

SILVA, Gláucio Freitas Oliveira ; OLIVEIRA, Suiane, Roberta; MELO, Leonardo Cunha; DEL PELOSO, Maria José ; BASSINELO, Priscila Zaczuk; MELO, Patrícia Guimarães Santos. Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro comum. In: CONGRESSO DE PESQUISA, ENSINO E EXTENSÃO DA UFG - CONPEEX, 3., 2006, Goiânia. *Anais eletrônicos do III Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão da UFG*, Goiânia: UFG, 2006. n.p.

Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro comum.

SILVA, Gláucio Freitas Oliveira¹ ; OLIVEIRA, Suiane, Roberta²; MELO, Leonardo Cunha³; DEL PELOSO, Maria José⁴; BASSINELO, Priscila Zaczuk⁵; MELO, Patrícia Guimarães Santos⁵

Palavras Chave: *Phaseolus vulgaris*, melhoramento genético, Proteína.

1. Introdução

O sucesso de programas de melhoramento depende da exploração eficiente da variabilidade genética gerada pelas populações segregantes. Os métodos de condução de população segregante de plantas autógamas normalmente mais empregados são o método genealógico (pedigree), método da população (bulk), descendência de uma única semente (SSD – *single seed descendent*) e “bulk” dentro de famílias F₂ e F₃ (Ramalho et al., 1993). As comparações entre os métodos de condução de populações segregantes em feijoeiro são ainda poucas e visam, principalmente, a produção de grãos (Raposo, 1999; Castanheira & Santos, 2004). Os resultados esperados deste estudo produzirão informações relevantes para o programa de melhoramento de feijão, para indicar qual o método de condução das populações segregantes de feijoeiro que permite uma maior liberação da variabilidade genética em função das características estudadas. O objetivo do trabalho foi avaliar o potencial genético de populações segregantes de feijoeiro comum conduzidas por diferentes métodos de melhoramento.

2. Metodologia

2.1 - Condução das populações segregantes.

Foram plantados indivíduos F₂ provenientes dos cruzamentos entre as linhagens CNFC 7812 x CNFP 8056. Os Experimentos foram realizados na Embrapa Arroz e Feijão. Em estudos preliminares este cruzamento mostrou-se contrastante para o caráter qualidade de proteína do grão. A partir de 94 indivíduos F₂, obtiveram-se as famílias que foram conduzidas pelo método SSD e método de “bulk” dentro de F₂ até F_{2:6};

2.1.1. Método da descendência de uma única semente (SSD)

O método, conforme descrito por Brim (1966), prevê que uma semente F₃ de cada indivíduo F₂ da população seja colhida aleatoriamente e agrupada para constituir F₃. As sementes F₃ agrupadas são plantadas, e uma semente F₄ de cada indivíduo F₃ é colhida na época da maturação. Este procedimento é repetido até a geração F₅, na qual se selecionam plantas individuais, que são submetidas ao teste de progênie. As progênies F_{5:6}, que se mostrarem uniformes e superiores são colhidas individualmente em bulk e avaliadas ao ensaio preliminar de avaliação de linhagens (Borém,1999). O avanço das gerações por este método se deu em casa de vegetação, na Embrapa arroz e Feijão, foram semeadas três sementes por vaso de cada planta da população segregante F₂, constituindo assim a geração F₃, desta geração foram colhidas sementes de uma planta para originar a geração F₄, este procedimento foi adotado até F₅.

2.1.2. Método Bulk dentro de F₂

SILVA, Gláucio Freitas Oliveira ; OLIVEIRA, Suiane, Roberta; MELO, Leonardo Cunha; DEL PELOSO, Maria José ; BASSINELO, Priscila Zaczuk; MELO, Patrícia Guimarães Santos. Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro comum. In: CONGRESSO DE PESQUISA, ENSINO E EXTENSÃO DA UFG - CONPEEX, 3., 2006, Goiânia. *Anais eletrônicos do III Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão da UFG*, Goiânia: UFG, 2006. n.p.

