

KENY HENRIQUE MARIGUELE

**CONTROLE GENÉTICO DA QUALIDADE DA VAGEM EM
CRUZAMENTO DE FEIJÃO-VAGEM X FEIJÃO-COMUM**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. PhD. Wilson Roberto Maluf

**LAVRAS
MINAS GERAIS-BRASIL
2006**

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Mariguele, Keny Henrique

Controle genético da qualidade da vagem em cruzamento de Feijão-Vagem x
Feijão-Comum / Keny Henrique Mariguele. -- Lavras : UFLA, 2006.
20 p. : il.

Orientador: Wilson Roberto Maluf
Dissertação (Mestrado) – UFLA.
Bibliografia.

1. Feijão-Vagem. 2. Populações segregantes. 3. Ação gênica. 4. Herdabilidade.
I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-635.65223

KENY HENRIQUE MARIGUELE

**CONTROLE GENÉTICO DA QUALIDADE DA VAGEM EM
CRUZAMENTO DE FEIJÃO-VAGEM X FEIJÃO-COMUM**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Mestre”.

Aprovada em 21 de agosto de 2006

Dr. João Bosco dos Santos

UFLA

Dr. Luiz Antonio Augusto Gomes

UFLA

Prof. PhD. Wilson Roberto Maluf
Orientador

**LAVRAS
MINAS GERAIS-BRASIL
2006**

AGRADECIMENTOS

A minha mãe, Sueli; meus irmãos, Kayke e Kelsen; aos professores da ESAM, Paulo Sérgio e Glauber; ao CNPq; ao professor Maluf, pela orientação; aos professores João Bosco e Luiz Antonio, pelas sugestões; aos professores Magno, Cezar e Samuel, pelos ensinamentos; aos técnicos Vicente e Moreto; a Marcus José, David, Rafaela, Luciano e Ronaldo, pela ajuda nas avaliações dos experimentos; a Lamartine; a secretária Elaine, por estar sempre disposta a ajudar; e aos colegas de curso, em especial Regiane, Eliza, Saulo, Nádia, Gabriel, Felipe, Edmilson, Francine e Adriano.

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	i
GENERAL ABSTRACT	ii
CONTROLE GENÉTICO DA QUALIDADE DA VAGEM EM CRUZAMENTO DE FEIJÃO-VAGEM x FEIJÃO- COMUM.....	1
RESUMO	1
ABSTRACT	2
INTRODUÇÃO	3
MATERIAL E MÉTODOS.....	6
RESULTADOS E DISCUSSÃO	12
CONCLUSÕES	17
AGRADECIMENTOS	18
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	18

RESUMO

MARIGUELE, Keny Henrique. **Controle genético da qualidade da vagem em cruzamento de feijão-vagem x feijão-comum.** 2006. 20p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG*.

As informações sobre o controle genético de caracteres ligados à qualidade da vagem em *Phaseolus vulgaris* L. são escassas na literatura. Sua importância está na tomada de decisão durante a execução do programa de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi determinar os tipos principais de ações gênicas responsáveis pela expressão fenotípica de alguns caracteres de importância relacionados à vagem, em cruzamento entre uma cultivar de feijão-vagem e uma linhagem de feijão-comum. Foram avaliadas duas populações segregantes (F_2 e $F_{2:3}$) além das linhagens parentais. Utilizou-se a cultivar de feijão-vagem Conquista Rasteiro como genitora materna, e a linhagem de feijão-comum H126 como genitora masculina. As características avaliadas foram: comprimento da vagem, largura entre as suturas (L_1), largura das valvas (L_2), formato da vagem (L_2/L_1 e nota de 1 = redonda a 5 = achatada) e teor de fibra da vagem. Os efeitos não-aditivos foram importantes em todas as características avaliadas. Embora tenha ocorrido predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais em muitas características (comprimento, L_2/L_1 , nota e teor de fibra), a eficiência da seleção em plantas individuais tende a ser bastante baixa nas gerações

segregantes pouco avançadas, devido aos baixos valores de \hat{h}_r^2 , com exceção, dos caracteres relacionados ao formato da vagem (L_2/L_1 e nota). Houve predomínio dos efeitos genéticos sobre os ambientais para todas as

características em famílias e os elevados valores de $\hat{h}_{r(F_3)}^2$ encontrados indicam a alta eficiência de seleção de famílias nas gerações segregantes pouco avançadas, para todas as características, exceto para comprimento e teor de fibra. Os coeficientes de correlação genética foram baixos entre todas as características avaliadas (L_2/L_1 e nota).

* Orientador: PhD. Wilson Roberto Maluf – UFLA.

ABSTRACT

MARIGUELE, Keny Henrique. **Genetic control of pod quality in a cross between snap beans x common bean.** 2006. 20p. Dissertation (Master's degree in Crop Science) – Federal University of Lavras, Lavras, MG*.

