

CONTROLE GENÉTICO DE ALGUNS COMPONENTES DO PORTE DA PLANTA EM FEIJOEIRO¹

JOÃO BOSCO SANTOS² e ROLAND VENCovsky³

RESUMO - Oito cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) foram cruzadas no esquema dialélico, excluindo-se os recíprocos, para determinar o controle genético da altura de inserção da primeira vagem, do comprimento da haste principal, do número e do comprimento médio dos internódios da haste principal. As cultivares e suas F₂ descendentes foram avaliadas no período de fevereiro e maio de 1981, em Lavras, MG, num experimento em blocos casualizados. O método dialélico empregado foi o desenvolvido por Hayman, com o qual se verificou que os dados se ajustaram ao modelo genético. A ação gênica aditiva foi predominante em relação à de dominância, em todos os caracteres, indicando que o comportamento médio das cultivares e das populações segregantes é um indicador útil de seus potenciais num programa de melhoramento. Como as F₂ exibiram diferentes valores de variabilidade genética, um procedimento adicional que auxilia na escolha das populações mais promissoras é utilizar as mais heterogêneas. A partir dessas F₂, e, considerando a base genética dos caracteres envolvidos, há grande possibilidade de obter tipos de plantas desejáveis, com porte arbustivo, elevada altura de inserção das vagens, grande número de internódios e com menor comprimento médio dos internódios.

Termos para indexação: *Phaseolus vulgaris*, análise dialélica.

GENETIC CONTROL OF SOME PLANT ARCHITECTURE COMPONENTS IN DRY BEAN

ABSTRACT - Eight bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars were crossed following a half-diallel model and data were obtained from the parents and F₂ generation in order to determine the genetic control of the insertion height of the first pod, length of the main stem, number and mean length of internodes of the main stem. A randomized block design with three replications was used in Lavras, MG, Brazil, in 1981. The method proposed by Hayman for analysing diallel crosses was used, and the data met the assumptions of the model. The additive gene action was predominant in relation to dominance for all traits. Consequently, one should consider means of the parents and of the F₂ for each trait to carry out a breeding program. An additional technique for choosing the best segregant population, is to consider those with larger genetic variability. It is possible to obtain plants with ideal architecture components like high insertion of pods and many short internodes in main stem, from the F₂ populations.

Index terms: *Phaseolus vulgaris*, diallel analysis.

INTRODUÇÃO

O feijoeiro é uma espécie que possui ampla variabilidade do porte das plantas. Esta característica é de primordial importância, porque está diretamente relacionada com o sistema de condução da cultura. A tendência atual, com o incremento do uso da mecanização, é de se utilizar cultivares mais eretas e com número suficiente de internódios para manter o potencial produtivo das plantas (Adams 1973).

Diante deste fato, é crescente o interesse dos melhoristas em considerar o porte da planta como um dos principais critérios seletivos. No entanto,

para que os trabalhos de melhoramento possam ser conduzidos de modo mais eficiente, há necessidade de se conhecer a base genética dos caracteres envolvidos na definição do porte da planta. Na literatura, já existem algumas informações a este respeito, porém os resultados são discordantes (Davis & Frazier 1966, Ibarra 1966, Miranda 1966, Dickson 1967, Vieira 1967, Paniagua & Pinchinat 1976, Freire Filho 1980).

No caso das cultivares e das condições existentes no Brasil, as informações sobre a base genética são escassas. Desta forma, foi conduzido o presente trabalho, que visou à obtenção de mais informações sobre o porte do feijoeiro, por intermédio da determinação do controle genético da altura de inserção da primeira vagem, comprimento da haste principal, número e comprimento médio dos internódios da haste principal.

¹ Aceito para publicação em 12 de maio de 1986.

² Eng. - Agr., M.Sc., D.Sc., Prof.-Adj., Dep. de Biologia, ESAL, CEP 37200 Lavras, MG, Bolsista do CNPq.

