOVA). Entretanto, esta metodologia permite maior acurácia uma vez que prediz valores genotípicos ao invés de valores fenotípicos, em outras palavras, reduz o efeito do ambiente. Na Tabela 1 observa-se que os valores de deviance para

---

<sup>1</sup> Estudante de Engenharia Agrônômica da Universidade Federal do Acre, Bolsista PIBIC/CNPQ-Rio Branco, AC, Brasil. [rogger\\_wins@hotmail.com](mailto:rogger_wins@hotmail.com)

<sup>2</sup> Eng.º Agrônomo, Pesquisador, Universidade Federal do Acre, BR 364, km 04 – Distrito Industrial. [boges.v@gmail.com](mailto:boges.v@gmail.com)

<sup>3</sup> Eng.º Agrônomo, Pesquisador, Embrapa Acre, BR 364, km 14.

<sup>4</sup> Eng.º Agrônomo, Pesquisador, Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre, BR 364, km 04 – Distrito Industrial.

as variáveis Comprimento do Folíolo Terminal e Largura do Folíolo Terminal foram não significativas pelo Teste de Qui-quadrado ao nível de 5% de probabilidade indicando que não há variação para estes caracteres entre os genótipos avaliados. Verificou-se que os efeitos dos Genótipos foram significativos para as variáveis Dias para a Emergência, Altura de Plantas e Número de Dias até a Floração. Verificou-se que as variáveis Comprimento do Folíolo Terminal e Largura do Folíolo Terminal a variância genotípica foi não significativa. Enquanto que para as variáveis Dias para a Emergência, Altura de Plantas e Número de Dias até a Floração a variação genotípica demonstrou ter efeito significativo para a variação total. As herdabilidade para as características Número de Dias para Emergência (NDE), Altura de Plantas (AP), Número de Dias até a floração (NDF) foram altamente significativas, indicando que grande parte da variação total tem uma contribuição maior do fator genético. A herdabilidade estima quanto da variação fenotípica é devida a efeitos genéticos e valores próximos de 100% indicam que a característica é pouco influenciada pelo ambiente e, conseqüentemente, a maior parte da variação é devida a fatores genéticos (SILVA, 2002). A acurácia revela alta precisão das inferências das médias genotípicas, pois, de acordo com Resende (2002), esta tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das cultivares para fins de seleção e, também, sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico da cultivar (ou genótipo), sendo uma correlação entre os valores genotípicos preditos e os verdadeiros. Na tabela 2, a relação  $CV_{gi\%}/CV_{e\%}$  para as variáveis Número de Dias para Emergência (NDE), Altura de Plantas (AP), Número de Dias até a floração (NDF) foram superiores a unidade ( $>1$ ) indicando que situação favorável à seleção (CRUZ, 2005). Os coeficiente de variação genética ( $CV_{gi\%}$ ) foram superiores a 5%, para as todas as características avaliadas indicando que há variabilidades para todas as características analisadas.

**Tabela 1.** Análise de deviance dos genótipos.

Variáveis	Efeito	Devianc $e^+$	LRT <sup>++</sup>	Componentes de Variância
Comprimento do Folíolo Terminal	Genótipos	53,58	1,54 <sup>ns</sup>	$V_g = 0,60^{ns}$
	Modelo	55,12		
	Completo			
Largura do Folíolo Terminal	Genótipos	58,67	1,22 <sup>ns</sup>	$V_g = 0,63^{ns}$
	Modelo	59,89		
	Completo			
Dias para a Emergência	Genótipos	122,64	75,95*	$V_g = 1,40^{**}$
	Modelo	46,69	*	
	Completo			
Altura de Plantas	Genótipos	6,99	7,4 <sup>**</sup>	$V_g = 0,31^{**}$
	Modelo	14,39		
	Completo			
Número de Dias até a Floração	Genótipos	87,68	6,03*	$V_g = 4,50^*$
	Modelo	81,60		
	Completo			

+: Deviance do modelo ajustado com e sem efeito corresponde a cada variável analisada. ++: Likelihood Ratio Teste ou Teste da Razão de Verossimilhança. \*, \*\*, e ns; significativo pelo teste de qui-quadrado a 5% , 1% e não significativo, respectivamente.

**Tabela 2.** Estimativas da variância fenotípica ( $\sigma^2_f$ ), variância genotípica, ( $\sigma^2_g$ ), variância ambiental ( $\sigma^2_e$ ), herdabilidade no sentido amplo da parcela, ou seja, os efeitos genotípicos ( $h^2_g$ ), herdabilidade da média da linhagem ( $h^2_{ml}$ ), acurácia da seleção de linhagem ( $Ac_{linh}$ ), coeficiente de variação genotípica ( $CV_{gi\%}$ ), coeficiente de variação ambiental ( $CV_{e\%}$ ), Relação  $CV_{gi\%}/CV_{e\%}$ , das avaliações de 16 genótipos (variedades tradicionais) de feijão-comum para as características de Comprimento do Folíolo Terminal (CFT), Largura do Folíolo Terminal(LFT), Número de Dias para Emergência (NDE), Altura de Plantas(AP), Número de Dias até a floração(NDF).

<b>Parâmetros</b>	<b>CFT</b>	<b>LFT</b>	<b>NDE</b>	<b>AP</b>	<b>NDF</b>
$\sigma^2_f$	1,92	2,25	1,40	0,49	4,50
$\sigma^2_g$	0,60 <sup>ns</sup>	0,63 <sup>ns</sup>	1,40**	0,31**	4,50*
$\sigma^2_e$	1,32	1,62	0,00	0,19	0,00
$h^2_g$	0,31 <sup>ns</sup> ± 0,28	0,28 <sup>ns</sup> ± 0,26	1,00** ± 0,50	0,62** ± 0,40	1,00* ± 0,50
$h^2_{ml}$	0,48	0,44	1,00	0,77	1,00
$Ac_{linh}$	0,69	0,66	1,00	0,88	1,00
$CV_{gi\%}$	8,84	10,98	20,17	39,37	4,78
$CV_{e\%}$	13,12	17,61	0,05	30,55	0,01
$CV_{gi\%}/CV_{e\%}$	0,67	0,62	403,40	1,29	478,00

**Conclusão.** Há variabilidade genética para todas as características avaliadas. As características Número de Dias para Emergência (NDE), Altura de Plantas (AP), Número de Dias até a floração (NDF) são favoráveis a seleção.

#### Referências.

BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394p.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 1, p. 109-117, 2001.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. London: Longman Group, 1993. 438p.

IBPGR, 2001. **Phaseolus vulgaris Descriptors**. AGPG: IBPGR/81/1. IBPGR Secretariat, Rome, 32 p.

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

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen-REML/BLUP**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2002. (Documentos, 77).

ROCHA, M. M. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural**, v. 08, n. 01, p. 135-141, 2003.

SILVA, H. T. da. **Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Santo Antonio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 32p. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 184).

SILVA, R.A. Estimação de parâmetros genéticos e correlações em família de meio-irmãos de melões orangeredflesh e HTC 01. **Caatinga**, Mossoró, v.15, n.1/2, p.43-48, 2002.