

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE LINHAGENS RECOMBINANTES DE FEIJÃO COMUM (*Phaseolus vulgaris* L.)

Eduardo Ansilheiro Nascimento (PIBIC/CNPq/FA/UEM), *Maria Celeste Gonçalves Vidigal (Orientador), Vanusa Ramos Martins, Alexandre Catto Calvi, e-mail: *mcgvidigal@uem.br.

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

Ciências Agrárias, Agronomia.

Palavras-chave: Linhagens melhoradas, preditores, BLUPs.

Resumo:

O feijão comum apresenta ampla adaptação edafoclimática, o qual permite seu cultivo anual na maioria dos estados brasileiros, contribuindo constantemente com a oferta do produto no mercado. Cultivares de feijão comum uniformes e resistentes a doenças é uma das exigências de mercado, por atender às necessidades atuais de aumento na produção de alimentos. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi avaliar o desempenho de 109 F₁₀ linhagens recombinantes de feijão comum oriundas do cruzamento California Dark Red Kidney (CDRK) × Yolano. O experimento foi conduzido em nível de campo no Centro de Treinamento em Irrigação (CTI) da Universidade Estadual de Maringá (UEM) para avaliar o desempenho de linhagens da população CY quanto ao potencial agrônômico, por meio de análises estatísticas de modelos lineares mistos REML/BLUP. A seleção das cinco melhores linhagens para característica produtividade de grãos (37, 99, 28, 29 e 86) proporcionou um ganho médio de 182,04% em relação à média experimental. Assim, estas linhagens apresentam potencial para serem inseridas em ensaios para obtenção de novas cultivares.

Introdução

O feijão comum no Brasil, além de sua grande expressividade no cultivo, seu consumo está presente em todas as classes socioeconômicas. Essa cultura possui ampla adaptação edafoclimática, permitindo seu cultivo anual na maioria dos estados brasileiros, mantendo sempre a oferta no mercado. Nesse ínterim, o melhoramento genético se destaca como um dos principais responsáveis pelo incremento de produtividade de grãos, pois proporciona cultivares uniformes e resistentes a doenças, buscando atender as exigências do mercado atual, no intuito de aumento na produção de alimentos (Phillips, 1993).

Para tanto, as linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) têm propiciado estudos detalhados e promissores para uma maior eficácia no melhoramento genético da cultura do feijão comum em escala mundial. Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo, avaliar o desempenho de 109 F₁₀ linhagens recombinantes de feijão comum oriundas do cruzamento California Dark Red Kidney (CDRK) × Yolano.

Materiais e métodos

O material genético de estudo foi composto por 109 F₁₀ linhagens endogâmicas recombinantes derivadas do cruzamento CDRK x Yolano, em conjunto com quatro testemunhas: CDRK, YOLANO (Yo), AWAUNA (Aw) e FLOR DINIZ (FD). O presente estudo foi realizado no Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri) e no Centro de Treinamento em Irrigação (CTI), ambos pertencentes à Universidade Estadual de Maringá – UEM, Maringá, Norte do Paraná. As 109 F₁₀ linhagens, cultivares parentais e testemunhas foram semeadas em um delineamento de Blocos Aumentados de Federer, sendo as unidades experimentais compostas por duas linhas de dois metros, espaçadas 0,50 m, com densidade de semeadura de 15 sementes por metro linear. As características avaliadas no experimento foram: número de vagens por planta (NVPP), massa de 100 sementes (M100), altura da planta (ALTP), ciclo fenológico (DPF), altura de inserção das vagens (AIV) e produtividade de grãos (PROD).

As análises estatísticas baseadas em modelos lineares mistos (modelo 74) 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 número de vagens por planta (NVPP), ciclo fenológico (DPF) e produtividade de grãos (PROD), conforme 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 vagens por planta	Deviance	256,32	262,64	259,93
	LTR(χ^2)	-	6,32*	3,61 ^{ns}
Massa 100 sementes	Deviance	482,24	485,29	482,24
	LTR(χ^2)	-	3,05 ^{ns}	0 ^{ns}
Altura de planta	Deviance	812,61	813,83	815,35
	LTR(χ^2)	-	1,22 ^{ns}	2,74 ^{ns}
Ciclo fenológico	Deviance	361,66	369,61	361,66
	LTR(χ^2)	-	7,95**	0
Altura de inserção de vagens	Deviance	505,91	508,33	505,91
	LTR(χ^2)	-	2,42 ^{ns}	0 ^{ns}
Produtividade de grãos	Deviance	1387,4	1398,35	1387,41
	LTR(χ^2)	-	10,94**	0 ^{ns}

** e *: Efeitos significantes pelo teste de qui-quadrado a 1% (6,63) e 5% (3,84), respectivamente.

Desse modo, é possível afirmar que os componentes de variância e coeficientes genéticos permitiram a ocorrência da variabilidade genética possibilitando a seleção dentre as linhagens para as características avaliadas.