³ Eng. - Agr., M.Sc., Ph.D., Prof.-Adj., Dep. e Inst. de Genética, ESALQ/USP, CEP 13400 Piracicaba, SP.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas oito cultivares de feijão, relacionadas na Tabela 1, que foram cruzadas entre si no esquema dialélico sem considerar os cruzamentos recíprocos. Obtiveram-se 28 F_1 , que foram autofecundadas e produziram as 28 populações F_2 estudadas.

TABELA 1. Valores médios da altura de inserção da primeira vagem (A), do comprimento da haste principal (B), do número de internódios da haste principal (C) e do comprimento médio dos internódios (I) de oito cultivares de feijão.

Cultivares	A(cm)	B(cm)	C	I(cm)
1. Diacol Calima	17,12	35,53	10,10	3,54
2. Goiano Precoce	13,58	32,43	11,07	2,93
3. Roxo	13,42	51,13	11,27	4,55
4. Small White	9,37	74,33	13,47	5,48
5. Manteigão Fosco 11	18,40	39,70	10,10	3,94
6. Pintado	11,43	74,93	11,63	6,42
7. Ricopardo 896	10,78	106,67	15,60	6,85
8. Cornell 49.242	10,33	57,63	13,17	4,38
Tukey (5%)	4,61	9,89	2,96	1,28

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com três repetições, na avaliação das 28 F_2 e das oito cultivares, no período da seca de 1981, em Lavras, MG. Cada parcela era constituída de uma linha com 40 plantas, distribuídas em 20 covas, espaçadas de 20 cm e com duas plantas em cada cova. O espaçamento entre linhas foi de 50 cm. A adubação e os demais tratamentos culturais utilizados foram os recomendados para a cultura.

Avaliaram-se na haste principal de cada planta, a partir do solo, o comprimento, o número de internódios e o comprimento médio dos internódios. Obteve-se, também por planta, a altura de inserção da primeira vagem. Essas avaliações foram feitas cerca de dez dias após o florescimento. Foram consideradas, para as avaliações, todas as plantas das parcelas com as F_2 e apenas cinco plantas competitivas das parcelas com as cultivares.

Utilizando as médias dos tratamentos, realizou-se a análise da variância desenvolvida por Jones (1965), que permite testar os efeitos genéticos aditivos e de dominância.

Estimaram-se os componentes da variância genética, \bar{D} , \bar{H}_1 , \bar{H}_2 e \bar{F} , e da variância ambiental nas cultivares, \bar{E} , e nas F_2 , \bar{E}_1 , de acordo com o procedimento relatado por Hayman (1958) e Mather & Jinks (1971). Os erros para os componentes genéticos foram obtidos de acordo com o procedimento sugerido por Nelder (1953).

Utilizando os componentes genéticos, foram estimadas as herdabilidades nos sentidos amplo (\bar{h}_a^2) e restrito (\bar{h}_r^2), por meio das expressões apresentadas por Santos (1984).

Determinaram-se as constituições genéticas relativas das cultivares por intermédio da análise gráfica de regressão, segundo Hayman (1954) e Mather & Jinks (1971). Foi estimada a correlação (f) entre o grau de dominância de cada cultivar ($C_i + V_i$) e o seu comportamento médio (Hayman 1954, Toledo & Kiihl 1982), em que C_i é a co-variância fenotípica entre a i -ésima linha da tabela dialélica e a diagonal, representada pelas cultivares, enquanto que V_i é a variância fenotípica da i -ésima linha da tabela dialélica (Hayman 1954).

A partir das avaliações por planta, estimou-se a variância genética dentro de cada F_2 . Para isso, utilizou-se a variância ambiental média, obtida a partir das variâncias estimadas dentro das cultivares progenitoras de cada F_2 . De posse dessas variâncias e do comportamento médio das F_2 , estimaram-se para cada uma, os coeficientes de variação genético (CVg) e experimental (Cve) e o valor de $b = CVg/Cve$ (Vencovsky 1978).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da Tabela 1 mostram que as cultivares diferem em todas as características, o que é essencial para se determinar seus controles genéticos. É importante salientar que, entre as oito cultivares, três são de hábito de crescimento determinado — a Diacol Calima, a Goiano Precoce e a Manteigão Fosco 11 —, o que é devido a um único gene recessivo (Vieira 1967, Freire Filho 1980).

