

ANÁLISE QUANTITATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.)

JEFFERSON LUÍS MEIRELLES COIMBRA¹, ALTAMIR FREDERICO GUIDOLIN², FERNANDO IRAJÁ FELIX DE CARVALHO³, IRAN AZEVEDO DUARTE⁴

RESUMO – Importante contribuição da genética quantitativa para o melhoramento de plantas é a possibilidade de obter-se estimativas de parâmetros genéticos que, auxiliem de forma direta a seleção. Com o objetivo de caracterizar e estimar ganhos genéticos, foram avaliados 32 genótipos de feijão comum, sendo três cultivares comerciais e 29 linhagens. O experimento, em blocos casualizados, com quatro repetições, foi conduzido em Lages, Santa Catarina, no ano agrícola de 1995/96. De acordo com os resultados obtidos, as linhagens possuem ampla variabilidade genética para todos os caracteres estudados, evidenciando que métodos clássicos de melhoramento devem ser preferidos. A seleção direta mostrou ser mais eficiente, comparativamente à seleção indireta, para os caracteres estatura de planta e peso de mil grãos. Para os caracteres ciclo vegetativo, ciclo da cultura e altura de inserção do primeiro legume, a seleção indireta evidenciou maior ganho genético. O caráter altura de inserção do primeiro legume sofreu expressiva influência do ambiente, indicando que a pressão de seleção, para este caráter, deve ser exercida em gerações com alto grau de homozigose.

Palavras-chave: feijão comum, genética vegetal, fenótipo, variação genética, melhoramento vegetal

PHENOTYPIC AND GENETIC PARAMETERS ANALYSIS IN BEAN (*Phaseolus vulgaris* L.)

ABSTRACT – An important contribution of quantitative genetics to plant breeding is the possibility to obtain an estimate of genetic parameters to aid the selection in a direct way. Aiming to characterize and to evaluate the genetic gains, 32 genotypes of common bean were evaluated: three commercial cultivars and 29 lines. A completely randomized block design with four replications was used in the 1995/96 crop season in Lages, Santa Catarina. The results demonstrated that the tested black bean lines had a wide genetic variability for all studied characters, indicating that classic methods of improvement should be preferred. The direct selection was more efficient, compared to the indirect selection, for the characters plant height and 1000 grains weight. The indirect selection evidenced larger genetic gain for the characters: vegetative cycle, crop cycle and height of insertion of the first pod. The character insertion of the first pod was highly influenced by the environment, thus a selection pressure should be put in practice for this character, in generations with high level of homozygosis.

Key words: common bean, plant genetics, phenotype, genetic variation, plant breeding

INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das mais importantes culturas de estação quente do Sul do Brasil. A comercialização do feijão proporciona uma das primeiras receitas das culturas de primavera-verão, o que significa uma injeção de recursos em momento financeiro crítico, principalmente para os pequenos agricultores (BISOGNIN et al., 1997).

A produção de grãos de feijão por unidade de área, a nível de agricultor, caracteriza-se pelos baixos rendimentos, em relação aos obtidos em trabalhos de pesquisa. O rendimento do feijão tem atingido patamares tão baixos que WILDNER (1992) comenta que, se não houver uma tomada de decisão para reverter esta situação, em pouco tempo a lavoura será inviabilizada economicamente.

Os programas de melhoramento genético para a cultura, segundo MIRANDA et al. (1993), estão lançando, em escala comercial, cultivares específicas para cada região, através do emprego da genética quantitativa

na estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, sempre com o intuito de maximizar o potencial de rendimento da cultura de feijão.

Processos fisiológicos podem influir direta ou indiretamente sobre o caráter rendimento de grãos (FEHR 1987). Entretanto, a seleção de genótipos superiores tem sido uma tarefa difícil, uma vez que os caracteres de importância agrônômica, em sua maioria quantitativos, apresentam base genética complexa, além de serem altamente influenciados pelo ambiente.

As correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres de importância agrônômica são parâmetros relevantes para o melhoramento genético vegetal, principalmente porque, quando a seleção é realizada com base em um dado caráter, provavelmente resultam alterações em outros caracteres geneticamente correlacionados. Nos programas de melhoramento, o objetivo, em geral, é obter progresso simultâneo em vários caracteres; portanto, o conhecimento de parâmetros genéticos e fenotípicos poderá auxiliar a seleção de genótipos superiores pela escolha de técnicas de melhoramento mais

1. Eng. Agr. - aluno do Curso de Pós-graduação, UFPel. Bolsista da CAPES. Caixa Postal 354, 96001-970 Capão do Leão, RS. jlmcpos@ufpel.tche.br

2. Eng. Agr. M.Sc. - Professor de Genética da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC).

3. Eng. Agr. Ph.D. - Professor da Universidade Federal de Pelotas. Pesquisador do CNPq.

4. Eng. Agr. - Agroeste Híbridos de Milho. Xanxerê, SC.

Recebido para publicação em 25/02/1998.

adequadas. Estimativas de parâmetros relacionados à produtividade de grãos e seus componentes, bem como a caracteres adaptativos, como ciclo da cultura e estatura de planta, têm sido frequentemente obtidas (SANTOS e VENCOVSKY 1986; AMARAL et al., 1996; ABREU et al., 1990; RAMALHO e VENCOVSKY 1978; RESENDE et al., 1997; RAMALHO et al., 1979 e FEHR 1987).

