

Herança de caracteres relacionados à arquitetura da planta em feijão-caupi

Inheritance of traits related to plant architecture in cowpea

Carlos Humberto Aires Matos Filho^I Regina Lucia Ferreira Gomes^{II}
Francisco Rodrigues Freire Filho^{III} Maurisrael Moura Rocha^{III}
Ângela Celis de Almeida Lopes^{II} José Airton Rodrigues Nunes^{IV}

RESUMO

O trabalho estudou o controle genético dos caracteres comprimento (CRP) e número de nós (NNRP) do ramo principal e hábito de crescimento em feijão-caupi, a partir dos cruzamentos TE96-282-22G x TVX-5058-09C e TE96-282-22G x IT81D-1332. O experimento foi conduzido na Embrapa Meio-Norte, em Teresina, PI, Brasil, no ano de 2003. Estimaram-se os componentes genéticos de média, variância e herdabilidades para os caracteres CRP e NNRP. O estudo da herança do hábito de crescimento foi realizado com base nas frequências dos fenótipos observados. Em ambos os cruzamentos, o modelo genético aditivo-dominante foi suficiente para explicar a variação fenotípica observada para o CRP e NNRP; os efeitos aditivos e de dominância são importantes no controle do CRP e NNRP, mas a variância aditiva é prevalente como componente genético. O CRP e NNRP apresentam controle oligogênico, associado com alta expressão do caráter. O hábito de crescimento apresenta herança monogênica, com dominância para o tipo indeterminado.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, comprimento do ramo principal, número de nós do ramo principal, hábito de crescimento, efeito gênico, herdabilidade.

ABSTRACT

The aim of this study was to investigate the genetic control of traits related to plant architecture in cowpea: length and number of nodes on main stem, growth habit, from the crossings TE96-282-22G x TVX-5058-09C and TE96-282-22G x IT81D-1332. The experiment was conducted at Embrapa Mid-North, Teresina, PI, Brazil, in 2003. Experiments were carried out under randomized block design with four replications. Genetic components of mean and variance and heritability for the traits length and number of nodes on main stem were estimated. Growth habit was based on the frequencies of the phenotypes observed. In

both crosses, the additive-dominant genetic model was sufficient to explain the phenotypic variation observed for length and number of nodes on main stem; additive and dominance effects are important in controlling the length and number of nodes on main stem, but the additive variance is prevalent as a component of genetic variance. Length and number of nodes on main stem presents oligogenic control associated with a high expression of trait. Growth habit has monogenic control, with dominance for the indeterminate type.

Key words: *Vigna unguiculata*, main stem length, number of nodes in main stem, growth habit, genic effect, heritability.

INTRODUÇÃO

O feijão-caupi ou feijão-de-corda (*Vigna unguiculata* L. Walp.) tem uma grande importância, tanto como alimento, como gerador de emprego e renda nas regiões Norte e Nordeste do Brasil, e está se expandindo para a região Centro-Oeste, principalmente para o Estado do Mato Grosso. Sua produção corresponde a 15,5% do feijão cultivado no Brasil (FREIRE FILHO et al., 2011).

Diante do aumento crescente do cultivo do feijão-caupi em grandes áreas nos cerrados do Meio-Norte e Centro-Oeste do Brasil, a tendência atual será a intensificação do uso de tecnologias com operações mecanizadas em todo o processo produtivo da lavoura, especialmente, na colheita, tornando-se premente o desenvolvimento de novas cultivares que associem alta produtividade e arquitetura da planta adequada.

^IDepartamento de Engenharia, Campus Professora Cinobelina Elvas, Universidade Federal do Piauí (UFPI), 64900-000, Bom Jesus, PI, Brasil. E-mail: carloshumberto@ufpi.edu.br. Autor para correspondência.

^{II}UFPI, Teresina, PI, Brasil.

^{III}Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI, Brasil.

^{IV}Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, MG, Brasil.

A arquitetura da planta de feijão-caupi é o resultado da interação de vários caracteres: hábito de crescimento; comprimentos do hipocótilo, epicótilo, entrenós, ramos principal e secundários e pedúnculo; disposição dos ramos laterais em relação ao ramo principal; disposição dos pedúnculos em relação à copa da planta; e consistência dos ramos (FREIRE FILHO, (2005).

