

CONTROLE GENÉTICO DO COMPRIMENTO DA VAGEM EM FEIJÃO-CAUPI

E. M. SILVA¹, R. L. F. GOMES², F. R. FREIRE FILHO³ e A. C. A. LOPES⁴

Resumo - O conhecimento dos fatores genéticos responsáveis pela produção de grãos em feijão-caupi e dos seus componentes primários é fundamental para os programas de melhoramento. Contudo, as pesquisas direcionadas para o estudo da herança da maioria dos componentes primários, ainda são escassas. Assim, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos que explicam a herança do comprimento de vagem, em feijão-caupi. Os dois genótipos parentais, Capela e IT85F-2687, e as gerações F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 foram avaliados, quanto ao comprimento da vagem, utilizando-se o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições, em Teresina, PI, de agosto a novembro de 2002. Foram estimadas as variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, devido à dominância e ambiental; herdabilidades no sentido amplo e restrito; número de genes e grau médio de dominância. A maior parte da variação observada para o caráter avaliado foi de natureza genética, sendo que a variância aditiva correspondeu a 96,33% do valor estimado. As estimativas de h^2_a e h^2_r foram 73,30 e 70,63%, respectivamente. O modelo aditivo-dominante é suficiente para explicar a variância obtida para o comprimento da vagem. A predominância dos efeitos gênicos aditivos possibilita a seleção de genótipos superiores para o comprimento da vagem, em populações derivadas de F_2 , no cruzamento estudado.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, herança genética, herdabilidade.

GENETIC CONTROL OF POD LENGTH IN COWPEA

Abstract – The knowledge about the genetic factors responsible for the inheritance of the grain yield in cowpea is essential for breeding programs. However, information about the study of inheritance of most of the yield components is insufficient. The objective of this work was to estimate genetic parameters to understand the inheritance of pod length in cowpea. The parents, Capela and IT85F-2687, and the generations F_1 , F_2 , RC_1 and RC_2 were evaluated in a completely randomized block-design with four replications, in Teresina, PI, from August to November, 2002. The genetic parameters estimated were: phenotypic, total genetic variance, additive and dominance genetic components of variance, and the variance attributed to the environment; heritability both in the broad and narrow sense; the number of genes and average degree of dominance. The largest part of the observed variation for the pod length is genetic in nature, and the additive variance corresponded to 96,33% of the estimated value. The estimated values for heritability in the broad (h^2_a) and narrow sense (h^2_r) were 73,30 and 70,63%, respectively. The additive-dominance model is sufficient to explain the variance obtained for the length of the bean. The additive genetic effects are predominant, so it is possible to obtain superior genotypes by selecting from F_2 -derived populations, for the pod length in cowpea, in this cross.

Keywords: *Vigna unguiculata*, inheritance, heritability

¹Bolsista PIBIC/CNPq, Universidade Federal do Piauí (UFPI), Centro de Ciências Agrárias (CCA), Campus Agrícola da Socopo, CEP: 64.049-550, Teresina, PI.

²Departamento de Fitotecnia, CCA, UFPI, Teresina, PI. E-mail: rlfgomes@ufpi.br

³Embrapa Meio-Norte. Av. Duque de Caxias, 5650, B. Buenos Aires, Teresina, PI. E-mail: freire@cpamn.embrapa.br

⁴Departamento de Biologia, CCN, UFPI, Teresina, PI. E-mail: acalopes@ufpi.br

Introdução

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.], leguminosa comestível dotada de altos conteúdos protéicos, é importante no contexto sócio-econômico, tendo em vista a geração de emprego e renda para as populações das regiões Norte e Nordeste do Brasil.

Devido à existência de fatores que interferem na produção do feijão-caupi, Barriga & Oliveira (1982) observaram que o rendimento de grãos pode não ser o melhor critério para a seleção de cultivares superiores e sugeriram que a seleção seja feita também em função de outros componentes de produção. Esses componentes, assim como a maioria dos caracteres quantitativos de importância econômica pesquisados por geneticistas e melhoristas de plantas, possuem o estudo dificultado pelo grande número de genes envolvidos e o pronunciado efeito do ambiente.

O conhecimento dos fatores genéticos responsáveis pela herança da produção de grãos em feijão-caupi e dos seus componentes primários é fundamental para os programas de melhoramento, pois podem contribuir na definição do método de melhoramento mais eficiente a ser utilizado. Contudo, apesar da importância desse conhecimento, as pesquisas direcionadas para o estudo da herança da maioria dos componentes primários, ainda são escassas. Assim, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos que determinam a herança do comprimento da vagem, em feijão-caupi, como subsídio para trabalhos de melhoramento.