Na obtenção de genótipos superiores, o melhorista tem necessidade de selecionar com base em vários caracteres, para melhor inferir sobre a superioridade relativa dos mesmos (CRUZ, 1997). Desta forma, o presente trabalho tem por objetivos a quantificação de ganhos diretos e indiretos, estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, e correlações entre caracteres de importância agrônômica, como ciclo da cultura e porte de planta com peso de grãos.

MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi conduzido a campo, no ano de 1995/96, em Lages/SC, em solo da unidade de mapeamento Lages, preparado de forma convencional. A adubação de base equivaliu a 15, 55 e 60 kg/ha de NPK, respectivamente. A adubação de cobertura, realizada no estádio de duas folhas trifolioladas, foi o equi-

valente a 70 kg/ha de N (uréia). Para controle das plantas invasoras aplicou-se o herbicida metolachlor na dose de 2 kg/ha. Logo após a semeadura, realizaram-se capinas para controlar as plantas daninhas que não foram eliminadas pelo herbicida. O inseticida utilizado foi methamidophos (Tamaron BR) na dose de 0,5 a 1,0 l/ha do produto comercial, para controle de tripses do feijoeiro (*Caliothrips phaseoli*), pulgão (*Aphis craccivora*), cigarrinha verde (*Empoasca kraemeri*) e vaquinha verde amarela (*Diabrotica speciosa*).

Os genótipos de feijão preto incluídos neste trabalho, que constituíram o Ensaio Sul-brasileiro de Feijão (ESB), foram 32, sendo 29 linhagens e 3 cultivares, estas utilizadas como padrão (Tabela 1). As variáveis avaliadas foram: número de dias entre a emergência e o florescimento (EMFL), número de dias entre emergência e a maturação de colheita (EMMC), estatura de planta (EST) em centímetros, ponto de inserção do primeiro legume medida (PIL) em centímetros, e peso de mil grãos (PMG) em gramas. Todas as avaliações realizadas foram baseadas nos estádios de crescimento da cultura, seguindo a escala proposta pelo CIAT (1991). A emergência foi avaliada no estádio V₁, a data de floração no estádio R₀ e a data de maturação de colheita no estádio R₀, quando 50 % dos legumes da parcela estavam aparentemente em maturação fisiológica.

TABELA 1 – Identificação, hábito de crescimento (HC), cor da flor (CF) e origem dos genótipos utilizados no Ensaio Sul-brasileiro de linhagens de feijão preto, no município de Lages/SC, no ano agrícola de 1995/96

| Número | Genótipo | HC* | CF | Origem |
|--------|-----------------|-----|---------|---------------|
| 1 | AN 9021332 | III | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 2 | AN 9021361 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 3 | AN 9021599 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 4 | AN 9021602 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 5 | AN 9021626 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 6 | AN 9021697 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 7 | AN 9021750 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 8 | AN 9123293 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 9 | Barriga Verde # | II | Violeta | EPAGRI |
| 10 | CB 9021799 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 11 | CB 9021830 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 12 | CB 9022412 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 13 | CB 9022627 | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 14 | Diamante Negro | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |
| 15 | FT 86-105 | II | Violeta | FT SEMENTES |
| 16 | FT 90-1849 | II | Violeta | FT SEMENTES |
| 17 | FT 90-1863 | II | Violeta | FT SEMENTES |
| 18 | IAPAR 44 # | II | Violeta | IAPAR |
| 19 | LP 90-98 | II | Violeta | IAPAR |
| 20 | LP 91-129 | II | Violeta | IAPAR |
| 21 | LP 92-11 | II | Violeta | IAPAR |
| 22 | LP 92-13 | II | Violeta | IAPAR |
| 23 | LP 92-16 | II | Violeta | IAPAR |
| 24 | LP 93-68 | II | Violeta | IAPAR |
| 25 | LP 93-80 | III | Violeta | IAPAR |
| 26 | Rio Tibagi # | II | Violeta | IAPAR |

| | | | | |
|----|----------|----|---------|----------------|
| 27 | TB 94-01 | II | Violeta | CPACT /EMBRAPA |
| 28 | TB 94-02 | II | Violeta | CPACT/EMBRAPA |
| 29 | TB 94-03 | II | Violeta | CPACT /EMBRAPA |
| 30 | TB 94-04 | II | Violeta | CPACT /EMBRAPA |
| 31 | LP 94-62 | II | Violeta | IAPAR |
| 32 | Xamego | II | Violeta | CNPAF/EMBRAPA |

* Tipo II - Indeterminado, ramificação ereta e fechada.

Tipo III - Indeterminado, ramificação aberta e abundante, prostrada.

padrão (testemunha).

A determinação do ponto de inserção do primeiro legume foi avaliada no estádio R₇, quando o primeiro legume atingiu 2,5 cm de comprimento. No estádio R₉, atribuiu-se a nota geral em função das condições gerais de desenvolvimento, carga de legumes, porte e acamamento.

O delineamento experimental empregado foi de blocos casualizados, com quatro repetições. Cada unidade experimental foi constituída por duas fileiras de 5 m de comprimento com 10 plantas/m ou 200.000 plantas/ha, a espaços de 0,5 m entre fileiras e 0,2 m entre covas dentro das fileiras. A área útil constou de duas fileiras, descartando 0,5 m das extremidades da parcela, totalizando uma área de 4 m². Foram semeadas duas fileiras em torno do experimento como bordadura.