Após verificada a adequação dos dados ao modelo aditivo-dominante, para atender às restrições impostas pela metodologia (Hayman 1954, Toledo & Kiihl 1982), efetuaram-se as análises estatístico-genéticas. Tais análises constaram, basicamente, da análise da variância representada na Tabela 2, da estimativa dos componentes da variância e dos parâmetros genéticos registrados na Tabela 3, e da análise gráfica (Fig. 1). A utilidade dessas três análises é permitir que seus resultados sejam confirmados e, principalmente, sejam complementados.

Observa-se, na Tabela 2, na fonte de variação a, que a variância aditiva foi a única a contribuir para a variância genética entre cultivares e F_2 , para a altura de inserção da primeira vagem. Nos demais caracteres, a variância aditiva foi também predominante, porém a variância de dominância mostrou-se presente (fonte de variação b). A presença da dominância é mostrada também na Tabela 3, através do valor de \bar{H}_2 , e o valor positivo de \bar{F} indica

um excesso de genes dominantes em relação aos recessivos nas cultivares. A origem da variância de dominância resultou das diferentes proporções de genes dominantes e recessivos nas cultivares (fonte de variação b_2) (Tabela 2), e corresponde a um valor de \hat{H}_1 maior do que \hat{H}_2 (Tabela 3). Para o comprimento da haste principal e comprimento médio dos internódios, observou-se outra fonte da va-

riância de dominância, que consiste da diferença entre a média das cultivares e a média das F_2 , mostrada pela fonte de variação b_1 (Tabela 2). Nestes caracteres, o efeito da dominância foi no sentido de aumentar o valor fenotípico. Não se registrou efeito de dominância específica de cada F_2 , que é detectado pela fonte de variação b_3 .

TABELA 2. Análises da variância dos dados referentes à altura de inserção da primeira vagem (A), comprimento da haste principal (B), número de internódios da haste principal (C) e comprimento médio dos internódios (I), com as respectivas decomposições de populações nos componentes aditivo e de dominância.

Fontes de variação	G.L.	Quadrados médios			
		A	B	C	I
Blocos	2	64,797**	7,70	2,482**	0,729**
Populações	35	5,796**	297,91**	1,340**	1,116**
a	7	25,664**	1.176,57**	5,143**	4,133**
b	28	0,829	78,24**	0,389*	0,361**
b1	1	0,434	433,88**	0,059	3,456**
b2	7	0,714	115,42**	0,625*	0,334*
b3	20	0,889	47,45	0,322	0,216
Resíduo	69 ⁺	0,645	32,42	0,218	0,129
Total	106 ⁺	3,556	123,10	0,631	0,466
CV (%)		10,49	14,90	6,66	11,64
Médias	Cultivares	13,05	59,04	12,05	4,76
	F_2	13,35	67,50	12,13	5,42

* Indica significância ao nível de 5% de probabilidade.

** Indica significância ao nível de 1% de probabilidade.

⁺ Reduzidos de 1 GL porque uma parcela foi perdida, sendo por isso estimada.

TABELA 3. Estimativas dos componentes genéticos, dos erros experimentais e dos parâmetros genéticos derivados, relativos à altura de inserção da primeira vagem (A), comprimento da haste principal (B), número de internódios da haste principal (C) e comprimento dos internódios (I).