Information on genetic control of pod quality in snap beans *Phaseolus vulgaris* L. are scarce in the literature, but are nonetheless important for decision-making during a breeding programme. The objective of this work was to study the types of gene action involved in phenotypic expression of pod quality in a cross between snap beans x common bean. Two segregating populations (F_2 and $F_{2,3}$) were evaluated along the parental lines. The snap bean cultivar Conquista Rasteiro was used as the female parent, and the common bean line H126 as the male parent. The following traits were evaluated: pod length, between – suture width (L_1), valve width (L_2), pod shape (L_2/L_1 an shape scale from 1 = round to 5 = flat), and percent pod fiber. Non-additive gene effects were important for all traits evaluated. Even though effects were higher than environmental effects for most traits (pod length, pod shape and percent pod fiber), efficiency of selection at the individual plant tends to be low in early segregating generation, as demonstrated by the low narrow-sense heritabilities for most traits (except for L_2/L_1 an shape scale). At the family mean, genetic effects were higher than environmental effects for all traits under study, and most traits present high narrow-sense heritabilities, indicating high selection efficiency at family for all traits except pod length and percent fiber. The genetic coefficients of correlations were low in magnitude for all pairs of traits except for L_2/L_1 and pod shape scale.

* Major Professor: PhD. Wilson Roberto Maluf – UFLA.

**CONTROLE GENÉTICO DA QUALIDADE DA VAGEM EM
CRUZAMENTO DE FEIJÃO-VAGEM x FEIJÃO-COMUM**

**GENETIC CONTROL OF POD QUALITY IN A CROSS BETWEEN
SNAP BEANS x COMMON BEAN**

(Preparado de acordo com as normas da Revista Ciência e Agrotecnologia)

KENY HENRIQUE MARIGUELE

WILSON ROBERTO MALUF

LUIZ ANTÔNIO AUGUSTO GOMES

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi determinar os tipos principais de ações gênicas responsáveis pela expressão fenotípica de alguns caracteres de importância relacionados à qualidade da vagem em um cruzamento entre feijão-vagem e feijão-comum. Foram avaliadas duas populações segregantes (F_2 e $F_{2,3}$), além das linhagens parentais. Como genitora feminina, utilizou-se a cultivar de feijão-vagem Conquista Rasteiro e como genitora masculina, a linhagem de feijão-comum H126. As características avaliadas foram: comprimento da vagem, largura entre as suturas (L_1), largura das valvas (L_2), formato da vagem (L_2/L_1 e nota de 1 = redonda a 5 = achatada) e teor de fibra da vagem. Os efeitos não-aditivos foram mais importantes em todas as características avaliadas. Embora tenha ocorrido predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais em muitas características (comprimento, L_2/L_1 , nota e teor de fibra), a eficiência da seleção em plantas individuais tende a ser bastante baixa nas gerações segregantes pouco avançadas, devido aos baixos valores de \hat{h}_r^2 , com exceção

dos caracteres relacionados ao formato da vagem (L_2/L_1 e nota). Houve o predomínio dos efeitos genéticos sobre os ambientais para todas as características em nível de famílias, e os elevados valores de $\hat{h}_{r(F_3)}^2$ encontrados indicam a alta eficiência de seleção de famílias nas gerações segregantes pouco avançadas, para todas as características, exceto para comprimento e teor de fibra. Os coeficientes de correlação genéticos foram baixos entre todas as características avaliadas, exceto (L_2/L_1 e nota).

Termos para indexação: feijão-vagem, populações segregantes, ação gênica e herdabilidade.

ABSTRACT

The objective of this work was to study the types of gene action involved in phenotypic expression of pod quality in a cross between snap beans x common bean. Two segregating populations (F_2 and $F_{2,3}$) were evaluated along the parental lines. The snap bean cultivar Conquista Rasteiro was used as the female parent, and the common bean line H126 as the male parent. The following traits were evaluated: pod length, between – suture width (L_1), valve width (L_2), pod shape (L_2/L_1 an shape scale from 1 = round to 5 = flat), and percent pod fiber. Non-additive gene effects were important for all traits evaluated. Even though effects were higher than environmental effects for most traits (pod length, pod shape and percent pod fiber), efficiency of selection at the individual plant tends to be low in early segregating generation, as demonstrated by the low narrow-sense heritabilities for most traits (except for L_2/L_1 an shape scale). At the family mean , genetic effects were higher than environmental effects for all traits under

study, and most traits present high narrow-sense heritabilities, indicating high selection efficiency at family for all traits except pod length and percent fiber. The genetic coefficients of correlations were low in magnitude for all pairs of traits except for L_2/L_1 and pod shape scale.

Index terms: snap beans, segregating populations, gene action and heritabilities

INTRODUÇÃO

Os feijões consumidos na forma de grãos secos são ricos em calorias e proteínas. Em contraste, as demais formas consumidas como vagens verdes, combinam teores mais baixos de matéria seca e de proteínas, porém, com quantidades maiores de vitaminas e sais minerais (SILBERNAGEL et al., 1991). O feijão-vagem pertence à mesma espécie (*Phaseolus vulgaris L*) do feijão-comum e é uma das 10 hortaliças mais cultivadas no Brasil, produzida, principalmente, por agricultores familiares (PEIXOTO et al, 2001).