A partir da análise de variância, foram estimadas a variância genética (σ^2_G) e a variância fenotípica (σ^2_P) a nível de média; a herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) cuja unidade de seleção era a média dos genótipos; o ganho esperado com a seleção direta (Δ_G) e a resposta correlacionada RC_(2/1), através das seguintes expressões, apresentadas por CRUZ e REGAZZI (1997).

$$\begin{aligned} \sigma^2_P &= QMG/r & h^2 &= \sigma^2_G/\sigma^2_P \\ \sigma^2_E &= QME/r & \Delta_G &= i \cdot \sigma_{Gi} \cdot h_i \\ \sigma^2_G &= (QMG-QME)/r & RC_{(2/1)} &= i \cdot \sigma_{G1} \cdot h_2 \cdot r_g \end{aligned}$$

onde:

i = diferencial de seleção standardizado. No presente trabalho foram considerados quatro genótipos selecionados (12,5%), sendo assim i = 1,67;

QMG = quadrado médio dos genótipos;

QME quadrado médio do erro;

r = número de repetições;

Δ_G = ganho genético esperado;

σ_{Gi} = desvio padrão da variância genética aditiva do caráter i;

h_i = raiz quadrada da herdabilidade, a nível de média;

r_g = correlação genética entre os caracteres i e j;

RC_(2/1) = ganho esperado no caráter 2 (primário) na unidade em que foi avaliado, por seleção praticada no caráter 1 (secundário).

As correlações genética e fenotípica entre os caracteres foram estimadas de acordo com o procedimento relatado por FALCONER e MACKAY (1996), ou seja:

$$r_{g1,2} = \text{COV}_{g(1,2)} / (\sigma^2_{g1} \cdot \sigma^2_{g2})^{1/2}$$

$$r_{p1,2} = \text{COV}_{p(1,2)} / (\sigma^2_{p1} \cdot \sigma^2_{p2})^{1/2}$$

$$r_{e1,2} = \text{COV}_{e(1,2)} / (\sigma^2_{e1} \cdot \sigma^2_{e2})^{1/2}$$

onde: $r_{g1,2}$, $r_{p1,2}$ e $r_{e1,2}$ correlação genética, fenotípica e de ambiente a nível de média, respectivamente entre os caracteres 1 e 2;

$\text{COV}_{G(1,2)}$, $\text{COV}_{P(1,2)}$ = covariância genética e fenotípica média, respectivamente entre os caracteres 1 e 2.

Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste de F e as médias foram comparadas pelo teste DMS de Fisher (P<0,05), descritos por STEEL e TORRIE (1960). Parâmetros genéticos e fenotípicos, correlações e a resposta correlacionada, foram obtidos a partir do programa computacional em genética e estatística (CRUZ, 1997).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Quadrados médios obtidos nas análises de variância para os cinco caracteres testados, número de dias entre a emergência e o florescimento (EMFL), número de dias entre a emergência e a maturação de colheita (EMMC), estatura de planta em centímetros (EST), altura de inserção do primeiro legume (AIL) e peso de mil grãos (PMG) encontram-se na Tabela 2. As análises foram conduzidas considerando-se, inicialmente, as linhagens como um grupo e as cultivares utilizadas como testemunha como outro grupo. Ocorreram diferenças significativas (P<0,01) para todos os cinco caracteres avaliados quanto à primeira causa de variação (genótipos) do experimento. Para a fonte de variação grupo, somente para os caracteres EST e PMG foram detectadas diferenças significativas (P<0,01) entre linhagens e as cultivares utilizadas como padrão. Esta diferença entre os caracteres avaliados, evidencia ampla variabilidade genética dentre os caracteres testados.

TABELA 2 – Resumo das análises de variância, para os caracteres: número de dias entre a emergência e o florescimento (EMFL), número de dias entre a emergência e a maturação de colheita (EMMC), estatura de planta (EST), altura de inserção do primeiro legume (AIL) e peso de mil grãos (PMG), obtidos no Ensaio Sul-brasileiro de linhagens de feijão preto, no município de Lages, SC, no ano agrícola de 1995/96

| Causas de variação | G.L. | Quadrado Médio | | | | |
|---------------------|------|----------------|----------|-------------|-------------|------------|
| | | EMFL | EMMC | EST (cm) | AIL (cm) | PMG (g) |
| Genótipos | 31 | 4,915** | 12,555** | 238,838** | 8,031** | 1291,40** |
| Grupos ¹ | 1 | 0,648 | 0,017 | 592,190** | 2,167 | 3125,90** |
| Erro | 92 | 0,627 | 3,533 | 53,312 | 3,753 | 79,440 |
| Média linhagens | | 39,422 | 84,543 | 67,120 | 14,995 | 211,371* |
| Média padrões | | 39,667 | 84,583 | 74,500* | 15,441 | 194,417 |
| C.V. (%) | | 2,009 | 2,223 | 10,767 | 12,883 | 4,249 |

* e ** significativo pelo teste de F ao nível de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente.

¹ grupo (linhagens ou padrões)

Pode ser observado que o valor médio de linhagens e padrões não diferiram estatisticamente, pelo teste de F, para os caracteres EMFL, EMMC e AIL. Por outro lado, o caráter PMG apontou valor médio, para as linhagens, estatisticamente superior àquele para cultivares utilizadas como padrões no experimento. Ainda

na Tabela 2, pode ser observado que, para todos os caracteres testados, a estimativa do coeficiente de variação (C.V.) foi baixa, especialmente para os caracteres EMFL, EMMC e PMG. Segundo GOMES (1990), estes valores de C.V. revelam a confiabilidade do experimento.