Estimativas	A	B	C	I
\hat{D}	9,21 ± 1,59	620,88 ± 105,85	3,67 ± 1,74	1,81 ± 0,56
\hat{H}_1	-0,17 ± 13,89	853,65 ± 123,12	4,21 ± 2,45	3,05 ± 2,61
\hat{H}_2	0,92 ± 10,06	523,60 ± 304,83	2,54 ± 1,89	2,42 ± 2,15
\hat{F}	-1,94 ± 3,89	530,99 ± 465,60	4,76 ± 3,33	0,77 ± 1,09
\hat{E}	4,59	33,79	0,56	0,33
\hat{E}_1	2,06	105,80	0,66	0,44
\hat{h}^2	0,88	0,77	0,69	0,74
\hat{h}^2_a	0,89	0,88	0,82	0,88
\hat{r}	0,88**	0,23	0,36	-0,49

** Indica significância no nível de 1% de probabilidade.

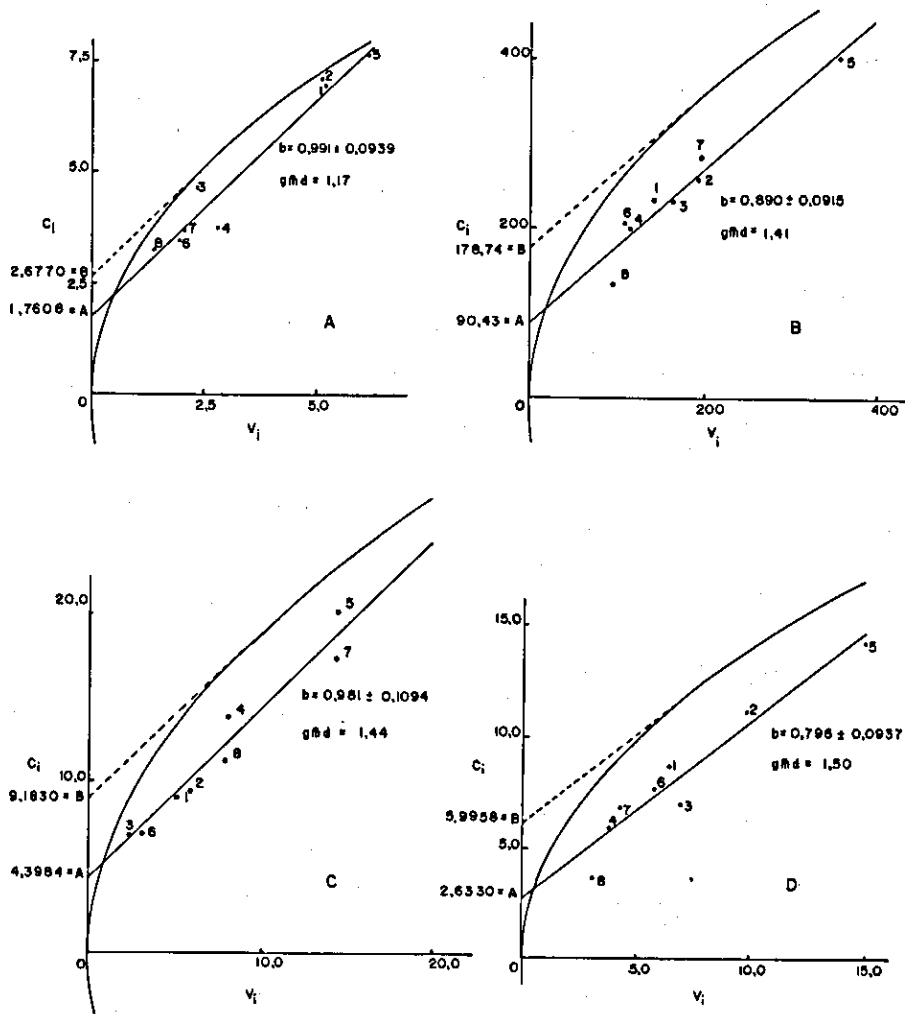


FIG. 1. Regressões entre C_1 e V_1 referentes a altura de inserção da primeira vagem (A), comprimento da haste principal (B), seu número de internódios (C) e comprimento médio dos internódios (D).

