

Potencial de Populações Segregantes de Feijoeiro Oriundas de Cruzamentos *intra* e *inter* Conjuntos Gênicos.

Jerônimo Constantino Borel¹; Magno Antonio Patto Ramalho² e Ângela de Fátima Barbosa Abreu³

Resumo

Esse trabalho teve como objetivo comparar o potencial de populações segregantes de feijoeiro oriundas do cruzamento de genitores de mesmo conjunto gênico e de conjuntos gênicos diferentes por meio de estimativas de alguns parâmetros genéticos e fenotípicos. Foram utilizadas quatro linhagens adaptadas às condições de cultivo brasileiras, sendo duas pertencentes ao conjunto gênico Andino (ESAL 686 e BRS Radiante) e duas do conjunto gênico Mesoamericano (BRSMG Majestoso e BRS Valente). Quatro populações F_2 foram obtidas: A- ESAL 686 × BRS Radiante; B- BRS Valente × BRSMG Majestoso; C- BRS Radiante × BRSMG Majestoso e D- ESAL 686 × BRS Valente. Para cada população foram obtidas 55 progênies $F_{2,3}$ que foram avaliadas na safra das águas 2010/2011, e posteriormente ($F_{2,4}$) na safra da seca de 2011, juntamente com os genitores e a cultivar Pérola. O caráter avaliado foi à produtividade de grãos (kg ha⁻¹). A partir da análise conjunta, foram obtidas as estimativas da variância genética, herdabilidade na média de progênies, herdabilidade realizada e ganho esperado com a seleção. Constatou-se que os cruzamentos entre linhagens de mesmo conjunto gênico (A e B) apresentaram menor variabilidade genética quando comparados aos cruzamentos de linhagens de conjuntos gênicos diferentes (C e D), entretanto apresentaram maior produtividade de grãos e maior porcentagem de progênies superiores. Os resultados nos permitem inferir que populações segregantes oriundas de cruzamentos de linhagens de mesmo conjunto gênico apresentam maior potencial do que populações oriundas de linhagens de conjuntos gênicos diferentes quando o objetivo é melhorar a produtividade de grãos.

Introdução

O sucesso dos programas de seleção de linhagens superiores é dependente da obtenção de populações segregantes que associem alta produtividade de grãos e maior variabilidade genética possível. Para que essa condição seja alcançada é necessário que sejam cruzados genitores bem adaptados e geneticamente divergentes (Bernardo 2010). O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) é originário das Américas e o processo de domesticação da espécie ocorreu em duas regiões distintas, a região Andina e a Mesoamericana, o qual resultou em dois conjuntos gênicos (*pools* gênicos) diferentes. Os feijões dessas duas regiões apresentam diferenças para vários caracteres como tamanho dos grãos, tipo de faseolina (proteína de reserva) reação a patógenos, duração do ciclo, dentre outras. No Brasil existem linhagens bem adaptadas pertencentes aos dois conjuntos gênicos. Muitos pesquisadores afirmam que cruzamentos entre linhagens de conjuntos gênicos diferentes são mais vantajosos. Entretanto, vários cruzamentos entre linhagens do conjunto gênico Andino e Mesoamericano apresentam incompatibilidade (Singh e Gutiérrez 1984), ou quando o cruzamento é viável, tem sido observado que a população segregante apresenta baixa produtividade de grãos e diversas anormalidades (Bruzi et al. 2007; Johnson e Gepts 2002). Alguns trabalhos têm sido feitos visando comparar o potencial de populações segregantes oriundas de cruzamentos *intra* e *inter* conjuntos gênicos. Porém, quase sempre utilizando como genitores linhagens exóticas, pouco adaptadas às condições brasileiras. Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo comparar populações segregantes de feijoeiro obtidas a partir do cruzamento de linhagens adaptadas de mesmo conjunto gênico e de conjuntos gênicos diferentes por meio de alguns parâmetros genéticos e fenotípicos.

Material e Métodos

O trabalho foi conduzido na fazenda experimental da Universidade Federal de Lavras, no município de Lavras, MG. O solo é classificado como latossolo vermelho-amarelo distrófico. O local apresenta altitude de 910 m, latitude de 21°14'S e longitude de 45°00'W, o clima é considerado como tropical de altitude (Cwb) segundo a classificação climática de Köppen.

¹ Professor Adjunto do Colegiado de Engenharia Agrônoma da Universidade Federal do Vale do São Francisco - Univasf (Petrolina-PE). e-mail: jeronimo.borel@univasf.edu.br.

² Professor Titular do Departamento de Biologia da UFLA. e-mail: magnoapr@dbi.ufla.br.

³ Pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão/UFLA. e-mail: afbabreu@dbi.ufla.br.