Grande parte das características que distinguem o feijão-vagem do feijoeiro comum está relacionada à ocorrência de mutações em locos que controlam características de qualidade das vagens, as quais foram selecionadas e recombinadas em hibridações na Europa e ou nos Estados Unidos há mais de 150 anos e, possivelmente, também na China (SILBERNAGEL, 1996).

O termo feijão-vagem destina-se aos feijões consumidos sob a forma de hortaliça, fresca ou processada (enlatada ou congelada) (LEAL, 1987), apresentando baixo teor de fibras nas vagens, em geral inferior a 1% (MALUF, 1994). Assume-se que são originários da Europa e da América do Norte, onde, inicialmente, inúmeros genótipos eram cultivados em pequenas hortas, para consumo familiar (SILBERNAGEL et al., 1991).

No Brasil, os feijões-vagens são classificados em dois tipos principais, conforme o formato da vagem: os tipos macarrão e manteiga (FILGUEIRA, 2000). O tipo macarrão, de maior importância econômica, apresenta vagens de secção transversal arredondada ou levemente ovalada, com comprimento variando de 15 a 18 cm e diâmetro médio em torno de 0,8 cm no ponto comercial. O tipo manteiga possui vagens de secção achatada, em geral com comprimento de 21 a 23 cm e largura variando de 1,5 a 2,0 cm (MALUF, 1994).

Os objetivos do melhoramento do feijão-vagem são bastante variáveis de um país para outro e as estratégias variam de acordo com as prioridades dos sistemas de produção e das exigências do mercado consumidor (SILBERNAGEL et al., 1991).

No Brasil, tradicionalmente, pouca atenção tem sido dedicada ao melhoramento do feijão-vagem. Em geral, os agricultores mais aprimorados têm sido os principais responsáveis pela seleção e manutenção de cultivares. Essas populações locais são frequentemente mantidas pelos agricultores e ou produzidas comercialmente por companhias de sementes (MALUF, 1994). Por outro lado, grande esforço tem sido dedicado ao melhoramento genético de tipos de feijoeiros destinados ao consumo como grãos (DUTRA et al., 2001; KUREK, et al., 2001a; KUREK, et al., 2001b; ABREU et al., 2003; FALEIRO et al., 2003; RIBEIRO et al., 2004; COUTO et al., 2005; MARTINS et al., 2005 e OLIVEIRA et al., 2006), de modo que estão disponíveis no Brasil inúmeras e excelentes cultivares de feijoeiro comum, resistentes a doenças, notadamente à antracnose.

O uso destas cultivares melhoradas de feijoeiro comum no melhoramento de feijão-vagem, visando, principalmente, a resistência à doenças, embora desejável, tem sido limitado, em grande parte, pelas dificuldades de se recuperarem tipos hortícolas com qualidade de vagem (comprimento, formato,

teor de fibra) aceitáveis para que uma cultivar se destine ao consumo de vagens verdes.

Para o melhorista, o conhecimento da herança dos caracteres de importância agrônômica lhe permitirá optar com uma maior segurança pelo método de melhoramento mais adequado. No entanto, o conhecimento da herança é dificultado pelo controle poligênico de caracteres quantitativos, assim como pela influência do ambiente. Por isso, a utilização de metodologias estatístico-genéticas adequadas é importante na elucidação desses caracteres (RAMALHO et al., 1993).

O conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter é primordial para o processo de seleção e à predição do comportamento das gerações segregantes (CRUZ & REGAZZI, 1997). As informações sobre o controle genético de caracteres ligados à qualidade da vagem em feijão são escassas na literatura. Sua importância está na tomada de decisões quanto aos métodos a serem seguidos ou ao tamanho de população a ser conduzida durante a execução do programa de melhoramento.

Poucos trabalhos recentes existem no Brasil com referência à herança destes caracteres em feijão-vagem. Rodrigues et al. (1998), numa análise dialélica envolvendo três linhagens de feijão-vagem e duas linhagens de feijão comum, concluíram que os efeitos gênicos aditivos foram maiores que os de dominância para os caracteres número de vagens e de sementes por planta, comprimento da vagem e teor de fibra na vagem. Para os caracteres diâmetro da vagem e altura de plantas, os efeitos de dominância superaram os aditivos.

Carvalho et al. (1999) estudaram a capacidade de combinação para oito caracteres agrônômicos em cultivares rasteiras de feijão-vagem. Nestas condições, os autores concluíram que os efeitos de dominância e ou epistasia estão envolvidos no controle das características (número total de vagens, peso total de vagens, comprimento da vagem, diâmetro da vagem, número de dias

para início de florescimento, número de dias para fim do florescimento, teor de fibra da vagem e altura das plantas).

O objetivo do presente trabalho foi determinar os tipos principais de ações gênicas responsáveis pela expressão fenotípica de alguns caracteres de importância relacionados à vagem, em um cruzamento de uma cultivar de feijão-vagem (susceptível à antracnose) e uma de feijão comum (resistente à antracnose).