TABELA 3 – Comportamento médio de 32 genótipos de feijão para a duração dos subperíodos número de dias entre a emergência e o florescimento (EMFL), número de dias entre a emergência e a maturação de colheita (EMMC), estatura de planta (EST), altura de inserção do primeiro legume (AIL) e peso de mil grãos (PMG). Lages/SC, 1995/96

| Genótipo | EMFL | | EMMC | | EST | | AIL | | PMG (g) | |
|----------------|------|---|-------|---|------|---|------|---|------------|---|
| AN 9021332 | 40,0 | I | 83,5 | I | 58,5 | I | 13,1 | I | 191,0 | I |
| AN 9021361 | 39,5 | I | 83,75 | I | 56,9 | I | 14,4 | I | 222,3 | I |
| AN 9021599 | 36,0 | I | 83,8 | I | 73,5 | S | 13,5 | I | 239,8 | S |
| AN 9021602 | 39,5 | I | 85,5 | S | 66,8 | I | 15,5 | I | 205,5 | I |
| AN 9021626 | 38,5 | I | 84,0 | I | 62,7 | I | 14,7 | I | 202,5 | I |
| AN 9021697 | 39,0 | I | 81,0 | I | 57,3 | I | 14,0 | I | 175,0 | I |
| AN 9021750 | 41,0 | S | 87,0 | S | 81,4 | S | 16,6 | S | 190,3 | I |
| AN 9123293 | 40,5 | S | 87,5 | S | 82,3 | S | 15,8 | I | 201,8 | I |
| Barriga Verde | 38,8 | I | 84,5 | I | 78,4 | S | 16,4 | S | 211,8 | I |
| CB 9021799 | 39,3 | I | 84,8 | I | 70,2 | I | 13,9 | I | 215,8 | I |
| CB 9021830 | 40,0 | I | 83,3 | I | 78,7 | S | 14,8 | I | 233,8 | S |
| CB 9022412 | 38,5 | I | 85,0 | I | 58,3 | I | 11,7 | I | 227,0 | I |
| CB 9022627 | 40,0 | I | 84,0 | I | 69,9 | I | 14,3 | I | 207,5 | I |
| Diamante Negro | 40,0 | I | 84,5 | I | 73,0 | S | 16,8 | S | 205,5 | I |
| FT 86-105 | 38,0 | I | 83,5 | I | 62,5 | I | 14,2 | I | 225,0 | I |
| FT 90-1849 | 40,0 | I | 84,3 | I | 61,2 | I | 15,6 | I | 210,5 | I |
| FT 90-1863 | 38,0 | I | 81,3 | I | 62,4 | I | 15,9 | I | 222,5 | I |
| IAPAR 44 | 40,3 | S | 84,5 | I | 73,1 | S | 15,3 | I | 197,0 | I |
| LP 90-98 | 40,0 | I | 84,5 | I | 58,1 | I | 16,2 | S | 203,3 | I |
| LP 91-129 | 39,5 | I | 84,8 | I | 62,0 | I | 16,0 | I | 210,0 | I |
| LP 92-11 | 41,3 | S | 87,8 | S | 75,7 | S | 16,0 | I | 207,0 | I |

ANÁLISE QUANTITATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.)

| | | | | | | | | | | |
|---------------|--------|---|--------|---|--------|---|--------|---|--------|---|
| LP 92-13 | 40,0 | I | 84,5 | I | 59,2 | I | 15,5 | I | 207,8 | I |
| LP 92-16 | 40,5 | S | 85,5 | S | 67,8 | I | 15,1 | I | 219,3 | I |
| LP 93-68 | 40,0 | I | 85,3 | S | 63,9 | I | 16,3 | S | 231,5 | S |
| LP 93-80 | 39,5 | I | 81,0 | I | 72,8 | S | 14,4 | I | 243,3 | S |
| Rio Tibagi* | 40,0 | I | 84,8 | I | 72,0 | I | 14,7 | I | 174,5 | I |
| TB 94-01 | 38,8 | I | 87,5 | S | 72,3 | I | 16,9 | S | 243,3 | S |
| TB 94-02 | 40,8 | S | 87,5 | S | 68,6 | I | 18,9 | S | 190,8 | I |
| TB 94-03 | 39,5 | I | 85,3 | S | 61,3 | I | 12,9 | I | 208,3 | I |
| TB 94-04 | 39,3 | I | 86,3 | S | 81,3 | S | 14,3 | I | 213,0 | I |
| LP 94-62 | 39,5 | I | 82,3 | I | 65,3 | I | 13,9 | I | 187,5 | I |
| Xamego | 37,0 | I | 83,3 | I | 63,2 | I | 14,0 | I | 189,5 | I |
| Média geral | 39,45 | | 84,55 | | 67,81 | | 15,04 | | 209,78 | |
| dms de Fisher | 1,1134 | | 2,5762 | | 9,5127 | | 2,6948 | | 12,57 | |

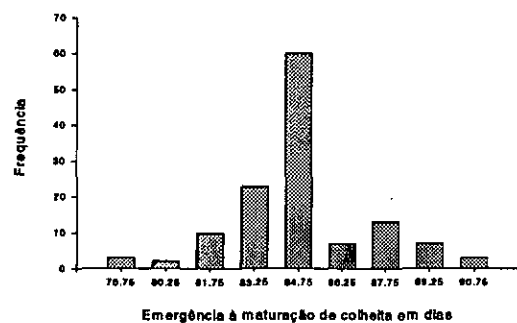
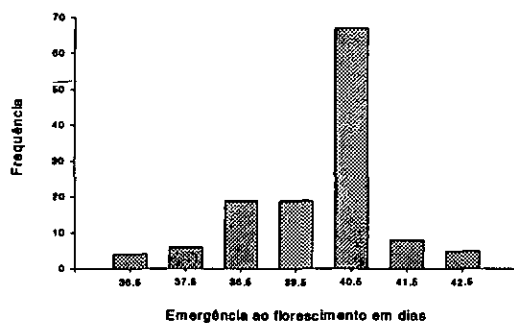
S e I indicam genótipos superior e inferior, respectivamente, a 5% de probabilidade, pelo teste de DMS de Fisher.