Apenas a variância aditiva, observada para altura de inserção da primeira vagem, é oriunda somente dos desvios aditivos dos genes, \hat{D} (Tabela 3). Para os demais caracteres, as diferentes proporções de genes dominantes e recessivos registradas nas cultivares contribuem também para a variância aditiva (Mather & Jinks 1971). No entanto, observa-se, nas Tabelas 2 e 3, que a variância oriunda dos efeitos aditivos dos genes é a mais importante para todos os caracteres, como salientam as semelhan-

ças dos valores de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito. É importante observar que todos os valores de herdabilidade são elevados, provavelmente por causa da heterogeneidade genética das cultivares e F_2 e, também, da pequena sensibilidade dos caracteres à influência dos fatores ambientais (Tabela 2).

Os resultados sobre o controle genético do porte do feijoeiro são discordantes, sendo observada a predominância da ação gênica aditiva por alguns

autores, da dominância por outros e, até mesmo, a presença da epistasia (Davis & Frazier 1966, Ibarra 1966, Dickson 1967, Paniagua & Pinchinat 1976). No entanto, esses resultados foram obtidos com a utilização de diferentes materiais e o emprego de diferentes metodologias de análises. É interessante registrar que, para a altura de inserção das vagens, tem sido verificada a predominância da ação gênica aditiva.

As classificações relativas das cultivares, quanto às proporções de genes dominantes e recessivos, estão apresentadas na Fig. 1. Segundo Hayman (1954), a cultivar portadora da maior proporção de genes dominantes é aquela que exibe os menores valores de C_i e V_i , enquanto a maior proporção de recessivos corresponde à cultivar com os maiores valores de C_i e V_i .

Os valores de correlação (r) entre os graus de dominância das cultivares e os seus comportamentos médios estão apresentados na Tabela 3. Correlação significativa indica que o efeito de dominância é unidirecional e permite estimar os limites de seleção dos genes dominantes presentes nas cultivares (Hayman 1954). Tais limites só puderam ser estimados para a altura de inserção da primeira vagem, e correspondem a 8,45 cm e 18,43 cm, respectivamente, para as alturas mínima e máxima da primeira vagem, além de indicar que os genes recessivos são os responsáveis pelo aumento da altura da vagem. De acordo com os resultados das Tabelas 2 e 3, não era esperada a presença de dominância no controle deste caráter. No entanto, o método gráfico foi imaginado essencialmente para detectar o efeito de dominância, daí a sua grande sensibilidade, mesmo quando a dominância é pouco pronunciada, como parece ocorrer com a altura da vagem, a ponto de não ser detectada nas análises das Tabelas 2 e 3.

Uma observação adicional para a altura de inserção da primeira vagem (Fig. 1A) é a distribuição das cultivares, aproximadamente em duas classes, próximas às extremidades da reta de regressão. Esta distribuição parece indicar a presença de um único gene dominante, nas cultivares posicionadas na extremidade inferior da reta, e de seu alelo recessivo, nas cultivares da extremidade superior, com hábito de crescimento determinado, isto é, a Diacol Calima, a Goiano Precoce e a Manteiga

Fosco 11. Observa-se que o gene dominante e seu alelo recessivo, relacionados à altura da vagem, coincidem com o par de alelos relacionados ao hábito de crescimento, e é, provavelmente, o mesmo gene com efeito pleiotrópico sobre os dois caracteres. Neste caso, o alelo recessivo, que condiciona hábito determinado, contribui também para o posicionamento superior das vagens, em acordo com os resultados da Tabela 1.

Davis & Frazier (1966) observaram, também, um controle genético essencialmente aditivo para a altura de inserção da primeira vagem, com a presença da dominância em alguns cruzamentos de cultivares contrastantes e, como no presente trabalho, mostrando ser a responsável pela inserção das vagens nas posições inferiores da planta.

