

## SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO COMUM ORIUNDAS DO CRUZAMENTO ENTRE AWAUNA UEM E IPR-88 UIRAPURU

Júlia Flávia da Costa (PIBIC/CNPq/FA/UEM), \* Maria Celeste Gonçalves-Vidigal (Orientador), Vanusa Ramos Martins, Deivid Lincoln Reche, Jaqueline Bezerra da Silva, Giseli Valentini. E-mail: \*mcgvidigal@uem.br

Universidade Estadual de Maringá/Centro de Ciências Agrárias/Maringá, PR.

**Ciências Agrárias, Agronomia.**

**Palavras-chave:** *Phaseolus Vulgaris* L., Modelos mistos, Melhoramento genético, Linhagens melhoradas.

### Resumo

O objetivo do presente estudo foi identificar linhagens de feijão comum superiores em produtividade de grãos, oriundas do cruzamento entre as cultivares Awauna UEM x IPR-88 Uirapuru, por meio de análises estatísticas de modelos mistos REML/BLUP. As estimativas dos componentes de variância REML para as características avaliadas indicaram elevado potencial na seleção das linhagens. Os resultados do presente estudo revelaram que as cinco primeiras posições foram ocupadas pelas progênes avaliadas, sendo estas superiores às testemunhas comerciais e aos seus parentais. As linhagens 64, 144, 182, 170 e 37 foram as indicadas como promissoras por apresentarem produtividade de grãos superiores com um ganho médio de 35,04%, o que corresponde a uma produtividade de 470,6 kg ha<sup>-1</sup> superior a melhor testemunha.

### Introdução

O Brasil é o terceiro maior produtor e consumidor mundial de feijão comum, no entanto, ainda apresenta baixa produtividade média, cerca de 1.085 kg ha<sup>-1</sup> (FAO, 2019). Um dos principais objetivos dos programas de melhoramento do feijão comum é a obtenção de linhagens promissoras que apresentem elevada capacidade produtiva que atendam às necessidades da cadeia produtiva e/ou mercado consumidor. Mediante este fato, as modelagens estatísticas mais sofisticadas e adequadas às necessidades dos melhoristas, tal como, os modelos mistos, vêm sendo empregadas na seleção de melhores linhagens. A utilização da modelagem mista pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e pelo procedimento do Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP) tem demonstrado ser um importante método para avaliação das estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos genotípicos. Diante do exposto, o objetivo do presente estudo foi proceder a seleção de linhagens de feijão comum provenientes do cruzamento entre Awauna UEM x IPR-88 Uirapuru por meio de análises estatísticas de modelos mistos REML/BLUP.

## Materiais e Métodos

Um total de 218 linhagens  $F_{2:7}$  resultantes do cruzamento entre Awauna UEM x IPR-88 Uirapuru e as testemunhas comerciais - BRS Esteio (Est), FT Nobre (Nob), FT Soberano (Sob), FT 120 (120), Crioulo (Cri), CHP996524 (CHP) e os parentais Awauna UEM (Awa) e IPR-88 Uirapuru (Uip) foram avaliadas em um Nitossolo Vermelho Distroférico do Centro de Treinamento em Irrigação (CTI), Universidade Estadual de Maringá. Cada parcela experimental foi constituída por uma linha de 1,0m de comprimento, espaçada de 0,50m, contendo 12 plantas de cada linhagem/m. O experimento foi conduzido em delineamento experimental Látice 15 x 15, com três repetições.

As linhagens de feijão comum e as testemunhas foram avaliadas quanto às seguintes características: número de dias para maturação (NDM); altura de plantas (ALTP); altura de inserção de vagens (AIV); massa de 100 sementes (M100) e produtividade de grãos (PROD). As análises estatísticas com base em modelos mistos (modelo 17) foram realizadas por meio do software Selegen REML/BLUP e a significância do efeito do modelo para cada característica avaliada foi estimada por meio da análise de deviance (Resende, 2002).

