

Herança de Caracteres Relacionados à Arquitetura da Planta em Feijão-Caupi

Carlos Humberto Aires Matos Filho¹, Regina Lucia Ferreira Gomes², Francisco Rodrigues Freire Filho³, Maurisrael Moura Rocha³, Ângela Celis de Almeida Lopes⁴

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 [1]. No Brasil, é cultivado principalmente na região Nordeste, sendo um importante componente da dieta das populações rurais e urbanas.

A tendência atual é a intensificação do uso de alta tecnologia com operações mecanizadas em todo processo produtivo da lavoura. Desse modo, é crescente o interesse dos melhoristas em considerar a arquitetura da planta como um dos principais critérios de seleção. Segundo Freire Filho et al. [1], em feijão-caupi, a arquitetura é o resultado da interação dos caracteres: hábito de crescimento; comprimentos do hipocótilo, epicótilo, entrenós, ramos principal e secundário e pedúnculo da vagem; disposição dos ramos laterais em relação ao ramo principal; disposição dos pedúnculos das vagens em relação à copa da planta e consistência dos ramos.

Para se obter maior eficiência nos trabalhos de melhoramento é necessário que se conheça a base genética dos caracteres envolvidos na definição da arquitetura da planta. Na literatura já existem algumas informações, contudo os resultados são discordantes e não conclusivos. Para o controle genético do porte do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) foi observada a predominância da ação gênica aditiva por alguns autores, da dominância por outros e, até mesmo, a presença da epistasia [2, 3, 4]. Já na herança do hábito de crescimento, também em feijoeiro comum, os estudos realizados por diversos autores não esgotaram o assunto de forma definitiva, em todos os seus aspectos. Isso se deve, provavelmente, à sua complexidade, pois na expressão desse caráter participam uma série de outros caracteres tais como: posição axilar ou terminal da inflorescência, porte enramador ou não enramador e comprimento da haste principal [2].

Com relação ao feijão-caupi, as informações sobre a base genética dos caracteres relacionados à arquitetura da planta são escassas. Dessa forma, objetivou-se

estudar a herança do comprimento e número de nós do ramo principal e do hábito de crescimento.

Material e métodos

No estudo foram selecionadas três linhagens por serem 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 determinado e provenientes do programa de melhoramento do International Institute of Tropical Agriculture (IITA), em Ibadan, na Nigéria. Os cruzamentos $P_1 \times P_2$ e $P_1 \times P_3$, foram realizados no telado da Embrapa Meio-Norte, sendo obtidas as gerações F_1 , F_2 e os retrocruzamentos com ambos parentais, para os dois cruzamentos.

As onze populações (P_1 , P_2 , P_3 , duas F_1 's, duas F_2 's e quatro RC_1 's) foram avaliadas na área experimental da Embrapa Meio-Norte, utilizando-se o delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. Nos parentais P_1 , P_2 , P_3 , na geração F_1 ($_{13}$) e no retrocruzamento RC_1 ($_{131}$) foram usadas 20 plantas por parcela; na geração F_1 ($_{12}$) e nos retrocruzamentos RC_1 ($_{121}$) e RC_1 ($_{133}$), 10 plantas por parcela; no retrocruzamento RC_1 ($_{122}$), 15 plantas por parcela; e nas gerações F_2 , 80 plantas por parcela. 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.

O experimento foi mantido livre da concorrência de ervas por meio de capinas manuais e foi realizado controle de pragas, principalmente, cigarrinha, pulgão e tripses por meio de pulverizações manuais.

Os caracteres comprimento e número de nós do ramo principal e hábito de crescimento foram mensurados em plantas individuais, o primeiro após a maturidade da primeira vagem e os outros, na maturidade de campo.

Os estudos genéticos foram baseados em análises de médias e variâncias, estimadas em indivíduos das populações P_1 , P_2 , P_3 , F_1 's, F_2 's RC_1 's, conforme Mather & Jinks [5] e Cruz et al. [6], para os caracteres comprimento do ramo principal e número de nós do ramo principal, com o auxílio do programa Genes [7]. A herança do hábito de crescimento, que segregou para duas classes fenotípicas distintas, foi estudada empregando-se o teste de Qui-

1. Engenheiro Agrônomo, Mestre em Agronomia, Universidade Federal do Piauí, Campus Universitário Ministro Petrônio Portela, Teresina, PI, CEP 64049-550. E-mail: carumba@ig.com.br

2. Professor Associado do Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Piauí. E-mail: rlfomes@ufpi.br

3. Pesquisador da Embrapa meio-norte, Embrapa Meio Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, 64000-221 - Teresina, PI. E-mail: freire@cpamn.embrapa.br

4. Professor Adjunto do Departamento de Biologia, Universidade Federal do Piauí. E-mail: acalopes@ufpi.br

Apoio financeiro: CAPES.

quadrado (χ^2).

Resultados e discussão

O modelo genético aditivo-dominante foi suficiente para explicar a variação observada para o comprimento e o número de nós ramo principal. Nos dois cruzamentos, para ambos caracteres, os valores de R^2 foram superiores a 90% (Tabela 1).

Nos dois cruzamentos, tanto o comprimento do ramo principal quanto o número de nós do ramo principal apresentaram efeitos aditivo (a) e de dominância (d) diferentes de zero, com os efeitos de dominância associados a erros mais elevados (Tabela 1). No cruzamento TE96-282-22G x TVx5058-09C, a variância genética aditiva foi o componente mais importante da variância genética para o comprimento do ramo principal (87,22 %), e no cruzamento TE96-282-22G x IT81D-1332, para o número de nós do ramo principal (57,56%). Já a variância atribuída à dominância, no cruzamento TE96-282-22G x TVx5058-09C, correspondeu a 85,22% da variância genética, para o comprimento do ramo principal, e no cruzamento TE96-282-22G x IT81D-1332, correspondeu a 54,34% da variância genética para o número de nós do ramo principal. Isso indica que além da presença dos efeitos aditivos, ocorreram efeitos de dominância para os caracteres, resultantes das diferentes proporções de genes dominantes e recessivos nas linhagens parentais. Santos & Vencosvsky [3], 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. Ibarra [2], também com feijão-comum, concluiu que o comprimento do ramo principal é governado por genes dominantes, porém ocorre a influência de outros fatores genéticos modificadores, com ação possivelmente aditiva.