Apesar da presença da dominância em todos os caracteres, o efeito aditivo dos genes foi predominante, e indica que a média das cultivares e das populações segregantes é a melhor indicadora dos materiais mais promissores para um programa de melhoramento. As maiores alturas de inserção da primeira vagem, aliada a uma planta vigorosa, é essencial para evitar o contato das vagens com o solo, preservar as qualidades da semente e viabilizar a colheita mecânica do feijoeiro. Com relação ao comprimento da haste principal e seus componentes primários, comprimento médio e número de internódios, o ideal como já foi salientado, é uma planta vigorosa, com o maior número de internódios que apresentem um comprimento médio menor. Essa arquitetura irá garantir um porte ereto e arbustivo, com um maior número de folhas, que deverá assegurar melhor aproveitamento da luz, e, também um maior número de nós de onde desenvolvem as inflorescências.

Na escolha das melhores populações segregantes para um programa de melhoramento, quando prevalece a ação gênica aditiva, além da melhor média, devem ser preferidas as populações com maior variabilidade, de onde se poderão selecionar os materiais mais desejáveis. Na Tabela 4 estão relacionadas as médias de todos os caracteres de cada F_2 , com os respectivos valores de b . Este dá idéia da magnitude da variabilidade genética em relação ambiental dentro de cada F_2 , e, segundo Vencovsky (1978), quando b é igual ou maior do que 1,0, tem-se uma situação favorável para a seleção.

TABELA 4. Valores médios da altura de inserção da primeira vagem (A), comprimento da haste principal (B), número de internódios da haste principal (C) e comprimento médio dos internódios (I) das 28 F₂, com os respectivos valores de b = (CVg/CVe).

F ₂	A(cm)	\hat{b}_A	B(cm)	\hat{b}_B	C	\hat{b}_C	I(cm)	\hat{b}_I
1 x 2	16,13	0,00	38,60	0,73	10,90	0,00	3,57	0,54
1 x 3	15,10	0,00	63,23	1,43	11,97	0,91	5,27	1,10
1 x 4	13,30	0,83	65,90	2,30	12,17	1,06	5,33	1,11
1 x 5	19,13	0,62	41,67	1,01	10,57	0,36	4,00	0,00
1 x 6	15,23	0,90	54,27	0,00	11,37	0,63	4,67	0,00
1 x 7	13,43	1,46	63,30	1,72	11,73	0,65	5,17	1,71
1 x 8	12,06	0,00	52,23	1,47	11,30	0,82	4,57	1,45
2 x 3	14,63	0,16	62,20	1,73	12,10	0,24	5,07	1,56
2 x 4	11,40	0,49	54,87	2,49	12,10	1,07	4,43	1,52
2 x 5	17,27	0,46	37,73	0,90	10,57	0,00	3,63	0,00
2 x 6	12,87	1,15	58,47	0,17	10,07	0,00	5,23	0,39
2 x 7	11,17	1,57	65,87	2,42	12,00	0,61	5,17	2,43
2 x 8	11,60	0,52	68,33	2,22	12,87	0,92	5,20	2,02
3 x 4	11,73	0,00	81,97	1,11	12,57	0,53	6,57	0,96
3 x 5	16,23	0,00	77,90	1,70	12,13	0,38	6,37	1,31
3 x 6	13,47	0,72	71,60	0,26	12,13	0,86	5,83	0,44
3 x 7	13,40	0,58	92,40	1,45	13,00	0,00	7,00	1,57
3 x 8	12,45	0,59	74,10	1,80	12,30	0,65	5,95	1,52
4 x 5	12,80	0,45	15,93	2,62	11,80	1,12	5,40	1,83
4 x 6	13,87	0,66	80,80	0,86	12,83	0,58	6,20	0,31
4 x 7	9,87	0,00	84,73	1,10	13,57	0,00	6,13	1,01
4 x 8	10,20	0,00	83,40	1,00	14,47	0,55	5,80	0,61
5 x 6	15,30	0,44	76,40	1,29	11,74	0,60	6,50	1,33
5 x 7	12,93	0,41	85,17	2,58	13,83	0,77	5,93	2,28
5 x 8	13,53	0,00	64,40	2,10	12,20	0,93	5,17	2,03
6 x 7	12,23	1,78	83,90	1,09	12,30	0,52	6,70	0,99
6 x 8	12,30	0,48	65,07	0,71	12,13	0,39	5,27	0,81
7 x 8	10,23	0,79	75,33	1,61	13,00	0,42	5,57	1,68
Média	13,35	0,54	67,50	1,42	12,13	0,56	5,42	1,16
Tukey (5%)	4,56		33,00		2,58		2,11	