O método consiste em se tomar um grande número de plantas na geração F₂, e conduzir testes de rendimento das famílias derivadas de tais plantas nas gerações subseqüentes. Com base em tais testes eliminam-se as piores famílias. A seleção natural é permitida atuar apenas dentro das famílias, e quando as plantas estiverem com suas características fixadas, ou com alto grau de homozigose (a partir F₆), selecionam-se as melhores plantas dentro das famílias.

A população segregante F₂ foi obtida aleatoriamente de 140 plantas que originaram as famílias F_{2:3}, estas foram avançadas pelo método do bulk, conduzidas na estação experimental da Embrapa Arroz e Feijão, município de Santo Antônio de Goiás-GO em uma linha de dois metros, sendo o plantio realizado em março de 2005 e colhido em junho de 2005, originando as famílias F_{2:4}.

Estas famílias foram conduzidas no delineamento de látice triplo 12x12, com duas linhas de dois metros, realizados na Embrapa Arroz e Feijão. A semeadura ocorreu em julho de 2005 e colhido em outubro de 2005. Neste ensaio foram obtidos dados de florescimento e produtividade de grãos (kg/ha)..

As famílias F_{2:5} foram conduzidas no delineamento látice triplo 12x12, em quatro linhas de quatro metros, e espaçadas entre si 0,5 metros, sendo a semeadura realizada em Ponta Grossa-PR, em fevereiro de 2006.

2.2 - Avaliação do teor de proteína

As avaliações de qualidade nutricional do grão para teor de proteína serão realizadas na geração F₂, e em todas as famílias provenientes dos métodos de condução e as mensurações do teor de proteína serão realizadas no Laboratório de Qualidade de Grão da Embrapa Arroz e Feijão. A determinação do teor de proteína será estimada a partir do conteúdo de nitrogênio total do grão pelo método microkjeldhal, utilizando-se do fator 6,25 para conversão do nitrogênio em proteína (AOAC, 1980).

2.3 – Obtenção de parâmetros genéticos

Foi realizada a análise de variância para cada caráter avaliado nas famílias F_{2:4} e F_{2:5}. A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios estimou-se os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos. Para isso utilizou-se o programa computacional GENES, v5. A Herdabilidade realizada foi calculada escolhendo-se os dez melhores genitores na geração F_{2:4}, e utilizando-se a seguinte fórmula proposta por Ramalho *et al.*, (1993)

$$h_{45}^2 = \frac{GS_5 / m_3}{ds_2 / m_2}$$

Onde GS₃ é o ganho com a seleção dos descendentes (geração F_{2:5}): a média, na geração F_{2:5} dos indivíduos selecionados na geração F_{2:4}, menos a média geral dos indivíduos dessa geração, ds₂ é o diferencial de seleção do pai, isto é, a média dos indivíduos selecionados na geração F_{2:4} menos a média geral dos indivíduos dessa geração, e m₂ e m₃ são as médias das famílias nas gerações F_{2:4} e F_{2:5} respectivamente.

3.Resultados e discussão

O resumo da análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos para florescimento está apresentado na tabela 1. Houve diferenças significativas entre as famílias, o que mostra a existência de variabilidade para este caráter, sendo isto uma vantagem no melhoramento. Observa-se que a herdabilidade foi de 58,37%, maior que a encontrada por Melo *et al.*, (2000) que foi igual a 39,38%. A herdabilidade segundo Ramalho *et al.*, (1993) é um dos parâmetros genéticos que mais contribui para o trabalho do melhorista, pois mede a confiabilidade do valor genotípico como indicador do valor reprodutivo.

Tabela 1: Resumo da análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos para Florescimento das famílias F_{2:4} avaliadas em Goiânia, GO, 2005.