## Resultados e Discussão

Os resultados indicaram efeitos significativos para as características NDM, ALTP, AIV e PROD (Tabela 1). Desse modo foi possível inferir que os respectivos componentes de variância e coeficientes genéticos revelaram a existência de variabilidade genética propiciando a seleção de linhagens para as características avaliadas. Exceto para a característica M100, a qual não se verificou efeito significativo (Tabela 1).

Tabela 1. Análise de deviance para as características avaliadas em linhagens de feijão comum

|                               |              | Análise de deviance - ANADEV |                    |                    |
|-------------------------------|--------------|------------------------------|--------------------|--------------------|
|                               |              | Teste de efeitos             |                    |                    |
|                               |              | Modelo Completo              | Genótipo           | Bloco              |
| Número de dias para maturação | Deviance     | 2.718,03                     | 2.744,05           | 2.720,06           |
|                               | LTR( $x^2$ ) | -                            | 26,02**            | 2,03 <sup>ns</sup> |
| Altura de planta              | Deviance     | 1.025,16                     | 1.025,78           | 2.696,86           |
|                               | LTR( $x^2$ ) | -                            | 12,94**            | 17,92**            |
| Altura de inserção de vagens  | Deviance     | 1.865,55                     | 1.874,92           | 1.866,24           |
|                               | LTR( $x^2$ ) | -                            | 9,37**             | 0,69 <sup>ns</sup> |
| Massa 100 sementes            | Deviance     | 4.095,88                     | 4.097,48           | 1.714,11           |
|                               | LTR( $x^2$ ) | -                            | 0,05 <sup>ns</sup> | 9,33**             |
| Produtividade de grãos        | Deviance     | 8.605,60                     | 8.619,03           | 8.610,32           |
|                               | LTR( $x^2$ ) | -                            | 13,43**            | 4,72*              |

\*\*; \*: Significativos pelo teste de qui-quadrado à 1% e 5%; ns: Não significativo.

A avaliação da qualidade experimental foi realizada por meio da análise das estimativas dos componentes de variância individual (Residual Maximum Likelihood - REML) (Tabela 2). Os maiores valores evidenciados de herdabilidade média ( $\hat{h}_{mc}^2$ ) foram para as características AIV (76%) e PROD (70%) (Tabela 2). A elevada herdabilidade com valor 76% para AIV evidencia que essa característica é importante na tomada de decisão para a seleção das melhores linhagens com base na predição de valores genéticos (Resende, 2007).

Tabela 2. Estimativas dos componentes de variância para as características avaliadas em linhagens de feijão comum

| Componentes de Variância - REML |       |       |       |       |            |
|---------------------------------|-------|-------|-------|-------|------------|
| Efeitos                         | NDM   | ALTP  | AIV   | M100  | PROD       |
| $\hat{\sigma}_a^2$              | 12,98 | 9,98  | 3,58  | 1,54  | 160.674,55 |
| $\hat{\sigma}_e^2$              | 15,77 | 10,34 | 2,28  | 3,08  | 98.147,29  |
| $\hat{\sigma}_f^2$              | 28,75 | 20,32 | 5,86  | 4,62  | 258.821,84 |
| $\hat{h}_g^2$                   | 0,45  | 0,49  | 0,61  | 0,33  | 0,62       |
| $\hat{h}_{mc}^2$                | 0,52  | 0,54  | 0,76  | 0,43  | 0,70       |
| Acclon                          | 0,78  | 0,59  | 0,54  | 0,67  | 0,76       |
| $\mu$                           | 87,55 | 43,77 | 15,59 | 25,98 | 2.678,84   |

$\hat{\sigma}_a^2$  - variância genotípica;  $\hat{\sigma}_e^2$  - variância residual;  $\hat{\sigma}_f^2$  - variância fenotípica individual;  $\hat{h}_g^2$  - herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo  $\hat{h}_{mc}^2$  - Herdabilidade ajustada da média do genótipo assumindo a sobrevivência completa da progênie; Acclon- Acurácia da seleção de genótipos;  $\mu$  - média geral do experimento.