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 (51,95% e 37,07 %), para o comprimento do ramo principal, nos cruzamentos TE96-282-22G x TVx5058-09C e TE96-282-22G x IT81D-1332, respectivamente. Para esse caráter, Ibarra (1966), em feijão-comum, obteve os valores de 0,62; 0,58 e 0,50; no sentido restrito. Santos e Vencosvsky [3], também em feijão-comum, encontraram valores superiores de herdabilidade, tanto no sentido amplo quanto no restrito (88% e 77%, respectivamente). Quanto ao número de nós do ramo principal, as estimativas da herdabilidade no sentido amplo foram altas (73,91% e 72,94%), nos dois cruzamentos, superiores às obtidas por Kornegay et al. [8], com valores que variam de 17% a 60%, e inferiores à obtida por Santos e Vencosvsky [3], cuja estimativa foi de 82%. No sentido restrito, as estimativas foram de baixa e média magnitudes (10,92% e 41,97%).

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 (0,54). No cruzamento TE96-282-22G x IT81D-1332, foi observada sobredominância (1,54). Ibarra [2] também observou sobredominância para esse caráter (1,09; 1,17; 1,19), em três cruzamentos. Para o número de nós do ramo principal ocorreu sobredominância (3,40 e 1,22), nos dois cruzamentos. 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 controlam o comprimento do ramo principal foi 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, o número de genes foi 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, pois o método utilizado para a sua obtenção pressupõe ausência de ligação gênica, efeito igual de locos e genótipos parentais suficientemente contrastantes [6].

Com relação ao hábito de crescimento 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 que o χ^2 calculado é não significativo ($P < 0,01$), isto é, as frequências observadas nas gerações F_2 (197:77 e 178:82) se ajustam às frequências esperadas de 3 indeterminados:1 determinado e nos retrocruzamentos com o parental determinado (41:29 e 16:18), 1 indeterminado:1 determinado. Esse resultado indica que o caráter apresenta herança monogênica, havendo dominância para o hábito de crescimento indeterminado. Brittingham [9], trabalhando com *Vigna sinensis*, e Ibarra [2] e Kornegay et al. [8], com feijão-comum, encontraram resultados semelhantes. Já Singh e Jindla [10] 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.

Referências

- [1] FREIRE FILHO, F. R. 2005. Melhoramento genético. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. de A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.) *Feijão caupi: avanços tecnológicos*. Editora Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, p. 25-104.
- [2] IBARRA, S. A. O. 1966. *Contribuição ao estudo da herança do hábito de crescimento em Phaseolus vulgaris L.* Tese (Doutorado). Universidade de São Paulo, Piracicaba, 56p.
- [3] SANTOS, J. B. dos & VESCOVSKY, R. 1986. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, n. 21, p. 957-963.
- [4] TEIXEIRA, F. F.; Ramalho, M. A. P. & ABREU, A. F. B. 1999. Genetic control of plant architecture in the common bean (*Phaseolus vulgaris L.*). *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, n. 22, p. 577-582.

- [5] MATHER, K. & JINKS, J. L. 1984. **Introdução à genética biométrica**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 242p.
- [6] CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. 2004. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3rd ed. Editora UFV, Viçosa, 480p.
- [7] CRUZ, C. D. 2001. **Programa GENES: aplicativo computacional ao melhoramento genético**. Editora UFV, Viçosa, 390p.
- [8] KORNEGAY, J.; WHITE, J. W.; CRUZ, O. O. de la. 1992. Growth habit and gene pool effects on inheritance of yield in common bean. *Euphytica*, n. 62, p. 171-180.
- [9] BRITTINGHAM W. H. 1950. 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*, n. 56, p. 381-388.
- [11] SINGH, K. B. & JINDLA, L. N. 1971. Inheritance of bud and pod color, pod attachment and growth habit cowpeas. *Crop Science*, Madison, n. 11, p. 928-929.

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 (cm) e o número de nós do ramo principal, obtidas em dois cruzamentos de feijão-caupi. Teresina, PI, 2003.

Estimativa	Comprimento do ramo principal (cm)		Número de nós do ramo principal	
	TE96-282-22G x TVx5058-09C	TE96-282-22G x IT81D-1332	TE96-282-22G x TVx5058-09C	TE96-282-22G x IT81D-1332
Componentes de média¹				
m	88,71* (3,86) ³	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)
R ² (%)	0,93	0,98	0,97	0,98
Componentes de variância²				
$\hat{\sigma}_F^2$	3449,52	2551,66	12,63	10,79
$\hat{\sigma}_G^2$	2040,67	2072,36	9,34	7,87
$\hat{\sigma}_A^2$	1779,78	945,84	1,38	4,53
$\hat{\sigma}_D^2$	260,89	1126,52	7,96	3,34
$\hat{\sigma}_E^2$	1408,86	479,3	3,29	2,92
Herdabilidade				
h_a^2	59,16	81,22	73,91	72,94
h_r^2	51,60	37,07	10,92	41,97
Grau médio de dominância	0,54	1,54	3,40	1,22
Número de genes	5,00	9,00	36,00	19,00

¹ m: média das linhagens homocigóticas 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)