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	2	52,24	26,12	26,6**
Bloco (Rep)	33	59,17	1,79	1,82**
Tratamentos	143	312,62	2,18	2,22**
Erro	251	249,92	0,98	
Total	431	673,96		
Cv (%)	2,11	Média(dias)	47	

PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS	
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	0,754832
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	0,314227
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	0,440605
HERDABILIDADE (US : média da família) - %	58,3713
COEF. VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	1,412161

Significativos a 1% de probabilidade

Os resumos das análises de variância do bulk F_{2:4} e F_{2:5} estão apresentados na tabela 2. Observou-se diferenças significativas entre as famílias nas duas gerações. Na geração F_{2:4}, a herdabilidade do caráter produtividade foi de 39,46%, valor abaixo do encontrado por Lana *et al.*, (2003), que encontrou herdabilidades de 49 a 67%, mas valor mais elevado do que em Pereira *et al.*(2004) que encontrou valores de 31,82 a 38,39%. Já na geração F_{2:5}, a herdabilidade encontrada foi de 66,61% valores acima dos encontrados nos estudos apresentados. A herdabilidade realizada, utilizando as gerações F_{2:4} e F_{2:5} foi de 40,00% sendo próxima da encontrada na geração F_{2:4} e inferior a encontrada na geração F_{2:5}. Essa estimativa da herdabilidade realizada é importante porque ela reflete o que o melhorista realmente conseguiria com essa seleção para o caráter em estudo, sendo medida mais precisa pois avalia o material em dois ciclos diferentes.

O coeficiente de variação genético estima o a variabilidade entre os materiais genéticos estudados. O valor deste coeficiente para floração foi de 1,41%, valor aproximado com o obtido por Melo *et al.*, (2000) que foi de 2,03% e o coeficiente de variação genético para produção ficou em 11,12% na geração F_{2:4} e 13,72% na F_{2:5}. Esses valores são aproximados ao valor obtido por Melo *et al.*,(2005) que foi de 12,97% no teste de progênies Carioca.

SILVA, Gláucio Freitas Oliveira ; **OLIVEIRA**, Suiane, Roberta; **MELO**, Leonardo Cunha; **DEL PELOSO**, Maria José ; **BASSINELO**, Priscila Zaczuk; **MELO**, Patrícia Guimarães Santos. Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro comum. In: CONGRESSO DE PESQUISA, ENSINO E EXTENSÃO DA UFG - CONPEEX, 3., 2006, Goiânia. **Anais eletrônicos do III Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão da UFG**, Goiânia: UFG, 2006. n.p.

Como verificou-se diferença significativa entre as famílias avaliadas para esses dois caracteres, constata-se que existe variabilidade genética suficiente nesses cruzamentos, tanto para florescimento como para produtividade, que permita a seleção e obtenção de famílias superiores.

Tabela 2: Resumo da análise de variância e parâmetros genéticos para Produtividade das famílias F_{2:4} avaliadas em Goiânia, GO, 2005 e

FV	GL	F _{2:4} QM	F _{2:5} QM
Repetições	2	1.890.63,41**	367.116,51
Blocos (Rep)	33	2.48.971,85**	965.649,03
Tratamentos	143	184.297,48**	415.770,78 **
Erro	253	62.360,25	138.814,24
Total	431		
Cv (%)		14,6	16,83
Média		1814	2213
Parâmetros genéticos e fenotípicos			
Variância fenotípica (média)		103.005,99	138.590,26
Variância ambiental		62.360,25	46.271,41
Variância genotípica (média)		40.645,74333	92.318,85
Herdabilidade (média da família) - %		39,46	66,61
Coef. Variação genético (%)		11,12	13,72

Significativo a 1% de probabilidade

.Os resultados encontrados para teor de proteína no grão foram obtidos até o momento para as famílias F₅ do método SSD. Verificou-se que o teor de proteína médio foi de 16,58%, resultado inferior ao obtido por Lemos *et al.*,(2004) o qual encontrou teores de proteína de 18,6% para a cultivar Rudá, 23,8% para o material Porto Real. Esse resultado também é inferior ao dos genitores pais na média geral, mas existem indivíduos superiores ao melhor genitor, contendo 25,55%.

4. Conclusões

O cruzamento CNFC 7812 x CNFC 8056 originou famílias com variabilidade genética para teor de proteína, produtividade de grãos e florescimento.

5. Referências Bibliográficas

AOAC: Association of Official Analytical Chemists – Official analysis. 13 th ed. 1980.