O número de nós do ramo principal tem importância na eficiência reprodutiva em feijão-caupi UMAHARAN et al. (1997). Nos genótipos eretos, o crescimento é determinado, o comprimento do ramo principal é menor e a maturação é uniforme, promovendo apenas uma colheita, porém com maior rendimento por área; os programas de melhoramento genético que visam à obtenção de cultivares com maior produtividade de grãos devem considerar o comprimento e o número de nós do ramo principal como critérios de seleção, pois esses dois caracteres interagem na arquitetura da planta, proporcionando maior produção de grãos por planta ou maior produtividade (MATOS FILHO et al., 2009).

Informações sobre a base genética dos caracteres relacionados à arquitetura da planta em feijão-caupi são escassas. Estudos sobre o controle genético dos caracteres comprimento e número de nós do ramo principal e hábito de crescimento são raros e antigos. De acordo com BRITTINGHAM (1950), o hábito de crescimento em feijão-caupi é controlado por um único par de genes; e, para SINGH & JINDLA (1971), por três pares de genes, sendo dois desses genes complementares.

Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi estudar a herança do comprimento e do número de nós do ramo principal e do hábito de crescimento em feijão-caupi.

MATERIAL E MÉTODOS

O material genético foi constituído de três linhagens de feijão-caupi por se apresentarem contrastantes quanto aos caracteres em estudo: a linhagem TE96-282-22G (P_1) tem hábito de crescimento indeterminado e é procedente do programa de melhoramento da Embrapa Meio-Norte; e as linhagens TVX5058-09C (P_2) e IT81D-1332 (P_3), ambas de crescimento determinados e são provenientes do programa de melhoramento do *International Institute of Tropical Agriculture* (IITA), em Ibadan, na Nigéria. Os cruzamentos C1: $P_1 \times P_2$ e C2: $P_1 \times P_3$ foram realizados no telado da Embrapa Meio-Norte, sendo obtidas as gerações F_1 , F_2 e os dois retrocruzamentos nos dois cruzamentos.

As onze populações ou gerações (P_1 , P_2 , P_3 , duas F_1 , duas F_2 e quatro RC) foram avaliadas num experimento conduzido no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, utilizando-se o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. Devido à disponibilidade de sementes, os tamanhos das parcelas das diferentes gerações foram os seguintes: P_1 , P_2 , P_3 , $F_{1(C2)}$ e $RC_{11(C2)}$ - 20 plantas por parcela; $F_{1(C1)}$, $RC_{11(C1)}$ e $RC_{13(C2)}$ - 10 plantas por parcela; $RC_{12(C1)}$, 15 plantas por parcela; e $F_{2(C1)}$ e $F_{2(C2)}$ - 80 plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi de 0,80m entre fileiras e de 0,25m entre covas, sendo a semeadura realizada em julho de 2003.

Os caracteres comprimento (CRP) e número de nós (NNRP) do ramo principal e hábito de crescimento (HC) foram mensurados em plantas individuais, sendo o CRP medido após a maturidade da primeira vagem e os outros, na maturidade de campo.

O estudo do controle genético dos caracteres CRP e NNRP foi realizado com base na estimação dos componentes de média, utilizando-se o método dos quadrados mínimos ponderados, e de variância a partir das gerações obtidas em ambos os cruzamentos, conforme RAMALHO et al. (1993) e CRUZ et al. (2004). Ademais, foram obtidas as estimativas das herdabilidades no sentido amplo (h^2_a) e restrito (h^2_r) para esses caracteres.

Para o hábito de crescimento, que segregou para duas classes fenotípicas distintas, a herança foi estudada empregando-se o teste de Qui-quadrado (χ^2) a 1% de probabilidade. As análises estatístico-genéticas foram realizadas com auxílio do Programa Genes (CRUZ, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias fenotípicas observadas nos caracteres comprimento do ramo principal (CRP) e número de nós do ramo principal (NNRP) evidenciaram que as linhagens parentais de feijão-caupi TE96-282-22G (P_1), TVX5058-09C (P_2) e IT81D-1332 (P_3) se mostraram contrastantes nos cruzamentos entre $P_1 \times P_2$ e $P_1 \times P_3$ (Figuras 1 e 2), principalmente, quanto ao CRP. Segundo CRUZ et al. (2004) e (BORÉM, 1997), nos estudos de herança genética, a ocorrência de contraste entre os parentais é necessária para estimação mais precisa dos parâmetros.

