



CORRELAÇÃO GENÉTICA E ANÁLISE DE TRILHA DE ACESSOS DE FEIJÃO COMUM AVALIADOS NA REGIÃO DO ARENITO CAIUÁ

Julio Augusto (PIBIC/CNPq/Uem), Juliana Parisotto Poletine (Orientador),
e-mail: julio.augusto17@gmail.com

Universidade Estadual de Maringá / Centro de Ciências Agrárias

Ciências Agrárias - Agronomia

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., caracteres agrônômicos, coeficiente de correlação, produtividade de grãos.

Resumo

Objetivou-se caracterizar e quantificar a variabilidade genética existente no germoplasma de acessos tradicionais de feijoeiro, com análise de trilha e correlações. Quarenta acessos foram avaliados, para as principais características morfoagronômicas. Realizou-se a análise de trilha e foram estimadas as correlações genéticas. Os resultados obtidos apontaram que as magnitudes das correlações genotípicas mostraram-se superiores às correlações fenotípicas para a maioria dos caracteres.

Introdução

O feijão comum é um dos alimentos mais importantes na dieta de muitos países em desenvolvimento. Com base em estimativas de correlação, é possível praticar a seleção indireta de caracteres de importância, em função da resposta correlacionada e conduzir ao progresso mais rápido, quando comparado à seleção direta para o caráter desejado. Tais correlações não determinam a importância relativa das influências diretas e indiretas de outros caracteres com a produção, porque a relação de causa e efeito entre eles pode ser determinada por análise de trilha, permitindo a partição de coeficientes de correlações em efeitos diretos e indiretos (Cruz et al., 2012). Objetivou-se estimar correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre caracteres agrônômicos e de importância agrônômica para a cultura e avaliação de efeitos diretos e indiretos entre as variáveis analisadas com a produtividade de grãos, via análise de trilha.





Material e métodos

O experimento foi conduzido no Campus Regional de Umuarama – Universidade Estadual de Maringá, avaliando-se 40 acessos tradicionais de feijoeiro comum, do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Phaseolus* da Unemat, *Campus* de Cáceres. Os tratamentos foram dispostos em delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. Avaliou-se: número de dias para o florescimento; altura da inserção primeira vagem; altura final das plantas; comprimento longitudinal das vagens; número de vagens por planta; número de sementes por vagem; número de sementes por planta; peso de grãos; ciclo; produtividade de grãos e peso hectolitro. Empregou-se o método de Estimadores de Correlação Simples, realizado pelo teste t, para determinar a correlação fenotípica, e o método de *bootstrap* com 1000 simulações para determinar o coeficiente de correlação genética e ambiental. Para a análise dos efeitos diretos e indiretos sobre a produtividade de grãos, realizou-se as análises de trilha pelo programa Computacional Genes (Cruz, 2013).

Resultados e Discussão

Observando-se os dados constantes na Tabela 1, verifica-se que a variável produtividade de grãos (PROD) pode ser explicada pelos efeitos dos caracteres analisados e que as variáveis peso de 1000 grãos (PMG) e número médio de sementes por planta (NMSP) foram as que apresentaram os maiores efeitos favoráveis, permitindo assim a sua utilização na seleção direta ou indireta para a produção de grãos.

Tabela 1. Efeitos diretos e indiretos de variáveis primárias sobre a variável básica (PROD) em 40 acessos tradicionais de feijão comum (Umuarama, PR, 2015).

Caracteres	Efeitos Diretos	Efeitos Indiretos									
		FLORESC	ALTIN	ALTPL	CLMV	NTVP	NMSV	NMSP	PMG	CICLO	PHEC
----- Produtividade de Grãos -----											
FLORESC	-0.1045		-0.0437	-0.0326	-0.0340	-0.0498	0.0008	0.0277	-0.0670	0.1294	0.0069
ALTIN	-0.1171	-0.0390		0.02410	-0.0376	-0.0888	-0.0008	-0.1606	0.0134	0.1097	-0.0152
ALTPL	-0.1283	-0.0265	-0.0220		-0.0345	-0.0195	0.0003	-0.0054	0.0552	0.0455	0.0099
CLMV	0.1302	0.0270	0.0338	0.034		0.0722	0.0016	0.0826	-0.0266	-0.1035	0.0091





NTVP	0.1517	0.0343	0.0686	0.016	0.062		0.0011	0.2979	-0.1880	-0.1330	0.0049
NMSV	0.0062	-0.0140	0.0158	-0.0072	0.0342	0.0283		0.1625	-0.1423	-0.0477	0.0242
NMSP	0.4086	-0.0071	0.0460	0.0017	0.0263	0.1106	0.0024		-0.2742	-0.0745	0.0237
PMG	0.4714	0.0148	-0.0033	0,01500	-0.0073	-0.0605	-0.0018	-0.2377		0.0543	0.0193
CICLO	0.2145	-0.0630	-0.0599	-0.0272	-0.0628	-0.0941	-0.0013	-0.1419	0.1195		-0.0097
PHEC	0.1003	-0.0072	0.0178	-0.0127	0.0119	0.0074	0.0151	0.0966	0.0907	-0.0208	
Efeito Total		-0.1668	-0.1668	-0.1254	0.2609	0.3161	0.0603	0.2637	0.2341	-0.1262	0.2855