A qualidade experimental pôde ser avaliada por meio da análise das estimativas dos componentes de variância individual (Residual Maximum Likelihood - REML), onde as características ALTP, DPF e AIV, apresentaram elevada herdabilidade média (\hat{h}_{mc}^2), variando entre 0,98 a 0,89 (Tabela 2).

Já os valores de acurácia (Acclon; Tabela 2) foram considerados moderado para NVPP (0,66), alto para M100 (0,75) e muito alto para ALTP (0,98), DPF (0,99), AIV (0,94) e PROD (0,99). 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 ($< 0,50$). Assim, é possível afirmar que a qualidade experimental, baseado nos parâmetros \hat{h}_{mc}^2 e Acclon, indicam o possível sucesso da seleção de linhagens promissoras.

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

Efeitos	Componentes de Variância - REML					
	NVPP	M100	ALTP	DPF	AIV	PROD
$\hat{\sigma}_g^2$	5,56	35,94	704,11	15,25	37,35	286.218,20
$\hat{\sigma}_e^2$	5,64	27,68	104,53	0,34	4,52	92.031,51
$\hat{\sigma}_f^2$	12,72	63,63	854,45	15,59	41,89	533.980,52
\hat{h}_g^2	0,44	0,56	0,82	0,98	0,89	0,54
\hat{h}_{mc}^2	0,44	0,56	0,96	0,98	0,89	0,54
Acclon	0,66	0,75	0,98	0,99	0,94	0,99
μ	4,56	22,29	33,16	32,47	13,84	796,31

$\hat{\sigma}_g^2$ - 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; μ - média geral do experimento.

Com relação as progênies selecionadas por meio de componentes de média (BLUP Individual; Tabela 3), é possível afirmar que, tendo por base a média experimental observada para a característica PROD (796,31 kg ha⁻¹; Tabela 2), a seleção das cinco melhores linhagens (37, 99, 28, 29 e 86) (Tabela 3) proporcionou um ganho médio de 182,04%, correspondente a uma produtividade de 1.449,63 kg ha⁻¹, sendo superior aos parentais e a melhor testemunha (Yolano, 1.040,30 kg ha⁻¹). Tal fato, pode ser explicado pelo efeito de segregação transgressiva positiva das linhagens, caso em que as progênies são superiores aos seus genitores (Vencovsky e Barriga, 1993).

Os resultados também evidenciam o potencial da população CY, conferido pelos melhores desempenhos para as características avaliadas, superando a média das testemunhas (Tabela 3).

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

Ord.	NVPP		M100		ALTP		DPF		AIV		PROD	
	L.	Média	L.	Média	L.	Média	L.	Média	L.	Média	L.	Média
1	46	9,5	43	32,1	56	104,1	75	38,9	46	41,6	37	2.468,1
2	68	9,4	1	31,3	1	101,8	15	38,9	1	34,5	99	2.291,3
3	27	9,1	23	30,9	19	91,8	27	38,5	90	30,7	28	2.220,4
4	30	8,8	40	30,5	93	85,9	48	38,4	15	28,4	29	2.148,3
5	98	8,5	62	29,9	61	82,5	7	38,3	82	26,9	86	2.101,6
1	Aw	8,9	CDRK	21,0	FD	78,6	FD	47,6	FD	16,8	Yo	1.040,3
2	FD	8,8	Yo	13,5	Aw	62,0	Aw	36,8	Aw	15,8	FD	810,8

Conclusões

Através das análises estatísticas foi possível observar o desempenho das linhagens. A qualidade experimental avaliada por meio das estimativas dos componentes REML mostrou alto potencial na seleção das linhagens. O BLUP indicou a superioridade das melhores linhagens da população CY em relação às testemunhas, nas características avaliadas. A seleção das cinco melhores linhagens para característica produtividade de grãos (37, 99, 28, 29 e 86), além de obter melhores médias do que as testemunhas, proporcionou um ganho médio de 182,04 % em relação à média experimental. Estes resultados evidenciam a potencialidade destas linhagens para serem inseridas em ensaios de obtenção de novas cultivares.

Agradecimentos

Os autores do presente estudo agradecem ao CNPq por propiciarem a bolsa de estudos e ao Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri-UEM) pela possibilidade de desempenhar as atividades necessárias à pesquisa.

Referências

- PHILLIPS, R.L. Plant genetics: out with the old, in with the new? **The American Journal of Clinical Nutrition**, 1993. 58p.
- 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.