O modelo genético aditivo-dominante foi suficiente para explicar a variação fenotípica observada para o CRP e NNRP. Nos dois cruzamentos avaliados, para ambos os caracteres, os valores de R^2 foram superiores a 92% (Tabela 1). ROCHA et al. (2009)

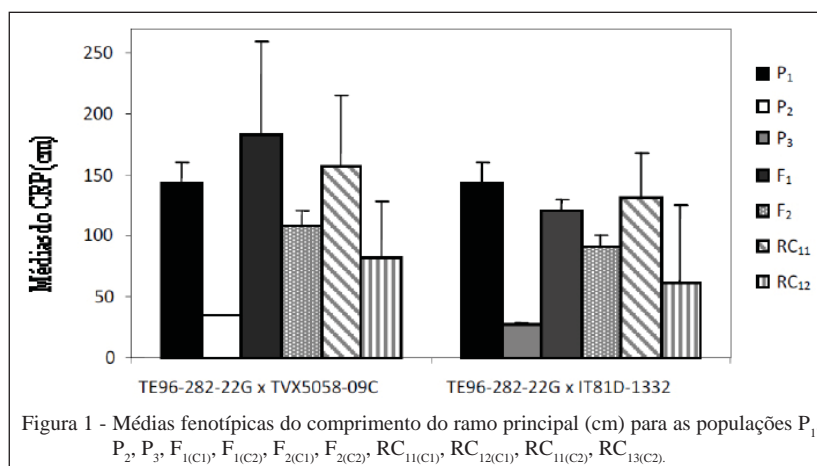


Figura 1 - Médias fenotípicas do comprimento do ramo principal (cm) para as populações P₁, P₂, P₃, F_{1(C1)}, F_{1(C2)}, F_{2(C1)}, F_{2(C2)}, RC_{11(C1)}, RC_{12(C1)}, RC_{11(C2)}, RC_{13(C2)}.

também analisaram o controle genético do comprimento do pedúnculo simples e ramificado em feijão-caupi com adoção do modelo reduzido aditivo-dominante.

Nos dois cruzamentos, tanto o CRP quanto o NNRP apresentaram efeitos aditivos e de dominância significativamente diferentes de zero ($P < 0,05$), sendo os erros associados aos efeitos de dominância mais elevados (Tabela 1).

No cruzamento TE96-282-22G x TVX5058-09C, a variância genética aditiva foi o componente mais importante da variância genética na geração F₂ para o CRP (87,22%), e no cruzamento TE96-282-22G x IT81D-1332, para o NNRP (57,56%) (Tabela 1). Já a variância atribuída à dominância, no cruzamento TE96-282-22G x TVX5058-09C, correspondeu a 12,78% da variância genética, para o CRP, e no cruzamento TE96-282-22G x IT81D-1332, correspondeu a 54,34% da variância genética para o NNRP (Tabela 1). Isso indica que, além da presença dos efeitos aditivos, ocorreram efeitos de dominância para os caracteres, resultantes

das diferentes proporções de alelos dominantes e recessivos nas linhagens parentais. SANTOS & VENCOSKY (1986), em feijão-comum, relatam que, mesmo com a presença da dominância, o efeito aditivo foi predominante no controle genético dos caracteres comprimento da haste principal e número de internódios da haste principal, sendo que o efeito da dominância foi no sentido de aumentar o valor fenotípico.

Os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo foram de média e alta magnitudes (59,16% e 81,22%) e, no sentido restrito, de média e baixa (51,60% e 37,07%), para o CRP, nos cruzamentos TE96-282-22G x TVX5058-09C e TE96-282-22G x IT81D-1332, respectivamente (Tabela 1). Para esse caráter, MACHADO et al. (2008) e BENVINDO et al. (2010) obtiveram valores superiores (87%) e similares (62%), respectivamente.