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram realizados na Estação Experimental da HortiAgro Sementes Ltda., localizada na fazenda Palmital, no município de Ijaci, MG. A cidade de Ijaci está situada a 21°14'16'' de latitude Sul, a 45°08'00'' de longitude Oeste e 920 m de altitude. A temperatura média situa-se entre 18 e 21 °C e a precipitação entre 1.100 e 2.000 mm, com estação chuvosa de, aproximadamente, 5 meses.

Na obtenção das gerações segregantes, foi utilizada, como genitora feminina, a cultivar de feijão-vagem Conquista Rasteiro e, como masculina, a linhagem de feijão-comum H126. A Conquista Rasteiro é oriunda da empresa Hortec Sementes e possui vagens do tipo macarrão com sementes brancas e hábito de crescimento determinado. A H126 é oriunda do programa de melhoramento do feijoeiro comum da UFLA, possuindo o alelo Co-4² de resistência à antracnose, grãos do tipo carioca e vagens pequenas, achatadas, com formato típico das cultivares de feijão comumente utilizadas, e elevado teor de fibras nas vagens.

Os experimentos foram conduzidos utilizando-se as gerações F₂ e F_{2,3}, além das linhagens parentais. O primeiro experimento foi semeado no dia

14/03/2005, utilizando os pais e a geração F_2 , num delineamento inteiramente ao acaso composto de 140 parcelas, com 4 plantas por parcela, espaçadas de 25 cm dentro da parcela e 30 cm entre as parcelas. Das 140 parcelas, 20 corresponderam a cada um dos pais e 100 à geração F_2 . Sementes foram colhidas na população F_2 em plantas individuais, obtendo-se famílias $F_{2,3}$. O segundo experimento foi semeado escalonando-se o plantio das repetições (blocos) em 15 dias, sendo a primeira repetição semeada no dia 06/02/2006, usando-se sementes $F_{2,3}$ colhidas em cada planta F_2 , além das linhagens parentais. Neste experimento, 110 tratamentos foram plantados em 5 repetições (blocos), usando o mesmo número de plantas e espaçamento do experimento anterior. Destes 110 tratamentos, 100 corresponderam a famílias $F_{2,3}$ (não selecionadas previamente para nenhuma característica agronômica) e 5 a cada uma das linhagens parentais. Usou-se irrigação por gotejamento e tratos culturais recomendados para a cultura.

As colheitas, para efeito das avaliações da qualidade da vagem, foram efetuadas quando a linhagem parental Conquista Rasteiro atingiu o estágio de vagens comerciais.

Os dados relativos às características avaliadas foram tomados com base em cada planta individualmente em 3 vagens por planta.

As características avaliadas foram:

- **comprimento da vagem:** obtido pela medida longitudinal (em mm) entre a base e o ápice da vagem;

- **largura 1:** a medida (em mm) do diâmetro transversal de uma sutura a outra (L_1), na posição central das vagens;

- **largura 2:** a medida (em mm) da largura das valvas (L_2), na posição central das vagens;

- **formato da vagem:** a relação de medida L_2/L_1 indica o formato da vagem, ou seja, quanto mais próximo de 1, indica formato cilíndrico, tendendo

para o tipo macarrão e, quanto mais próximo de 0, indica vagens achatadas, tendendo para o tipo manteiga. Além dessa relação, atribuiu-se uma nota de 1 a 5 para formato, em que a nota 1 representa vagens cilíndricas e 5 vagens achatadas. Tanto a relação L_2/L_1 quanto a nota são duas formas de medir o mesmo caráter, tendo a nota a vantagem de ser mais rápida e levar em consideração toda a vagem;

- **teor de fibras nas vagens:** foi determinado de acordo com a metodologia utilizada por Rodrigues et al. (1998), com modificações. Três vagens *in natura* foram trituradas por um minuto no liquidificador, em seguida, as amostras foram colocadas em peneiras de 30 mesh, lavadas em água corrente e, posteriormente, colocadas a secar sobre papel filtro em estufa de circulação forçada, até atingir peso constante. O resultado foi expresso em porcentagem de fibras relativamente ao peso fresco das vagens.

Utilizando-se os dados médios, foram estimados os componentes de média, empregando-se o método dos quadrados mínimos ponderados (ROWE & ALEXANDER, 1980; MATHER & JINKS, 1984; RAMALHO et al., 1993). Considerou-se o modelo aditivo e dominante sem epistasia, conforme a expressão:

$$\hat{B} = (X'X)^{-1} X'Y$$

Vetor dos estimadores (\hat{B}):

$$\hat{B} = \begin{pmatrix} \hat{m} \\ \hat{a} \\ \hat{d} \end{pmatrix}$$

[m] = média fenotípica dos genótipos homozigóticos

[a] = desvio dos homozigotos em relação ao ponto médio

[d] = desvio do heterozigoto em relação ao ponto médio

Matriz do coeficiente (X):

$$X = \begin{vmatrix} 1 & -1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1/2 \\ 1 & 0 & 1/4 \end{vmatrix}$$

Vetor das médias observadas (Y):

$$Y = \begin{vmatrix} \hat{m}_{P_1} \\ \hat{m}_{P_2} \\ \hat{m}_{F_2} \\ \hat{m}_{F_{2:3}} \end{vmatrix}$$