Foram utilizadas quatro linhagens elite de feijoeiro adaptadas as condições de cultivo brasileiras, sendo duas cultivares pertencentes ao conjunto gênico Andino: ESAL 686 e BRS Radiante (raça Nova granada); e duas cultivares pertencentes ao conjunto gênico Mesoamericano: BRS Valente e BRSMG Majestoso (raça Mesoamérica). Foram obtidas quatro populações segregantes, duas envolvendo genitores de mesmo conjunto gênico: “A” (ESAL 686 × BRS Radiante) e “B” (BRS Valente × BRSMG Majestoso) e duas envolvendo genitores de conjuntos gênicos diferentes: “C” (BRSMG Majestoso × BRS Radiante) e “D” (ESAL 686 × BRS Valente). De cada população F_2 foram obtidas 55 progênies $F_{2,3}$. Essas progênies foram avaliadas na safra das águas 2010/2011, com semeadura em Novembro juntamente com os quatro genitores e a cultivar Pérola. O delineamento experimental utilizado foi o látice simples 15×15 , e as parcelas foram constituídas por uma linha de dois metros, com densidade de 15 sementes por metro linear e espaçamento entre linhas de 0,6m. As progênies $F_{2,4}$ foram novamente avaliadas na safra da seca de 2011, com semeadura em Fevereiro, utilizando o látice triplo 15×15 e a parcela experimental foi de duas linhas de dois metros, com mesma densidade de plantas e espaçamento. Os tratos culturais foram utilizados conforme recomendação para a cultura do feijoeiro na região. A adubação de semeadura foi feita utilizando-se 300 kg ha^{-1} do fertilizante 8-28-16 de N, P_2O_5 , e K_2O , respectivamente. Foi feita uma adubação de cobertura aos 25 dias após o plantio com 50 kg ha^{-1} de Uréia. Na safra da seca, sempre que necessário, foi feita irrigação por aspersão no experimento.

O caráter avaliado foi a produtividade de grãos ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$). Os dados foram inicialmente submetidos à análise de variância individual e posteriormente à análise conjunta, conforme. Apartir da análise conjunta foram estimados, para cada população, a variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), herdabilidade na média de progênies (\hat{h}^2), herdabilidade realizada (\hat{h}_R^2) e o ganho esperado com a seleção (GS), considerando a seleção das 10 progênies mais produtivas (Borel et al. 2013). As médias de produtividade das quatro populações e das testemunhas foram comparadas em cada geração (safra) e na análise conjunta. Comparou-se também a média de cada progênie, em relação à média de seus genitores, buscando identificar progênies superiores, ou seja, com desempenho igual ou superior ao das linhagens que lhe deram origem. Em ambos os casos foi utilizado o teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. As análises foram realizadas conforme descrito por Ramalho et al. (2005), utilizando-se os softwares SAS® (SAS Institute, NC) e Genes (Cruz 2006).

Resultados e Discussão

Todas as populações segregantes apresentaram variabilidade genética para produtividade de grãos (Tabela 1). As populações C e D, oriundas de cruzamentos de linhagens de conjuntos gênicos diferentes, foram as que apresentaram maiores estimativas de variância genética. Os limites inferiores dos intervalos de confiança foram positivos, indicando que as estimativas diferem de zero. A mesma tendência foi constatada para as estimativas de herdabilidade na média de progênies (Tabela 1). Outro parâmetro que realça a existência de variabilidade genética é a herdabilidade realizada, ou seja, a herdabilidade que realmente ocorreu. As populações C e D novamente apresentaram estimativas superiores as populações A e B. De modo geral as estimativas de herdabilidade realizada tendem a ser inferiores às estimativas de h^2 na média de progênies. Nesse caso a exceção ocorreu na população B. Isso se deve à influência da interação genótipos x ambientes. Embora a interação nesse caso tenha sido significativa (dados não apresentados), não houve mudanças significativas no ranking das progênies e populações (Tabela 2). Isso indica que a interação neste caso deve ser do tipo simples (Ramalho et al. 2012). As estimativas do ganho esperado com a seleção também indicam que as populações C e D apresentam maior variabilidade. As estimativas dessas populações também apresentaram erro associado de menor magnitude quando comparado as estimativas das populações A e B (Tabela 2).

Tabela 1 Estimativas da variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), herdabilidade na média de progênies (\hat{h}^2), herdabilidade realizada (\hat{h}_R^2) e ganho esperado com a seleção (GS) para o caráter produtividade de grãos em quatro populações de feijoeiro.

População	Parâmetros			
	$\hat{\sigma}_G^2$	\hat{h}^2	\hat{h}_R^2	GS (kg ha ⁻¹)
A	26511,41	0,41	0,31	151,25 (100,22) ²
B	1103,71	0,01	0,19	5,04 (177,13)
C	82292,78	0,60	0,38	322,67 (118,80)
D	46558,43	0,46	0,38	212,36 (119,11)

¹Intervalo de confiança com 95% de probabilidade.

²Erro associado à estimativa de GS.

Tabela 2 Médias de produtividade de grãos (kg.ha⁻¹) de quatro populações segregantes de feijoeiro nas gerações F_{2,3}, F_{2,4} e na análise conjunta.