Quanto ao NNRP, as estimativas da herdabilidade no sentido amplo foram altas (73,91% e 72,94%), nos dois cruzamentos (Tabela 1), inferiores

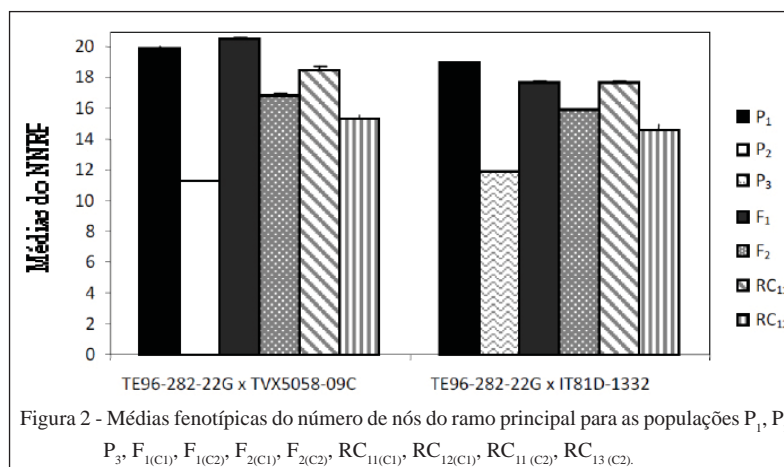


Figura 2 - Médias fenotípicas do número de nós do ramo principal para as populações P₁, P₂, P₃, F_{1(C1)}, F_{1(C2)}, F_{2(C1)}, F_{2(C2)}, RC_{11(C1)}, RC_{12(C1)}, RC_{11(C2)}, RC_{13(C2)}.

Tabela 1 - Estimativas dos componentes de média e variância, das herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes que controlam o comprimento do ramo principal (cm) – CRP e número de nós do ramo principal – NNRP, obtidas em dois cruzamentos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2003.

Estimativa	Cruzamentos			
	TE96-282-22G x TVX5058-09C		TE96-282-22G x IT81D-1332	
Componentes de média ¹	Características			
	CRP	NNRP	CRP	NNRP
M	88,71*(3,86) ³	14,99*(0,02)	84,71*(3,86)	15,24*(0,02)
A	53,44*(3,86)	3,68*(0,02)	56,83*(3,69)	3,43*(0,02)
D	60,69*(34,03)	4,67*(0,11)	30,83*(13,34)	2,12*(0,08)
R ² (%)	0,93	0,97	0,98	0,98
Componentes de variância ²				
$\hat{\sigma}_F^2$	3449,52	12,63	2551,66	10,79
$\hat{\sigma}_G^2$	2040,67	9,34	2072,36	7,87
$\hat{\sigma}_A^2$	1779,78	1,38	945,84	4,53
$\hat{\sigma}_D^2$	260,89	7,96	1126,52	3,34
$\hat{\sigma}_E^2$	1408,86	3,29	479,3	2,92
Herdabilidade				
h_a^2	59,16	73,91	81,22	72,94
h_r^2	51,6	10,92	37,07	41,97
Grau médio de dominância	0,54	3,4	1,54	1,22
Número de genes	5	36	9	19

⁽¹⁾ m: média das linhagens homozigóticas derivadas de F₂; a: medida do efeito gênico aditivo; d: medida dos desvios da dominância.

⁽²⁾ $\hat{\sigma}_F^2$: variância fenotípica; $\hat{\sigma}_G^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_A^2$: variância aditiva; $\hat{\sigma}_D^2$: variância devido à dominância; $\hat{\sigma}_E^2$: variância de ambiente; h_a^2 : herdabilidade ampla (%); h_r^2 : herdabilidade restrita (%).

⁽³⁾ Variância da estimativa.

* Significativo pelo teste t (P<0,05).

àquela obtida por SOUZA et al. (2007), com valor de 99%, mas superior àquelas obtidas por LOPES et al. (2001) e BENVINDO et al. (2010), cujas estimativas foram 26% e 14%, respectivamente.

O grau médio de dominância para o CRP, no cruzamento TE96-282-22G x TVX5058-09C, sugere a existência de dominância parcial (0,54); no cruzamento TE96-282-22G x IT81D-1332, foi observada sobredominância (1,54) (Tabela 1). Para o NNRP, ocorreu sobredominância (3,40 e 1,22) nos dois cruzamentos (Tabela 1). As estimativas positivas indicam que a dominância ocorre em direção à manifestação fenotípica de maior grandeza dos caracteres, ou seja, a ocorrência de maiores comprimento e número de nós do ramo principal.