Material e Métodos

Os dois genótipos de feijão-caupi utilizados nos cruzamentos foram: Capela (P_1) e IT85F-2687 (P_2), provenientes do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, selecionados por serem contrastantes quanto ao comprimento de vagem.

Os cruzamentos foram realizados no telado da Embrapa Meio-Norte, para obtenção da geração F_1 e das gerações segregantes F_2 , RC_1 , RC_2 .

Os genótipos parentais e as gerações F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 foram avaliadas na área experimental do Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, no município de Teresina, PI, no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. A parcela constou de uma fileira para as populações P_1 , P_2 , F_1 , RC_1 e RC_2 ; e seis fileiras para a geração F_2 , sendo cada fileira de 9 m de comprimento.

O comprimento da vagem foi avaliado em todas as plantas das populações, escolhendo-se, ao acaso, uma vagem seca por planta.

Os estudos genéticos baseados em médias e variâncias, obtidas em indivíduos das populações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 e RC 's, foram realizados segundo Cruz & Regazzi (1994), com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2001).

Resultados e Discussão

As médias do comprimento da vagem, estimadas nos genótipos Capela e IT85F-2687, mostram contraste significativo entre os parentais (Tabela 1). Tal fato é imprescindível para se obter maior precisão nas análises genéticas, segundo Cruz e Regazzi (1994). As médias das gerações F_1 e F_2 são semelhantes e aproximadamente intermediárias à média dos parentais, demonstrando que o tipo de interação alélica predominante entre os genes que condicionam a variabilidade do caráter, é aditiva.

Tabela 1. Número de plantas, média (\hat{m}) variância ($\hat{\sigma}^2$) e variância da média [$\hat{v}(\hat{\mu})$] do comprimento da vagem, avaliado em feijão-caupi, nas populações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂, do cruzamento Capela x IT85F-2687, em Teresina, PI, 2002.

Populações	N.º de plantas	Comprimento da vagem (cm)		
		\hat{m}	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{\mu})$
P ₁ (Capela)	18	23,71	1,19	0,07
P ₂ (IT85F-2687)	25	14,93	0,78	0,03
F ₁	21	21,98	0,85	0,04
F ₂	143	22,99	3,53	0,02
RC ₁	28	23,41	1,78	0,06
RC ₂	16	21,13	2,79	0,17

As estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, devido à dominância e de ambiente, mostram que a contribuição dos genes de efeito aditivo em relação aos de dominância, para o comprimento da vagem do feijão-caupi, foi expressiva, caracterizando interação alélica aditiva (Tabela 2). A maior parte da variação observada para o caráter avaliado foi de natureza genética e a variância aditiva foi o componente genético mais importante presente nesta variação, correspondendo a 96,33% do valor predito. Esse resultado é de fundamental importância para os programas de melhoramento. Quando há predominância da interação alélica aditiva, a seleção é facilitada, porque indivíduos superiores produzirão uma descendência também superior. Resultados semelhantes foram encontrados por Umaharam et al. (1997).

Tabela 2. Estimativas de 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 controla o caráter comprimento da vagem (cm), avaliado na geração F₂ do cruzamento dos genótipos de feijão-caupi Capela x IT85F-2687, Teresina, PI, 2002.

Estimativas	Comprimento da vagem (cm)
Variância fenotípica	3,54
Variância genotípica	2,59
Variância aditiva	2,49
Variância devido à dominância	0,09
Variância de ambiente	0,94
Herdabilidade no sentido amplo (%)	73,30
Herdabilidade no sentido restrito (%)	70,63
Grau médio de dominância	0,27
Número de genes	7,56

As herdabilidades no sentido amplo e restrito apresentaram valores de 73,30% e 70,63%, respectivamente (Tabela 2). O valor de h^2_a é considerado alto e semelhante aos encontrados por Singh e Mehndiratta (1969), Umaharam et al. (1997) e Lopes et al. (2001), e superior aos encontrados por Aryeetey e Laing (1973). Valores altos de herdabilidade refletem a presença do componente genético da variação fenotípica na expressão dos caracteres, havendo grande possibilidade dos mesmos serem melhorados através de seleção (Rocha et al., 2003).

O grau médio de dominância estimado foi de 0,28, o que sugere a existência de dominância parcial para o comprimento da vagem (Tabela 2). Tal valor expressa que o caráter é controlado por genes cuja predominância é de interação aditiva, embora possa ocorrer também alguma dominância. Teófilo et al. (1984) e Aryeetey e Laing (1973) também relataram dominância parcial para o comprimento da vagem.