No presente estudo, os valores de acurácia (Acclon; Tabela 2) 54% e 59% para AIV e ALTP, respectivamente, foram considerados moderados. A produção de grãos e NDM apresentaram valores considerados elevados de 76% e 78%, respectivamente. De acordo com Resende (2007), a acurácia seletiva pode ser classificada como: muito alta ( $\geq 0,90$ ), alta ( $\geq 0,70$  e  $< 0,90$ ), moderada ( $\geq 0,50$  e  $< 0,70$ ) e baixa ( $< 0,50$ ). Desse modo, é possível inferir que a qualidade experimental aqui representada pelos dois parâmetros  $\hat{h}_{mc}^2$  e Acclon, indicam a possibilidade de sucesso na seleção das linhagens.

A Tabela 3 mostra as linhagens selecionadas com base na média experimental observada para a característica produtividade (2.678,84 kg ha<sup>-1</sup>). As linhagens 64, 144, 182, 170 e 37 apresentaram um ganho médio de 35,04%, correspondente a uma produtividade de 470,6 kg ha<sup>-1</sup> superior aos parentais e a melhor testemunha (FT Soberano, 3.204,44 kg ha<sup>-1</sup>). Estes resultados podem ser explicados pelo efeito de segregação transgressiva positiva das linhagens, caso em que as progênies são superiores aos seus genitores (Vencovsky e Barriga, 1993) e, na condição do presente estudo, superiores também às testemunhas comerciais.

Tabela 3. Desempenho das cinco melhores linhagens e testemunhas para a as características avaliadas em linhagens de feijão comum

| Ord. | NDM  |       | ALTP |       | AIV  |       | M100 |       | PROD |          |
|------|------|-------|------|-------|------|-------|------|-------|------|----------|
|      | Lin. | Média    |
| 1    | 24   | 87,55 | 190  | 46,66 | 208  | 17,25 | 182  | 26,11 | 64   | 3.675,03 |
| 2    | 23   | 87,59 | 75   | 46,47 | 94   | 17,12 | 6    | 26,10 | 144  | 3.670,64 |
| 3    | 18   | 87,64 | 36   | 46,38 | 131  | 17,06 | 27   | 26,09 | 182  | 3.617,41 |
| 4    | 210  | 87,69 | 200  | 46,31 | 109  | 16,96 | 19   | 26,09 | 170  | 3.575,57 |
| 5    | 227  | 87,73 | 208  | 46,27 | 68   | 16,90 | 107  | 26,08 | 37   | 3.549,54 |
| 1    | Nob  | 88,21 | Uir  | 45,95 | 120  | 16,68 | Uir  | 26,04 | Sob  | 3.204,44 |
| 2    | 120  | 88,52 | Sob  | 44,98 | Uir  | 16,38 | Cri  | 26,04 | Awa  | 2.942,78 |

A Tabela 3 mostra os dados das linhagens com potencial da população avaliada para obtenção de novas cultivares. Em relação às características avaliadas observou-se que as cinco melhores posições no ordenamento foram ocupadas pelas linhagens oriundas do cruzamento entre Awauna UEM x IPR-88 Uirapuru.

### Conclusões

As estimativas dos componentes de variância REML indicaram elevado potencial na seleção de linhagens. Os resultados obtidos revelaram a superioridade das linhagens avaliadas uma vez que ocuparam as cinco melhores posições no ordenamento de linhagens, parentais e testemunhas comerciais. As cinco melhores linhagens foram 64, 144, 182, 170 e 37 para a característica produtividade de grãos, a qual proporcionou um ganho médio de 35,04%, correspondente a uma produtividade de 470,6 kg ha<sup>-1</sup> superior a melhor testemunha.

### Agradecimentos

Os autores agradecem ao CNPq pela concessão da bolsa de estudos e ao Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri-UEM) por possibilitar o desenvolvimento do presente estudo.

### Referências

- FAO. Faostat data base gateway. **Food and agricultural commodities production**. Disponível em: [www.faostat.fao.org](http://www.faostat.fao.org). Acesso em: Ago. 2020
- RESENDE, M.D.V. **Software Selegen – REML/BLUP**. Colombo, Documentos Embrapa Florestas, n.77, dez. 2002.
- RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362p.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética, 1993. 496p.