O número de genes que controla o CRP foi cinco e nove, nos cruzamentos TE96-282-22G x TVX5058-09C e TE96-282-22G x IT81D-1332,

respectivamente (Tabela 1). Para o NNRP, o número de genes foi 36 (TE96-282-22G x TVX5058-09C) e 19 (TE96-282-22G x IT81D-1332) (Tabela 1). Essas estimativas podem não refletir o verdadeiro valor do parâmetro, pois o método utilizado para a sua obtenção pressupõe ausência de ligação gênica, efeito igual de locos e genótipos parentais suficientemente contrastantes (CRUZ et al., 2004). Quanto ao CRP, controle genético oligogênico também foi observado em dois estudos, investigando a herança do comprimento do pedúnculo simples, desenvolvidos por ROCHA et al. (2009).

As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre o CRP e o NNRP com a produção de grãos (PG) foram altas e positivas, exceção ao valor mediano para CRP no cruzamento TE96-282-22G x TVX5058-09C (Tabela 2), indicando que esses caracteres devem ser considerados

Tabela 2 - Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre comprimento do ramo principal (CRP), número de nós do ramo principal (NNRP) e produção de grãos (PG), avaliados nas populações segregantes de feijão-caupi: F_2 (C1), F_2 (C2), $RC_{11(C1)}$, $RC_{12(C1)}$, $RC_{11(C2)}$, $RC_{13(C2)}$, resultantes dos 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	CRP (cm)	NNRP	PG (g)
CRP (cm)	-	0,982**	0,462**
NNRP	1,000**	-	0,821**
PG (g)	1,000**	1,000**	-

* e **Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

na seleção, para obtenção de cultivares com alta produtividade de grãos. No cruzamento TE96-282-22G x IT81D-1332, as correlações obtiveram valores máximos. Correlações genéticas positivas, altas e significativas do CRP e NNRP com a PG também foram obtidas por MACHADO et al. (2008), que encontraram valores de 0,68 e 0,71, respectivamente. MATOS FILHO et al. (2009) também obtiveram resultados semelhantes para as correlações genéticas entre os caracteres acima e PG, no entanto, apesar de positivas e significativas, foram estimativas mais baixas (0,23; 0,35). Contrariamente, BEZERRA et al. (2001), LOPES et al. (2001) e BENVINDO et al. (2010) obtiveram correlações baixas e não significativas entre esses caracteres e PG, variando de -0,17 a 0,02.

Com relação ao hábito de crescimento (HC) do feijão-caupi, as análises das segregações obtidas nas gerações F_2 (12), $RC_{1(122)}$ e F_2 (13), $RC_{1(133)}$, dos cruzamentos TE96-282-22G x TVX5058-09C e TE96-282-22G x IT81D-1332, respectivamente, mostraram a estimativa de χ^2 calculado não significativo ($P < 0,01$), isto é, as frequências observadas nas gerações F_2 se ajustam às frequências esperadas de 3 indeterminados : 1 determinado e nos retrocruzamento com o parental determinado, 1 indeterminado : 1 determinado (Tabela 3). Esse resultado indica que o caráter apresenta herança monogênica, havendo dominância para o hábito de crescimento indeterminado. Trabalhando com *Vigna sinensis*, BRITTINGHAM (1950) encontrou resultado semelhante. Já SINGH & JINDLA (1971) constataram a presença de três pares de genes no controle do hábito de crescimento em feijão-caupi, e sugeriram que dois desses genes são complementares.

Os resultados sobre a base genética e correlações entre os caracteres estudados neste trabalho sugerem que, apesar da herança relativamente complexa, o comprimento e o número de nós do ramo principal devem ser considerados na seleção, para obtenção de cultivares com maior produtividade de grãos. A magnitude das estimativas de variâncias aditivas e de herdabilidade indicam que há grande possibilidade de ganhos genéticos por meio da seleção fenotípica. A herança simples para o hábito de crescimento indica que sucesso na seleção e desenvolvimento de cultivares, tanto de hábito de

Tabela 3 - Padrões de segregação para o hábito de crescimento, em populações derivadas dos cruzamentos entre as linhagens de feijão-caupi TE96-282-22 G x TVX5058-09 C e TE96-282-22 G x IT81 D-1332, e estimativas do χ^2 para testar as hipóteses de segregação 3:1, nas gerações F_2 (C1) F_2 (C2), e 1:1, nas gerações $RC_{12(C1)}$ e $RC_{13(C2)}$, em Teresina, PI, 2003.