Geração	População	Produtividade de grãos (kg ha ⁻¹)	% de progênies superiores na população*
F _{2,3}	A	1983 a ¹	100.00
	B	2237 a	56.36
	C	1486 b	43.64
	D	1156 b	23.64
	Testemunhas	2560 a	-
F _{2,4}	A	1804 a	56.36
	B	1955 a	47.27
	C	1309 b	5.45
	D	1250b	43.64
	Testemunhas	2092 a	-
Conjunta	A	1894 a	50.91
	B	2096 a	33.37
	C	1398 b	5.46
	D	1203 b	1.82
	Testemunhas	2326 a	-

¹Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5%.

*Progênies cuja produtividade não difere estatisticamente da produtividade seus genitores pelo teste de Scott-Knott a 5%.

A existência de variabilidade genética é condição essencial para que os melhoristas possam realizar a seleção (Bernardo 2010). No melhoramento do feijoeiro tem sido apregoado que devem ser cruzadas linhagens de conjuntos gênicos diferentes com o objetivo de ampliar a base genética das populações (Singh 2001). Entretanto, no caso do feijoeiro essa estratégia requer alguns cuidados. Em primeiro lugar, devido à incompatibilidade entre algumas linhagens de origem Andina e Mesoamericana (Singh e Gutierrez 1984). Em segundo lugar porque vários trabalhos indicam que populações segregantes oriundas de conjuntos gênicos diferentes tendem a apresentar pior desempenho quando comparados aos genitores e populações de mesmo conjunto genético (Abreu et al. 1999; Bruzi et al. 2007; Johnson e Gepts 2002; Borel et al. 2013). N e s s e

estudo, a produtividade de grãos variou entre gerações (safras) e entre populações (Tabela 2). Mas em geral as populações C e D apresentaram pior desempenho quando comparadas às testemunhas e às populações A e B. Observa-se que embora as populações C e D tenham apresentado maiores estimativas de variância genética, herdabilidade e ganho com a seleção a média de produtividade de grãos foi inferior à média das populações A e B e das testemunhas (Tabela 2).

No caso do feijoeiro, grande parte da variação tem sido observada entre os conjuntos gênicos Andino e Mesoamericano (Kwak e Gepts 2009). Porém, esta variabilidade não tem proporcionado a obtenção de populações segregantes superiores. Este fato pode ser visualizado nesse estudo pela porcentagem de progênies superiores nas populações, ou seja, a porcentagem de progênies que apresentaram produtividade estatisticamente igual aos seus genitores. Observa-se que as populações A e B apresentaram maior porcentagem de progênies superiores que as populações C e D. Os resultados evidenciam a dificuldade em obter progênies superiores a partir de cruzamentos entre genitores de conjuntos gênicos diferentes que superem, em produtividade, as melhores progênies advindas do cruzamento entre genitores de mesmo conjunto gênico, mesmo utilizando como genitores cultivares altamente adaptadas às condições brasileiras. Pode-se concluir que embora os cruzamentos de linhagens de conjuntos gênicos diferentes, dêem origem à populações segregantes com maior variabilidade genética, esta por sua vez, vêm associada a uma queda de desempenho. Portanto a estratégia de cruzar genitores com base apenas na divergência genética observada entre linhagens de conjuntos gênicos diferentes parece não ser uma boa estratégia visando aumentar a produtividade de grãos.

Agradecimento

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq, pela concessão da bolsa de estudos ao primeiro autor e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Pernambuco - FACEPE pelo auxílio financeiro.

Referências

- Abreu AFB, Ramalho MAP e Ferreira DF (1999) Selection potential for seed yield from intra- and inter-racial populations in common bean. **Euphytica** 108: 121-127.
- Bernardo R (2010) **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Stemma Press, Woodbury, 400p.
- Borel JC, Ramalho, MAP, Carvalho, VRF and Abreu, AFB (2013) Genetic and phenotypic parameters in common bean segregant populations from intra and inter gene pool crosses of elite lines. **Euphytica** (DOI: 10.1007/s10681-013-0907-1).
- Bruzi AT, Ramalho MAP and Abreu AFB (2007) Desempenho de famílias do cruzamento entre feijões andinos e mesoamericanos em produtividade e resistência a *Phaeoisariopsis griseola*. **Ciência e Agrotecnologia** 31: 650-655.
- Cruz CD (2006) **Programa Genes**: Biometria. Editora UFV, Viçosa - MG, 382p.
- Johnson WC and Gepts P (2002) The role of epistasis in controlling seed yield and other agronomic traits in an Andean x Mesoamerican cross of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Euphytica** 125: 69-79.
- Kwak M and Gepts P (2009) Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). **Theoretical and Applied Genetics** 118: 979-992.
- Ramalho MAP, Abreu, AFB, Santos, JB and Nunes JAR (2012) **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Editora UFLA, Lavras - MG, 522p.
- Ramalho MAP, Ferreira DF, Oliveira AC (2005) **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. 2. ed. Editora UFLA, Lavras - MG, 322p.
- Singh SP (2001) Broadening the genetic base of common beans cultivars: A review. **Crop Science** 41:1659-1675.
- Singh SP and Gutierrez JA (1984) Geographical distribution of the DL1 and DL2 genes causing hybrid dwarfism in *Phaseolus vulgaris* L., their association with seed size, and their significance to breeding. **Euphytica** 33: 337-345.