\hat{m}_{P_1} = estimativa da média do pai 1

\hat{m}_{P_2} = estimativa da média do pai 2

\hat{m}_{F_2} = estimativa da média da geração F_2

$\hat{m}_{F_{2:3}}$ = estimativa da média da geração $F_{2:3}$

Estimaram-se também os componentes de variância

$(\hat{\sigma}_A^2, \hat{\sigma}_D^2, \hat{\sigma}_{e(W)}^2, \hat{\sigma}_{e(B)}^2)$, empregando-se o método dos quadrados mínimos

ponderados (MATHER & JINKS, 1984; RAMALHO et al., 1993):

$$\hat{B} = (X'X)^{-1} X'Y$$

Vetor de parâmetros (\hat{B}):

$$\hat{B} = \begin{pmatrix} \hat{\sigma}_A^2 \\ \hat{\sigma}_D^2 \\ \hat{\sigma}_{e(W)}^2 \\ \hat{\sigma}_{e(B)}^2 \end{pmatrix}$$

$\hat{\sigma}_A^2$ = estimativa da variância genética aditiva

$\hat{\sigma}_D^2$ = estimativa da variância genética de dominância

$\hat{\sigma}_{e(W)}^2$ = estimativa da variância ambiental entre plantas

$\hat{\sigma}_{e(B)}^2$ = estimativa da variância ambiental entre famílias

Matriz do coeficiente (X):

$$X = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1/4 & 0 & 1 \\ 1/2 & 1/2 & 1 & 0 \\ 1 & 1/2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Vetor de variâncias observadas (Y):

$$Y = \begin{pmatrix} \hat{\sigma}_{F_2}^2 \\ \hat{\sigma}_{F_{2:3}}^2 \\ \hat{\sigma}_{dF_{2:3}}^2 \\ Cov_{F_2, \bar{F}_{2:3}} \\ \hat{\sigma}_e^2 \end{pmatrix}$$

$\hat{\sigma}_{F_2}^2$ = estimativa da variância fenotípica entre plantas da geração F_2

$\hat{\sigma}_{F_{2:3}}^2$ = estimativa da variância fenotípica entre famílias $F_{2:3}$

$\hat{\sigma}_{dF_{2:3}}^2$ = estimativa da variância fenotípica entre plantas dentro de famílias $F_{2:3}$

$Cov_{F_2, \bar{F}_{2:3}}$ = estimativa da covariância entre plantas da geração F_2 e a média de famílias da geração $F_{2:3}$

$\hat{\sigma}_e^2$ = estimativa da variância ambiental entre plantas (calculada a partir das plantas dos genitores masculinos e femininos)

Quanto aos componentes de variância, usaram-se as restrições de que as estimativas das variâncias ($\hat{\sigma}_A^2, \hat{\sigma}_D^2, \hat{\sigma}_e^2$) fossem maiores/iguais a zero. Isso foi feito utilizando-se os recursos computacionais da ferramenta ‘Solver’ do Microsoft Excel, apropriado para programação linear.

As herdabilidades para todas as características foram estimadas de acordo com as expressões mostradas na Tabela 1.

TABELA 1. Expressões para a obtenção das estimativas da herdabilidade no sentido amplo e restrito, em plantas e em famílias F_{2:3}.

	Em plantas	Em famílias F _{2:3}
Sentido amplo	$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2}{\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2 + \hat{\sigma}_{e(w)}^2}$	$\hat{h}_{a(F_3)}^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2 + \frac{1}{4}\hat{\sigma}_D^2}{\hat{\sigma}_A^2 + \frac{1}{4}\hat{\sigma}_D^2 + \hat{\sigma}_{e(B)}^2}$
Sentido restrito	$\hat{h}_r^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2 + \hat{\sigma}_{e(w)}^2}$	$\hat{h}_{r(F_3)}^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_A^2 + \frac{1}{4}\hat{\sigma}_D^2 + \hat{\sigma}_{e(B)}^2}$

Os coeficientes de correlação genética entre pares de características avaliadas foram estimados utilizando-se os dados fenotípicos da geração F₂ de uma das características e a média das famílias F_{2:3} da outra característica.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O caráter comprimento da vagem apresentou o componente de média [**d**] = -1,95, bem menor que o de [**a**] = 13,54 (Tabela 2), mostrando que, aparentemente os efeitos aditivos foram mais importantes do que os não-aditivos. No entanto, quando analisam-se os componentes de variância (Tabela 3), observa-se um elevado valor para o componente não aditivo de $\hat{\sigma}_D^2 = 555,4267$ comparado a um valor nulo para $\hat{\sigma}_A^2$. Isso se explica pelo fato do valor de [**d**] ser obtido pelo somatório dos desvios, de modo que valores com sinais contrários podem anular-se. O valor elevado de $\hat{\sigma}_D^2$, associado ao baixo valor [**d**], permite concluir que este caráter é controlado, principalmente, por alelos

dominantes. Porém, tais alelos não atuam todos no mesmo sentido, isto é, há alelos dominantes que tendem a aumentar o comprimento da vagem, mas há também alelos dominantes que atuam diminuindo o comprimento. As estimativas dos componentes de variância têm a vantagem de obter a verdadeira estimativa dos efeitos genéticos, já que, mesmo havendo desvios de sinais opostos, estes não se cancelam, por serem elevados ao quadrado. Rodrigues et al. (1998), utilizando dialelo de feijão-vagem x feijão-comum e Dickson (1967), Singh (1991) e Carvalho et al. (1999), utilizando dialelo feijão-vagem x feijão-vagem, encontraram efeitos aditivos para esse caráter, mas as conclusões destes autores não se baseiam na análise de cruzamentos biparentais, como é o presente caso.