Observa-se na Tabela 4, que os valores de b são muito variáveis entre as populações de médias semelhantes, em todos os caracteres, o que o torna de grande utilidade na escolha das populações potencialmente mais promissoras. Nota-se, ainda, que o maior número de populações com grande variabilidade genética ocorreu para o comprimento da haste principal e comprimento médio dos internódios.

CONCLUSÕES

1. O controle genético de todos os caracteres é condicionado, principalmente, pela ação gênica aditiva. Portanto, o comportamento médio das cul-

tivares e das populações segregantes é indicador útil do potencial de cada uma, para orientar a condução de um programa de melhoramento.

2. Como as F₂ apresentaram diferentes valores de variabilidade genética, os de maiores magnitudes, associados aos comportamentos médios favoráveis, indicam as populações potencialmente mais promissoras para a seleção de materiais desejáveis.

3. Plantas de porte arbustivo, com maior altura de inserção da primeira vagem, maior número de internódios e com menor comprimento médio dos internódios poderão ser obtidas a partir das populações F₂ avaliadas, em face do controle genético dos caracteres envolvidos.

REFERÊNCIAS

- ADAMS, M.W. Plant architecture and physiological efficiency in the field bean. In: POTENTIALS of field beans and other legumes in Latin America. Cali, CIAT, 1973. p.266-78.
- DAVIS, D.W. & FRAZIER, W.A. Inheritance of some growth habit components in certain types of bush lines of *Phaseolus vulgaris* L. Proc. Am. Soc. Hortic. Sci., 88:384-92, 1966.
- DICKSON, M.H. Diallel analysis of seven economic characters in snap beans. Crop Sci., 7(2):121-4, 1967.
- FREIRE FILHO, F.R. Herança do número de dias para a floração e do hábito de crescimento em feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). Viçosa, UFV, 1980. 38p. Tese Mestrado.
- HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses - I. Genetics, Austin, 39:789-809, 1954.
- HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses - II. Genetics, Austin, 43:63-85, 1958.
- IBARRA, S.A.O. Contribuição ao estudo da herança de crescimento em *Phaseolus vulgaris* L. Piracicaba, ESALQ/USP, 1966. 59p. Tese Mestrado.
- JONES, R.M. Analysis of variance of the half diallel table. Heredity, 20:117-21, 1965.
- MATHER, K. & JINKS, J.L. Biometrical genetics. 2. ed. London, Chapman and Hall, 1971. 382p.
- MIRANDA, C.S. Herencia del hábito de crecimiento en *Phaseolus vulgaris* L. Agrociencia, Chapingo, 1(1):17-83, 1966.
- NELDER, J.A. Statistical models in biometrical genetics. Heredity, 7:111-9, 1953.
- PANIAGUA, C.V. & PINCHINAT, A.M. Criterios de selección para mejorar el rendimiento de grano en fríjol (*Phaseolus vulgaris* L.). Turrialba, 26(2):126-31, 1976.
- SANTOS, J.B. dos. Controle genético de caracteres agrônômicos e potencialidades de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para o melhoramento genético. Piracicaba, ESALQ/USP, 1984. 223p. Tese Doutorado.
- TOLEDO, J.F.F. de & KIIHL, R.A. de S. Métodos de análise dialélica do modelo genético em controle das características dias para floração e número de folhas trifolioladas em soja. Pesq. agropec. bras., Brasília, 17(5):745-55, maio 1982.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., coord. Melhoramento e produção do milho no Brasil. Piracicaba, Marprint, 1978. p.122-201.
- VIEIRA, C. O feijoeiro-comum; cultura, doenças e melhoramento. Viçosa, Imprensa Universitária, 1967. 220p.