* padrão (testemunha)

O comportamento médio dos 32 genótipos pode ser observado na Tabela 3. Em função deste, os genótipos foram divididos em dois grupos: superior (S) e inferior (I). O componente primário do rendimento de grãos variou de 243,3 g (TB 94-01 e LP 93-80) a 174,5 g (Rio Tibagi), com média geral de 209,78 g. O caráter PMG apontou 14 genótipos com peso de mil grãos superior à média geral, merecendo destaque os cinco genótipos pertencentes ao grupo dos superiores. A média das três cultivares utilizados como padrão (Barriga Verde, IAPAR 44 e Rio Tibagi) não superou a média geral do experimento para este caráter.

As distribuições de frequências dos cinco caracteres avaliados, estão incluídas na Figura 1. Os gráficos referentes aos caracteres EMFL e EMMC evidenciaram uma variação percentual relativamente pequena (17%) entre as classes fenotípicas destes dois caracteres. Contudo, a maior frequência constatada nos dois caracteres EMFL e EMMC está incluída na classe fenotípica de 41 e 85 dias aproximadamente; o acúmulo nestas duas classes fenotípicas foi de 52 e 47% do número total de genótipos, respectivamente. No entanto, para os caracteres EST e AIL, ocorreu que 33 valores (26%) estão na classe fenotípica de 66 cm e 40 indivíduos (32%) na classe de 15 cm, respectivamente. Pode

ser observado que nestes dois caracteres a variação percentual entre as classes fenotípicas foi expressivamente maior do que nos dois caracteres citados anteriormente. Para o caráter PMG, pode ser observado que 31 valores (24%) estão inclusos na classe de 210 gramas. Além disto, revelou uma variação percentual superior (60%) aos caracteres EMFL e EMMC e inferior aos caracteres referentes ao porte da planta. Portanto, fica evidente que os caracteres PMG e AIL seguem uma distribuição fenotípica aparentemente contínua. Características de distribuição contínua, provavelmente, são governadas por vários genes mendelianos que segregam independentemente, cada qual respondendo por uma pequena parcela da variação fenotípica. Segundo CAMARGO (1995), a distribuição contínua permite classificar os caracteres PMG e AIL como quantitativos. Os resultados dos cinco caracteres apresentados na Figura 1 evidenciam a existência de variabilidade genética entre genótipos, para os caracteres EMFL, EMMC, EST, AIL e PMG. Esses resultados foram semelhantes aos obtidos por ABREU et al., (1990); RAMALHO et al., (1993); RAMALHO e VENCOVSKY (1978); SANTOS e VENCOVSKY (1986) e COLLICCHIO et al., (1997), tornando-se assim uma ferramenta útil para os melhoristas da cultura do feijoeiro.



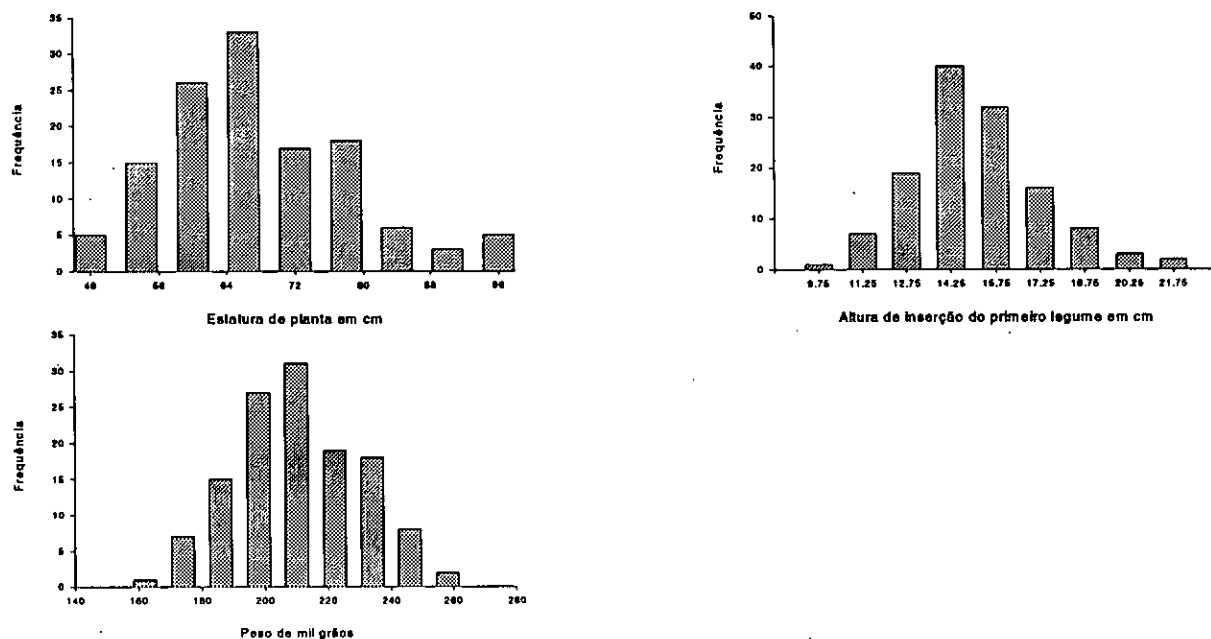


FIGURA 1 – Distribuição de frequência das classes fenotípicas dos cinco caracteres avaliados no ano agrícola de 1995/96, no ensaio Sul-brasileiro de linhagens de feijão preto, Lages/SC

As estimativas dos parâmetros genético e fenotípico para os cinco caracteres avaliados EMFL, EMMC, EST, AIL e PMG estão descritos na Tabela 4. Além das estimativas das variâncias fenotípicas, genéticas e de ambiente, está estimado também o coeficien-

te de variação genético. Muitas questões sobre os programas de melhoramento, segundo DUDLEY e MOLL (1969), poderão ser respondidas pela análise de parâmetros genéticos e fenotípicos, como variâncias e coeficientes de herdabilidade (σ^2_G , σ^2_E , σ^2_P e h_a^2).