Populações	-----Hábito de crescimento-----		Total de plantas	χ^2 *
	Determinado	Indeterminado		
TE96-282-22 G (P ₁)	0	66	66	-
TVX-5058-09 C (P ₂)	67	0	67	-
F ₁ (C1)	0	37	37	-
F ₂ (C1)	77	197	274	1,41
RC ₁₁ (C1)	0	34	34	-
RC ₁₂ (C1)	41	29	70	2,06
TE96-282-22 G (P ₁)	0	66	66	-
IT81 D-1332 (P ₃)	65	0	65	-
F ₁ (C2)	0	71	71	-
F ₂ (C2)	82	178	260	5,93
RC ₁₁ (C2)	0	55	55	-
RC ₁₃ (C2)	16	18	34	0,12

* Não significativo ($P < 0,01$).

crescimento determinado quanto indeterminado, pode ser conseguido com técnicas simples de melhoramento.

CONCLUSÃO

Os efeitos aditivos e de dominância são importantes no controle do comprimento e número de nós do ramo principal, mas a variância aditiva é prevalente como componente da variância genética. O comprimento do ramo principal e o número de nós do ramo principal apresentam controle oligogênico. O hábito de crescimento apresenta herança monogênica, com dominância para o tipo indeterminado.

REFERÊNCIAS

- BENVINDO, R.N. et al. Avaliação de genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado em cultivo de sequeiro e irrigado. *Comunicata Scientiae*, v.1, n.1, p.23-28, 2010.
- BEZERRA, A.A.C. et al. Inter-relação entre caracteres de caupi de porte ereto e crescimento determinado. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.36, n.1, p.137-142, 2001. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2001000100017>>. Acesso em: 23 nov. 2011. doi:10.1590/S0100-204X2001000100017.
- BORÉM, A. *Melhoramento de plantas*. Viçosa: UFV, 1997. 547p.
- BRITTINGHAM, W.H. The inheritance of date of pod maturity, pod length, seed shape and seed size in the southern pea, *Vigna sinensis*. *Proceedings of the American Society for Horticultural Science*, v.56, p.381-388, 1950.
- CRUZ, C.D. *Programa GENES: aplicativo computacional ao melhoramento genético*. Viçosa:UFV, 2001. 390p.
- CRUZ, C.D. et al. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.
- FREIRE FILHO, F.R. Melhoramento genético. In: FREIRE FILHO F.R. et al. *Feijão caupi: avanços tecnológicos*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. p.25-104.
- FREIRE FILHO, F.R. et al. *Feijão-caupi no Brasil: produção, melhoramento genético, avanços e desafios*. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2011. 84p.
- LOPES, A.C.A. et al. Variabilidade e correlações entre caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.36, n.3, p.515-520, 2001. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2001000300016>>. Acesso em: 23 nov. 2011. doi:10.1590/S0100-204X2001000300016.
- MACHADO, C.F. et al. Identificação de genótipos de feijão-caupi quanto à precocidade, arquitetura da planta e produtividade de grãos. *Revista Ciência Agronômica*, v.39, n.1, p.114-123, 2008.
- MATOS FILHO, C.H.A. et al. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. *Ciência Rural*, v.39, n.2, p.348-354, 2009. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782009000200006>>. Acesso em: 23 nov. 2011. doi:10.1590/S0103-84782009000200006.
- RAMALHO, M.A.P. et al. *Genética quantitativa em plantas autógamas; aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, 1993. 217p.
- ROCHA, M.M. et al. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.44, n.3, p.270-275, 2009. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2009000300008>>. Acesso em: 23 nov. 2011. doi:10.1590/S0100-204X2009000300008.
- SANTOS, J.B.; VENCOVSKY, R. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.21, n.9, p.957-963, 1986.
- SINGH, K.B.; JINDLA L.N. Inheritance of bud and pod color, pod attachment and growth habit cowpeas. *Crop Science*, v.11, p.928-929, 1971.
- SOUZA, C.L.C. et al. Variability and correlations in cowpea population for green-grain production. *Crop Breeding And Applied Biotechnology*, v.7, n.3, p.262-269, 2007.
- UMAHARAN, P. et al. Genetic analysis of yield and its components in vegetable cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). *Euphytica*, v.96, n.2, p.207-213, 1997.