CASTANHEIRA, A. L. M.; SANTOS, J. DOS B. **RAPD marker assessment of self-pollinated inbreeding methods for common bean segregant populations.** Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 4, n. 1. 1-6., 2004.

BRIM, C. A. (1966). A modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 6, p. 220.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística.** Editora UFV, Viçosa MG, 1997, 642p.

SILVA, Gláucio Freitas Oliveira ; OLIVEIRA, Suiane, Roberta; MELO, Leonardo Cunha; DEL PELOSO, Maria José ; BASSINELO, Priscila Zaczuk; MELO, Patrícia Guimarães Santos. Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro comum. In: CONGRESSO DE PESQUISA, ENSINO E EXTENSÃO DA UFG - CONPEEX, 3., 2006, Goiânia. **Anais eletrônicos do III Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão da UFG**, Goiânia: UFG, 2006. n.p.

DUARTE, J.M., SANTOS, J.B., MELO, L.C. **Genetic divergence among common bean cultivars from different races based on RAPD markers**. Genet. Mol. Biol, São Paulo, v.22, n.3, ,1999.

FREY, K. J. **The use of F2 lines in predicting the performance of F3 selections in two barley crosses**. Agronomy Journal, Madison, V. 46, n. 12, p.541.

LANA, A.M.Q.; CARDOSO, A.A.; CRUZ, C.D. Herdabilidades e correlações entre caracteres de linhagens de feijão obtidas em monocultivo e em consórcio com o milho. **Ciência rural**, V.33, N.6, P. 1031-1037, Nov-dez 2003. Santa Maria, 2003.

LE MOS, L.B.; OLIVEIRA R.S.; PALOMINO, E.C.; SILVA T.R.B. Características agrônomicas e tecnológicas de genótipos de feijão do grupo comercial carioca. **Pesq. Agropec. Bras.** V.39, N.4, P. 319-326, Brasília 2004.

MELO, LC.; LEMES, G.C.; DEL PELOSO, M.J.; FARIA, L.C.; COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; DIAZ, J.L.C.; ABREU, A.F.B.; CARVALHO, H.W.L.; TEIXEIRA, M.G.; WARWICK, D.R.N.; FILHO, I.A.P.; ZIMMERMAN, F.J.P. **Adaptabilidade no programa de melhoramento do feijoeiro comum da embrapa arroz e feijão**. Disponível em: http://www.cnpaf.embrapa.br/publicacao/boletimpesquisa/bolpesq_13.pdf. Acesso em 15 de Set. 2006.

MELO, L.C.; SANTOS J. B.; FERREIRA, D. F. **Mapeamento de QTL's para florescimento do feijoeiro com marcadores RAPD em diferentes ambientes**. Disponível em: http://www.editora.ufla.br/revista/26_4/art12.pdf. Acesso em 15 de Set. 2006.

PEREIRA, H.S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F.B. Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agrônomicas desejáveis. **Pesq. Agropec. Bras.** V.39, N.3, Brasília 2004.

RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J. DOS B.; ZIMMERMANN, M. J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações no melhoramento do feijoeiro**. Editora da UFG, Goiânia, 1993, 271 p.

RAPOSO, F. V. **Comparação de métodos de condução de população segregantes na cultura do feijoeiro**. Dissertação de Mestrado. 73 p, UFLA, Lavras, 1999,.

FONTE DE FINANCIAMENTO: Universidade Federal de Goiás

¹ Bolsista de pós-graduação do Programa em Agronomia da Escola de Agronomia e Eng. de Alimentos – glauciofros@yahoo.com.br

² Bolsista PIBIC – Curso de Agronomia - suagro@gmail.com

³ Pesquisador – Embrapa Arroz e Feijão – leonardo@cnpaf.embrapa.br

⁴ Pesquisadora – Embrapa Arroz e Feijão – peloso@cnpaf.embrapa.br e pzbasson@cnpaf.embrapa.br

⁵ Orientadora – Setor de melhoramento de plantas – EA/UFG – pgsantos@agro.ufg.br