O número de genes estimados na herança do caráter avaliado foi de 7,56 (Tabela 2). Bhowal (1976) e Aryeetey e Laing (1973), estimaram 6 e 0,44 pares de genes, respectivamente. Segundo Ramalho et al. (2000), quando existe um número muito grande de genes envolvidos no controle de um caráter, os trabalhos de seleção são dificultados, pois a segregação na F_2 tende para uma distribuição contínua.

Tendo em vista que no modelo completo apenas as médias e o efeito gênico aditivo foram significativos, adotou-se o modelo aditivo dominante (Tabela 3). Segundo Cruz e Regazzi (1994), esse modelo além de mais simples, tem sido rotineiramente utilizado no melhoramento por fornecer valiosas informações para o êxito de programas de melhoramento. Verifica-se que todos os componentes genéticos do modelo foram significativos na expressão do caráter. A retirada dos efeitos epistáticos reduziu as variâncias de todos os efeitos do modelo aditivo-dominante, o que mostra maior precisão nas estimativas dos parâmetros.

Tabela 3. Teste de significância da hipótese de nulidade dos parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias de seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) de feijão-caupi, do caráter comprimento da vagem (cm), no cruzamento Capela x IT85F-2687, Teresina, PI, 2002.

Parâmetro ¹	Comprimento da vagem (cm)		
	Estimativa	Variância	"t"
m	19,98	0,019	144,11*
a	4,45	0,020	30,89*
d	3,22	0,063	12,84*

¹ m = média dos genótipos homozigóticos derivados de F_2 ; a = medida do efeito gênico aditivo; d = medida dos desvios da dominância.

* Significativo ($P < 0,05$).

A avaliação da adequação do modelo aditivo-dominante foi feita pela correlação entre as médias observadas e as médias estimadas. Esse modelo possibilitou a obtenção de médias previstas que se correlacionaram com as médias observadas em magnitude de 0,93, o que equivale a uma determinação de 86,83%, indicando que o modelo foi satisfatório para explicar a variabilidade existente para o caráter comprimento da vagem.

A decomposição não-ortogonal da soma dos quadrados dos parâmetros avaliados mostrou que o modelo genético aditivo-dominante é suficiente para explicar o comportamento das médias das gerações e que a variabilidade genética presente em F_2 foi devida, principalmente, aos efeitos gênicos aditivos, uma vez que os desvios devido à dominância pouco contribuíram. Segundo Cruz e Regazzi (1994), esse resultado evidencia que há possibilidade de obtenção de genótipos homozigóticos superiores a partir de seleção nas populações derivadas de F_2 e que os ganhos nos ciclos de seleção serão satisfatórios, uma vez que o componente de natureza aditiva é um dos mais importantes.

Referências

ARYEETAY, A. N.; LAING, E. Inheritance of yield components and their correlation with yield in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). *Euphytica*, n.22, p.386-393, 1973.

BARRIGA, R. H. M. P.; OLIVEIRA, A. F. F. **Variabilidade genética e correlações entre o rendimento e seus componentes em caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) na região amazônica.** Belém: EMBRAPA-CPATU, 1982. (EMBRAPA-CPATU. Boletim de Pesquisa, 38).

- BHOWAL, J. G. Inheritance of pod length, pod breadth and seed size in a cross between cowpea and catjang bean. **The Libyan Journal of Science**, n. 6A, p. 17-21, 1976.
- CRUZ C. D.; REGAZZI, A J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 309p.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES**: aplicativo computacional ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2001. 390p.
- LOPES, A. C. de. A.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA, R. B. Q. da.; CAMPOS, F. L. C.; ROCHA, M. de. M. Variabilidade e correlações entre caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 36, n. 3, p. 515-520, 2001.
- RAMALHO, M. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. Genética Quantitativa. In: **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 2000. p. 255-289.
- ROCHA, M. M. ; CAMPELO, J. E. G.; FREIRA FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; LOPES, A. C. de.; Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de caupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural**, v. 8, n. 1, p. 135-141, 2003.
- SINGH, K. B.; MEHNDIRATTA, P. D. Genetic variability and correlation studies in cowpea. **Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**,. v.29, n.1, p.104-109, mar. 1969.
- TEÓFILO, E. M.; SILVA, F. P. da.; ALVES, J. F.; PAIVA, J. B.; SANTOS, J. H. R. Análise genética de um cruzamento dialélico em feijão-de-corda, (*Vigna sinensis* (L.) SAVI.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v.19, n.7, p.849-857, jul. 1984.
- UMAHARAN, P.; ARIYANAYAGAM, R. P.; HAUQE, S. Q. Genetic nature of some pod quality characteristics in vegetable cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Tropical Agricultura**, v.74, n.4, p.277-284, oct. 1997.