TABELA 4 – Estimativas das variâncias fenotípica (s^2_P), de ambiente (s^2_E) e genética (s^2_G), herdabilidade média no sentido amplo (h_a^2), coeficiente de variação genético (CV_G) e a razão entre os coeficientes de variação genético e de ambiente, para os caracteres número de dias ao florescimento (EMFL), número de dias à maturação de colheita (EMMC), estatura de planta (EST), altura de inserção do primeiro legume (AIL) e peso de mil grãos (PMG), obtidos do Ensaio Sul-brasileiro de Linhagens de Feijão preto, Lages, SC, na safra agrícola de 1995/96

| Parâmetros | Caracteres Avaliados | | | | |
|------------------------------------|----------------------|-------|-------------|-------------|------------|
| | EMFL | EMMC | EST (cm) | AIL (cm) | PMG (g) |
| s^2_F | 1,22 | 3,13 | 59,71 | 2,01 | 322,85 |
| s^2_E | 0,16 | 0,83 | 12,94 | 0,92 | 28,22 |
| s^2_G | 1,07 | 2,31 | 46,77 | 1,09 | 294,63 |
| h_a^2 (%) | 87,21 | 73,49 | 78,33 | 54,35 | 91,26 |
| C.V _G (%) | 2,63 | 1,80 | 10,09 | 6,95 | 8,18 |
| C.V _G /C.V _E | 1,31 | 0,83 | 0,95 | 0,55 | 1,62 |

Realizando uma análise mais profunda dos parâmetros contidos na Tabela 4, é possível afirmar que o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo e a razão entre os coeficientes de variação observados no caráter AIL, foram inferiores aos demais caracteres testados. Este fato, evidencia prováveis dificuldades na seleção deste caráter, principalmente nas gerações com elevado percentual de heterozigotos. Segundo FEHR (1987), coe-

eficiente de herdabilidade mais alto pode ser associado com maior variância genética aditiva, menor variação de ambiente e menor interação genótipo x ambiente. Os valores estimados dos parâmetros genéticos e fenotípicos neste ensaio (σ^2_G , σ^2_E , σ^2_P e h_a^2) de um modo geral, são superiores aos relatados por RAMALHO et al. (1979). Estimativas de σ^2_G , σ^2_E , σ^2_P e h_a^2 são influenciadas pelo número de repetições e de ambientes, por diferenças genéticas entre

os genitores, pelo tipo de avaliação (individual ou por família) e pelo número de gerações recombinantes entre ciclos de seleção. Para o caráter AIL, foi observado que a estimativa da variância genética responde por apenas 55%, aproximadamente, da variação fenotípica total. Por outro lado, os demais caracteres revelaram uma proporção superior a 70% entre as variâncias genética e fenotípica. O alto grau de variabilidade genética entre genótipos sugere que os métodos de melhoramento simples podem ser utilizados, proporcionando ganho genético na seleção.

As estimativas de correlações genética, fenotípica e de ambiente (r_G , r_P e r_E), avaliadas para os cinco caracteres agrônômicos, estão incluídas na Tabela 4. Com relação à magnitude das r_G , r_P e r_E os valores variaram de -0,37 - 0,82. CRUZ e RÉGAZZI (1997), porém, apontam que o coeficiente de correlação igual a zero não implica falta de relação entre duas variáveis, apenas reflete a ausência de relação linear entre estes caracteres avaliados. De acordo com os autores SANTOS e VENCOVSKY (1986), as

correlações são explicadas, em geral, pelo efeito aditivo dos genes afetando dois caracteres simultaneamente. Portanto, o conhecimento do grau de associação entre caracteres de importância agrônômica é de grande importância para os melhoristas, principalmente porque a seleção sobre determinado caráter altera o comportamento do outro. A correlação fenotípica mede o grau de associação entre dois caracteres, proveniente dos efeitos de ambiente e genético, sendo este último efeito o principal responsável pela fração herdável dos genitores para as progênieis. Ainda na Tabela 4, pode ser observada uma boa concordância na direção das r_G , r_P e r_E para todos os pares de caracteres estudados, exceto para o par de caracteres EMFL/AIL, para o qual apontaram correlações genética e de ambiente com sinais contrários e diferença estatisticamente significativa. Esta discordância dos parâmetros estimados r_G e r_E evidencia que as causas de variação genética e de ambiente influenciaram os caracteres por meios de diferentes mecanismos fisiológicos (FALCONER e MACKAY, 1996).