Para a L_1 , o grau médio de dominância $[d]/[a] = 13,0$ indica que os efeitos não-aditivos foram maiores (Tabela 2). Como o valor de $\hat{\sigma}_D^2 = 0,5675$ foi mais elevado que os de $\hat{\sigma}_A^2 = 0,3103$ (Tabela 3), tal indicação é confirmada. Para esta característica, maiores valores de L_1 são dominantes em relação a menores valores. Esse sentido de dominância é indicado pelo sinal positivo de $[d] = 1,20$ (Tabela 2).

Para os caracteres L_2 e L_2/L_1 , os graus médios de dominância foram próximo de 1 (- 0,81 para L_2) e superior a 1 (- 1,14 para L_2/L_1), mostrando que os efeitos não-aditivos também foram mais importantes, no entanto, as estimativas de $\hat{\sigma}_D^2$ foram zero (Tabela 3). Uma possível explicação para altos valores absolutos de $[d]$ associados a baixas estimativas de $\hat{\sigma}_D^2$ seria o controle genético destas características por numerosos alelos com ação gênica dominante e unidirecional: $[d]$ seria o somatório de efeitos lineares de um grande número de alelos dominantes, todos atuando numa mesma direção, enquanto o $\hat{\sigma}_D^2$ seria

pequeno por representar o somatório de um grande número de variâncias de baixo valor. Os sinais negativos de **[d]**, - 0,77 e - 0,22 para L_2 e L_2/L_1 , respectivamente (Tabela 2), indicam que menores valores de L_2 são dominantes em relação a maiores valores, e formato achatado é dominante em relação a formato cilíndrico.

TABELA 2. Estimativas dos componentes de médias **[m]**, **[a]**, **[d]** e o grau de dominância **[d]/[a]**, para comprimento da vagem (comp), largura transversal (L_1), largura entre as valvas (L_2), relação L_2/L_1 , nota e porcentagem de fibra.

Caracteres	Componentes de média			
	[m]	[a]	[d]	[d]/[a]
Comp	117,59	13,54	- 1,95	- 0,14
L₁	8,90	0,92	1,20	1,30
L₂	6,67	0,94	- 0,77	- 0,81
L₂/L₁	0,77	0,19	- 0,22	- 1,14
Nota	2,93	1,73	2,30	1,33
Fibra (%)	4,78	3,48	2,47	0,71

Para nota da vagem, observa-se um valor de **[d]/[a]** = 1,33 (Tabela 2), sugerindo que os efeitos não-aditivos foram mais importantes. Também Rodrigues et al. (1998) relata o predomínio de efeitos não-aditivos para formato da vagem. Quando analisa-se a Tabela 3, observa-se que a estimativa de $\hat{\sigma}_A^2$ = 0,8077 foi no entanto maior que de $\hat{\sigma}_D^2$ = 0,3436. Isso explica-se, como já comentado anteriormente, quando se considera herança poligênica com dominância unidirecional. O sinal positivo de **[d]** = 2,30 indica, assim como para L_2/L_1 , que menores valores de L_2 são dominantes em relação a maiores valores e

formato achatado é dominante em relação a formato cilíndrico, conclusão semelhante à encontrada para a característica L_2/L_1 .

TABELA 3. Estimativas dos componentes de variâncias ($\hat{\sigma}_A^2, \hat{\sigma}_D^2, \hat{\sigma}_{e(w)}^2, \hat{\sigma}_{e(B)}^2$), para comprimento da vagem (comp), largura transversal (L_1), largura entre as valvas (L_2), relação L_2/L_1 , nota e porcentagem de fibra.

Caracteres	Variâncias			
	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	$\hat{\sigma}_{e(w)}^2$	$\hat{\sigma}_{e(B)}^2$
Comp	0	555,4267	101,6043	0
L₁	0,3103	0,5675	1,4361	0,1150
L₂	0,3134	0	0,8007	0,2637
L₂/L₁	0,0136	0	0,0083	0,0012
Nota	0,8077	0,3436	0,3167	0,0224
Fibra (%)	0	2,9193	3,6674	0,7788

Quanto ao teor de fibra, o valor de $[d]/[a] = 0,71$ (Tabela 2) os efeitos não-aditivos também foram mais importantes para este caráter. O sinal positivo de $[d] = 2,30$ (Tabela 2) indica que o alto teor de fibra é dominante ao baixo teor de fibra. Rodrigues et al. (1998) e Carvalho et al. (1999) encontraram resultados semelhantes para este caráter. A estimativa de $\hat{\sigma}_D^2 = 2,9193$ foi maior que $\hat{\sigma}_A^2 = 0$ (Tabela 3).