Coefficiente de Efeito Residual (r_e) 0,7888
 Determinação ($R^2_{0,3777}$)

^{1/} FLORESC = número de dias para o florescimento; ALTIN = altura média de inserção da primeira vagem; ALTL = altura média final de planta; CLMV = comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP = número médio de vagens por planta; NMSV = número médio de sementes por vagem; NMSP = número médio de sementes por planta; PMG = peso médio de grãos; CICLO = número de dias da sementeira até o período final da cultura; PROD = produtividade de grão; PHEC = peso de hectolitro.

De acordo com a Tabela 2, dentre as 55 correlações ambientais, 60% foram significativas a 1 ou 5% de significância pelo método de *Bootstrap* com 1000 simulações. Observou-se que as correlações ambientais apresentaram diferença de magnitude e de sinal, em relação às correlações fenotípicas e genotípicas. A diferença de sinal e magnitude das correlações ambientais indica que o ambiente pode interferir na seleção direta.

Tabela 2 - Estimativas de coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_E) entre os onze caracteres avaliados em 40 acessos tradicionais de feijoeiros (Umuarama, 2015)

CARACT ¹	R	ALTPL	ALTIN	NMVP	CMLV	NMSV	NMSP	PMG	CICLO	PROD	PHEC
FLORESC	r_F	0,254	0.373*	-0.328*	-0.261	0.134	0.068	-0.142	0.603**	-0.167	0.070
	r_G	0,263	0.417**	-0.341*	-0.305	0.161	0.076	-0.140	0.619**	-0.174	0.074
	r_E	0,059	-0.093	0.003	0.007	-0.090	-0.240*	-0.199*	0.001	0.042	-0.026
ALTPL	r_F		0.188	-0.129	-0.266*	0.056	-0.013	0.117	0.212	-0.125	0.099
	r_G		0.183	-0.128	-0.292	0.065	-0.014	0.118	0.215	-0.122	0.110
	r_E		0.284**	-0.152	-0.146	-0.011	0.000	0.100	0.168	-0.231*	-0.131
ALTIN	r_F			-0.586**	-0.289*	-0.136	-0.393*	0.028	0.511**	-0.360*	-0.152
	r_G			-0.646**	-0.355*	-0.187	-0.424**	0.023	0.551**	-0.391*	-0.175
	r_E			-0.131	0.018	0.149	-0.009	0.127	-0.065	0.014	0.103
NMVP	r_F				0.476**	0.187	0.729**	-0.399*	-0.620**	0.316*	0.049
	r_G				0.529**	0.204	0.741**	-0.409**	-0.631**	0.321*	0.050
	r_E				0.208*	0.066	0.136	-0.041	-0.026	0.127	0.026
CLMV	r_F					0.263	0.202	-0.056	-0.483**	0.261*	0.091
	r_G					0.261	0.226	-0.074	-0.543**	0.306*	0.095
	r_E					0.275**	0.091	0.094	-0.134	-0.069	0.097
NMSV	r_F						0.398*	-0.303*	-0.221	0.060	0.242
	r_G						0.444**	-0.346*	-0.246	0.060	0.265
	r_E						-0.057	0.095	0.027	0.107	0.088
NMSP	r_F							-0.582**	-0.347*	0.264	0.226





	r_G	-0.597 ⁺⁺	-0.350 ⁺	0.266	0.246
	r_E	0.180	0.029	0.118	-0.119
PMG	r_F		0.253	0.234	0.192
	r_G		0.256	0.240	0.201
	r_E		0.118	0.017	-0.040
CICLO	r_F			-0.126	-0.097
	r_G			-0.130	-0.100
	r_E			0.200 ⁺	0.016
PROD	r_F				0.285 ⁺
	r_G				0.286 ⁺
	r_E				0.272 ⁺

⁺⁺ FLORESC = n° de dias para o florescimento; ALTIN = altura média de inserção primeira vagem; ALTL = altura média final de planta; CLMV = comprimento longitudinal médio das vagens; NMVP = n° médio de vagens por planta; NMSV = n° médio de sementes por vagem; NMSP = n° médio de sementes por planta; PMG = peso médio de grãos; CICLO = n° dias da semeadura até o período final da cultura; PROD = produtividade de grão; PHEC = peso de hectolitro.

Os resultados obtidos sugerem que os acessos estudados poderão ser utilizados em futuros trabalhos de melhoramento genético, nos quais se pode explorar a variabilidade encontrada entre os acessos de feijoeiro comum analisados.

Conclusões

As magnitudes das correlações genóticas foram superiores às fenotípicas para a maioria dos caracteres analisados, apresentando maior importância do componente genotípico que do componente de ambiente para expressão dos caracteres.

Agradecimentos

Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica - PIBIC/CNPq-FA-UEM.

Referências

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. v.1, 514 p.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. 35: 271-276. 2013.