TABELA 5 – Estimativas das respostas correlacionadas à seleção, correlações genética (r_G) e fenotípica (r_P) e ganho genético (Δ_G) em unidades de desvio padrão e porcentagem, de cinco caracteres agrônômicos: número de dias até o florescimento (EMFL), número de dias até maturação de colheita (EMMC), estatura de planta (EST), altura de inserção do primeiro legume (AIL) e peso de mil grãos (PMG), obtidos no Ensaio Sul-brasileiro de linhagens de feijão preto, Lages-SC, no ano agrícola de 1995/96

| Respostas correlacionadas nos caracteres | | | | | | | |
|--|-----------------------|---------------|---------|--------|----------|----------|---------|
| Caráter selecionado | Genótipos selecionado | s | EMFL | EMMC | EST (cm) | AIL (cm) | PMG (g) |
| | | | | | | | |
| | | r_P | 1,00 | 0,45** | 0,22* | 0,43** | -0,32* |
| | | r_E | 1,00 | 0,37** | 0,12 | 0,13 | 0,11 |
| | | Δ_G | 1,62 | 1,12 | 2,55 | 0,95 | -9,82 |
| | | $\Delta_G \%$ | 4,09 | 1,34 | 3,77 | 6,30 | -4,68 |
| EMMC | 21-8-27-28 | r_G | 0,48** | 1,00 | 0,52** | 0,82** | -0,04 |
| | | r_P | 0,45** | 1,00 | 0,44** | 0,45* | -0,03 |
| | | r_E | 0,37** | 1,00 | 0,17 | -0,19* | 0,02 |
| | | Δ_G | 0,71 | 2,18 | 5,11 | 1,22 | -0,88 |
| | | $\Delta_G \%$ | 1,79 | 2,57 | 7,54 | 8,11 | -0,42 |
| EST | 8-7-30-11 | r_G | 0,24** | 0,52** | 1,00 | 0,46** | 0,09 |
| | | r_P | 0,22* | 0,44** | 1,00 | 0,31** | 0,10 |
| | | r_E | 0,12 | 0,17 | 1,00 | 0,02 | 0,22** |
| | | h^2_a | 87,22 | 73,49 | 78,33 | 54,35 | 91,26 |
| | | $\Delta_G \%$ | 0,93 | 1,39 | 14,91 | 4,72 | 1,05 |
| AIL | 28-27-14-7 | r_G | 0,58** | 0,82** | 0,46** | 1,00 | -0,13 |
| | | r_P | 0,43** | 0,45** | 0,31** | 1,00 | -0,06 |
| | | r_E | 0,13 | -0,19* | 0,02 | 1,00 | 0,12 |
| | | Δ_G | 0,74 | 1,53 | 3,87 | 1,29 | -2,65 |
| | | $\Delta_G \%$ | 1,88 | 1,80 | 5,71 | 8,55 | -1,26 |
| PMG | 25-27-3-11 | r_G | -0,37** | -0,04 | 0,09 | -0,13 | 1,00 |
| | | r_P | -0,32** | -0,03 | 0,10 | -0,06 | 1,00 |
| | | r_E | 0,11 | 0,02 | 0,22* | 0,12 | 1,00 |
| | | Δ_G | -0,61 | -0,09 | 0,94 | -0,21 | 27,38 |
| | | $\Delta_G \%$ | -1,54 | -0,10 | 1,40 | -1,39 | 13,05 |

* e ** significativo, respectivamente, nos níveis de 5% e 1% de probabilidade pelo teste t.

De acordo com estes mesmos autores, a ocorrência de correlação genética positiva ou negativa é devida, principalmente, à pleiotropia ou a ligações gênicas entre genes responsáveis por estas características. Por outro lado, CRUZ e REGAZZI (1997) comentam que a r_G e a r_p podem, eventualmente, apresentar sinais contrários, sendo o fato atribuído, em geral, a erro de amostragem; além disso, valores negativos de r_E evidenciam que o ambiente pode favorecer um caráter em detrimento do outro e valores positivos indicam que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pela interação com o ambiente. Também pode ser observado na Tabela 5 que a r_E revelou valores negativos somente para o par de caracteres EMFL/AIL. As estimativas de r_G e r_p entre os caracteres EMFL, EMMC, EST e AIL associados com o caráter PMG, de forma geral não diferiram de zero e, quando significativas, foram de pequena magnitude, fato que foi observado por COLLICCHIO et al., (1997), que afirmam não existir associação entre os caracteres estatura de planta e o PMG. Considerando, ainda, as correlações fenotípicas da Tabela 5, pode ser detectado que o maior PMG está associado com o menor ciclo vegetativo, também observado pelos autores SANTOS e VENCOSKY (1986).

O ganho genético estimado com a seleção direta e com a resposta correlacionada à seleção estão incluídos na Tabela 5. Para os caracteres primários EMFL, EMMC e AIL o ganho genético com a seleção aplicada diretamente nestes caracteres foi inferior a resposta correlacionada para o caráter secundário EST. Segundo FALCONER e MACKAY (1996) este fato pode ocorrer, quando a herdabilidade do caráter secundário EST for elevada, a correlação genética aditiva entre eles alta e a herdabilidade do caráter primário EMFL, EMMC e AIL for baixa. Pode ser observado, na Tabela 5, que os dois caracteres EMMC e AIL apresentaram herdabilidade inferior ao caráter EST e, também, coeficiente de correlação genético significativo e relativamente alto. Por outro lado, o valor alto do coeficiente de herdabilidade para o caráter primário EMFL foi superior ao caráter secundário EST. A estimativa do coeficiente de herdabilidade varia de acordo com os diversos caracteres agrônômicos. Para BORÉM (1997), caracteres que se desenvolvem em curto período de tempo estariam menos sujeitos à interação com o ambiente e, desta forma apresentariam maior valor de herdabilidade do que os sujeitos a um período de desenvolvimento maior, fato este que pode ser observado nos resultados inseridos na Tabela 4, onde os maiores valores da herdabilidade possuem a menor fração de variância de ambiente. Valores altos de herdabilidade segundo FEHR (1987), podem ser associados com maior variabilidade genética aditiva, menor variação de ambiente e menor interação genótipo x ambiente, como já foi referido anteriormente.