Quanto às herdabilidades em plantas F_2 (Tabela 4) no sentido amplo \hat{h}_a^2 , observa-se que as estimativas variaram de baixa (0,28 para L_2), moderadamente elevadas (0,38 para L_1 e 0,44 para teor de fibra) a elevadas para as demais características (0,84; 0,62 e 0,78 para comprimento, L_2/L_1 e nota para formato, respectivamente). Estimativas moderadamente elevadas e elevadas para algumas

características indicam a predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais nestes casos. As estimativas de \hat{h}_r^2 foram baixas para todas as características, exceto para formato (0,62 para L_2/L_1 e 0,55 para nota), indicando que, embora tenha ocorrido predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais em algumas características, a eficiência da seleção em plantas individuais tende a ser bastante baixa nas gerações segregantes pouco avançadas, devido aos baixos valores de \hat{h}_r^2 , com exceção dos caracteres relacionados ao formato da vagem (L_2/L_1 e nota).

TABELA 4. Estimativas das herdabilidades no sentido amplo e restrito em plantas F_2 (\hat{h}_a^2 e \hat{h}_r^2) e em famílias F_3 ($\hat{h}_{a(F_{2:3})}^2$ e $\hat{h}_{r(F_3)}^2$), para comprimento da vagem (comp), largura transversal (L_1), largura entre as valvas (L_2), relação L_2/L_1 , nota e porcentagem de fibra.

Caracteres	Plantas F_2		Famílias $F_{2:3}$	
	\hat{h}_a^2	\hat{h}_r^2	$\hat{h}_{a(F_{2:3})}^2$	$\hat{h}_{r(F_3)}^2$
Comp	0,84	0	1	0
L_1	0,38	0,13	0,80	0,55
L_2	0,28	0,28	0,54	0,54
L_2/L_1	0,62	0,62	0,92	0,92
Nota	0,78	0,55	0,98	0,88
Fibra (%)	0,44	0	0,48	0

As estimativas das herdabilidades encontradas nos trabalhos citados por Singh (1991), para o comprimento da vagem, variaram de 0,53 a 0,91 no sentido amplo (altas conforme as encontradas neste trabalho) e de 0,53 a 0,70 no sentido restrito (superiores às encontradas neste trabalho). Para os demais caracteres, não foram encontradas referências na literatura.

As estimativas das herdabilidade em famílias $F_{2,3}$ (Tabela 4) no sentido amplo ($\hat{h}_{a(F_{2,3})}^2$) variaram de moderadamente elevadas (0,48 para teor de fibra) a elevadas (para as demais características), mostrando a predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais em todas as características avaliadas. Conforme o esperado, as herdabilidades no sentido amplo em famílias $F_{2,3}$ foram superiores às estimadas para a geração F_2 , onde foi calculada em plantas individuais. As estimativas no sentido restrito foram elevadas para todas as características, exceto para comprimento e teor de fibra que foram zero devido à baixa (nula) estimativa obtida para $\hat{\sigma}_A^2$. Elevados valores de $\hat{h}_{r(F_3)}^2$ indicam a elevada eficiência de seleção de famílias nas gerações segregantes pouco avançadas, para todas as características exceto comprimento de vagem e teor de fibra.

TABELA 5. Coeficiente de correlação genética (r_G) para comprimento da vagem (comp), largura transversal (L_1), largura entre as valvas (L_2), relação L_2/L_1 , nota e porcentagem de fibra.

Caracteres	Comp	L_1	L_2	L_2/L_1	Nota	Fibra (%)
Comp	-	0,14	- 0,13	- 0,18	0,16	- 0,21
L_1		-	- 0,41	- 0,63	0,62	- 0,22
L_2			-	0,64	- 0,62	- 0,05
L_2/L_1				-	- 0,83	0,09
Nota					-	- 0,06
Fibra (%)						-

Os coeficientes de correlação foram baixos entre todos os caracteres avaliados, exceto L_2/L_1 e nota para formato da vagem (-0,83). Baixos coeficientes de correlação genética refletem a eficiência em selecionar um caráter sem benefício e ou prejuízo de um outro. Apenas entre L_2/L_1 e Nota as

correlações foram altas em magnitude, devido ao fato de ambas as características refletirem diferentes modos de analisar formato de vagem.

CONCLUSÕES

Os efeitos não-aditivos foram mais importantes em todas as características avaliadas.

Embora tenha ocorrido predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais em outras características, a eficiência da seleção em nível de plantas individuais tende a ser bastante baixa nas gerações segregantes pouco avançadas devido aos baixos valores de \hat{h}_r^2 , com exceção dos caracteres relacionados ao formato da vagem (L_2/L_1 e nota).

Houve predomínio dos efeitos genéticos sobre os ambientais, para todas as características nas famílias e os elevados valores de $\hat{h}_{r(F_3)}^2$ indicam a alta eficiência de seleção em famílias nas gerações segregantes pouco avançadas, para todas as características, exceto para comprimento e teor de fibra.