Para FEHR (1987), a efetividade da seleção indireta é acrescida quando o caráter secundário tem uma herdabilidade maior do que o caráter primário. O ganho esperado para os caracteres EMFL, EMMC e AIL, sendo a seleção praticada no caráter secundário EST,

provavelmente proporcione maior ganho genético. Por outro lado, para os dois caracteres EST e PMG a resposta correlacionada revelou valores inferiores, quando comparados com a resposta direta à seleção. GEADELMANN e FREY (1975) comentam que a seleção para qualquer caráter secundário não tem valor, se o desempenho deste caráter não é correlacionado com o desempenho do caráter primário. Sendo assim, o caráter PMG apontou correlação genética positiva somente com o caráter EST. Tal fato, evidencia probabilidade de ganho genético com a seleção direta e com a resposta correlacionada também, porém este ganho não alcançou índices superiores a 4% do ganho esperado com a seleção aplicada diretamente neste caráter. Como em programas de melhoramento genético o objetivo, em geral, é melhorar vários caracteres simultaneamente, o conhecimento destes parâmetros genéticos é de extrema importância, como revelam os dados experimentais obtidos neste trabalho.

CONCLUSÕES

As linhagens de feijão preto possuem ampla variabilidade genética para os caracteres estudados, revelando que métodos de melhoramento simples podem ser utilizados, promovendo considerável ganho genético. A seleção direta determina, para os caracteres EST e PMG, ganhos mais elevados do que a resposta correlacionada com os outros caracteres aqui avaliados; entretanto, os progressos genéticos com a seleção indireta apresentam alta eficiência quanto aos caracteres EMFL, EMMC e AIL. Não há associação entre EMFL, EMMC e EST e o PMG. É possível, assim, selecionar genótipos com qualquer tamanho de grãos.

BIBLIOGRAFIA CITADA

- ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, E.A.; SANTOS, J.B. Seleção de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) precoce com grão do tipo carioca e resistentes à antracnose. *Ciência e Prática*, Lavras, v. 14, n.1. p.72-82, 1990.
- AMARAL, A.L.; CARVALHO, F.I.F.; FEDERIZZI, L.C.; MITTELMANN, A.; PANDINI, F. Estimativa da herdabilidade para os caracteres adaptativos ciclo e estatura de planta em aveia. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.26, n.1. p.33-37, 1996.
- BISOGNIN, D.A.; ALMEIDA, L.A.; GUIDOLIN, A.F.; NASCIMENTO, J.A. Desempenho de cultivares de feijão em semeadura tardia no Planalto Catarinense. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.27, n.2. p.193-199, 1997.
- BORÉM, A. *Melhoramento de Plantas*. Viçosa: UFV, 1997. 547p.
- CAMARGO, L.E.A. Análise genética da resistência e da patogenicidade. In: *Manual de Fitopatologia*. 3. ed. São Paulo: CERES, 1995. p.455-469.
- CIAT. CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de Frijol. 2. ed. Cali: CIAT.1991. 56p.
- COLLICCHIO, E.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F. Associação entre porte da planta do feijoeiro e o tamanho de grãos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.32, n.3, p.297-304, 1997.

- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- CRUZ, C.D. **Aplicativo computacional em genética e estatística**. ed. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1997. 442p.
- DUDLEY, J.W.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. *Crop Science*, Madison, v.9, n.3, 257-261, 1969.
- FALCONER, D.S., MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. England: Longman, 1996. 463p.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivars development**. New York: Macmillan, 1987. 536p.
- GEADELMANN, J.L.; FREY, K.J. Direct and indirect selection mass selection for grain yield in bulk oat populations. *Crop Science*, Madison, v.15, p.490-494, 1975.
- GOMES, F.P. Curso de estatística experimental. 13° ed. Piracicaba: NOBEL, 1990. 403p.
- MIRANDA, G.V.; VIEIRA, C.; CRUZ, C.D. Adaptabilidade e estabilidade de comportamento de cultivares de feijão em quatro municípios da Zona da Mata de Minas Gerais. *Revista Ceres*, Viçosa, v.41, n.23, p.591-609, 1993.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; SANTA CECÍLIA, F.C.; ANDRADE, M.A. Seleção de progênes no feijão "Pintado" e estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos. *Ciência e Prática*, Lavras, v.3, p.51-57, 1979.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M. J de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia, 1993. 271p.
- RAMALHO, M.A.P.; VENCOVSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. *Ciência e Prática*, Lavras, v. 10, n.2, p.117-140, 1978.
- RESENDE, M.D.V.; SOUZA, C.L.J.; MAGNAVACA, R. Análise quantitativa da seleção envolvendo progênes de milho (*Zea mays* L.) em solos do cerrado e fértil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 32, n.5 p.495-507, 1997.
- SANTOS, J.; VENCOVSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). *Ciência e Prática*, Lavras, v. 10, n.3, p.265-272, 1986.
- STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. 1960. **Principles and procedures of statistics**. 2. ed. New York: McGraw-Hill, 1960. 473p.
- WILDNER, L.P. Manejo do solo para cultura do feijão: principais características e recomendações técnicas. In: **A cultura do feijão em Santa Catarina**. Florianópolis: EPAGRI, 1992. p.83-114.