Os coeficientes de correlação foram baixos entre todas as características avaliadas, exceto (L_2/L_1 e nota).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. de F.B.; RAMALHO, M.A.P.; CONÇALVES, F.M.A.; MENDONÇA, H.A. de. Utilização da produtividade de grãos na seleção para, resistência ao *Collectotrichum lindemuthianum* no feijoeiro. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 2, p. 363 – 369, mar./abr. 2003.
- CARVALHO, A.C.P.P. de; LEAL, N.R.; RODRIGUES, R.; COSTA, F.A. Capacidade de combinação para oito caracteres agronômicos em cultivares rasteiras de feijão-vagem. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 2, p. 102 – 105, jul. 1999.
- COUTO, M.A.; SANTOS, J.B. dos; FERREIRA, J.L. **Melhoramento do feijoeiro comum com tipo de grão carioca visando resistência à antracnose e à mancha angular**. 2005. Disponível em: <www.cnpaf.embrapa.br/conafe/pdf/conafe2005-0042.pdf> Acesso em: 07 ago. 2006.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- DICKSON, M.H. Diallel analysis of seven economic characters in snap beans. **Crop Science**, v.7, n.2, p.121-124, 1967.
- DUTRA, M.R.; ANDRADE, M.J.B. de; JUNQUEIRA, A.D. de A.; SILVA, M.V. da. Comportamento de cultivares e linhagens de feijoeiro do grupo roxo-vermelho em duas épocas de plantio na região sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 5, p. 1225 – 1228, set./out. 2001.
- FALEIRO, F.G., RAGAGNIN, V.A.; SCHUSTER, I.; CORRÊA, R.X.; GOOD-GOD, P.J.; BROMMONSHENKEL, S.H.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Mapeamento de genes de resistência do feijoeiro à ferrugem antracnose e mancha-angular usando marcadores RAPD. **Fitopatologia Brasileira**, v. 28, n. 1, jan./fev. 2003.
- FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: UFV, 2000. 402p.

KUREK, A.J.; CARVALHO, F.I.F. de; ASSMANN, I.C.; CRUZ, P.J. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 645 – 651, abr. 2001a.

KUREK, A.J.; CARVALHO, F.I.F. de; ASSMANN, I.C., MARCHIORO, V.S.; CRUZ, P.J. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 7, n. 1, p. 29 – 32, jan./abr. 2001b.

LEAL, N.R. **El mejoramiento genético de la habichuela en America Latina**: memorias de un taller. Cali, Colômbia: CIAT, 1987. p.135-147.

MALUF, W.R. **Melhoramento do Feijão-vagem**: melhoramento de hortaliças. Lavras: UFLA, 1994. (Apostila).

MARTINS, M.; MELO, L.C.; MELO, B. de; MELO, B. de; FARIA, L.C.D. **Avaliação de genótipos de feijoeiro comum, resistentes ao caruncho em Uberlândia – MG**. 2005. Disponível em: <www.cnpaf.embrapa.br/conafe/pdf/conafe2005-0334.pdf> Acesso em: 07 ago. 2006.

MATHER, K.; JINKS, L.L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 242p.

OLIVEIRA, G.V.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E. de S.; CRUZ, C.D. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 2, p. 257 – 265, fev. 2006.

PEIXOTO, N.; MORAIS, E.A.; MONTEIRO, J.D.; THUNG, M.D.T. Seleção de linhagens de feijão-vagem de crescimento indeterminado para cultivo no Estado de Goiás. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 19, n. 1, p. 85-88, mar. 2001.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

RIBEIRO, N.D.; JOST, E.; CARGNELUTTI FILHO, A. Efeitos da interação genótipo x ambiente no ciclo e na coloração do tegumento dos grãos do feijoeiro comum. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 3, p. 373 – 380, 2004.

RODRIGUES, R.; LEAL, N. R.; PEREIRA, M.G. Análise dialélica de seis características agronômicas em *Phaseolus vulgaris* L. **Bragantia**, Campinas, v.57, n.2, p.241 - 250, 1998.

ROWE, K.E.; ALEXANDER, W.L. Computations for estimating the genetic parameters in joint-scaling tests. **Crop Science**, v.20, n.1. p.109-110. Nov./Dec. 1980.

ROWE, K.E.; ALEXANDER, W.L. Computations for estimating the genetic parameters in joint-scaling tests. **Crop Science**, v.20, n.1, p.109-110, Nov./Dec. 1980.

SILBERNAGEL M.J. Snap bean breeding. In: BASSETT, M.J. (Ed.). **Breeding vegetable crops**. Westport, Connecticut, The AVI, 1996. p.243-282.

SILBERNAGEL M.J.; JANSSEN, W.; DAVIS, J.H.C.; OCA, G.M. Snap bean production in the tropics: implications for genetic improvement. In: _____. **Common beans: research for crop improvement**. Melksham, Wiltshire, UK: Redwood, 1991. p.835-863.

SINGH, S.P. Bean genetics. In: _____. **Common beans: research for crop improvement**. Melksham, Wiltshire, UK: Redwood, 1991. p-199-255.