

GILBERTO LUIZ ZANELLA

SISTEMA RADICULAR NO MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO
(Phaseolus vulgaris L.)

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Produção Vegetal, da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Vegetal.

Orientador: Jefferson Luís Meirelles Coimbra
Coorientador: Altamir Frederico Guidolin

LAGES, SC
2016

GILBERTO LUIZ ZANELLA

SISTEMA RADICULAR NO MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO
(Phaseolus vulgaris L.)

Dissertação apresentada ao Curso de Mestrado em Produção Vegetal, da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Vegetal.

Banca Examinadora

Orientador:

Prof. Dr.: JEFFERSON LUÍS MEIRELLES COIMBRA

Professor do Departamento de Agronomia do Centro de Ciências Agroveterinárias –
CAV/UDESC

Membro Interno:

Prof. Dr.: CLEIMON EDUARDO DO AMARAL DIAS

Professor do Departamento de Agronomia do Centro de Ciências Agroveterinárias –
CAV/UDESC

Membro Externo:

Prof. Dr.: BRAULIO OTOMAR CARON

Professor do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Santa Maria – UFSM,
RS.

Lages, SC 19/12/2016

Zanella, Gilberto Luiz
Sistema radicular no melhoramento genético do
feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) / Gilberto Luiz
Zanella. - Lages , 2016.
33 p.

Orientador: Jefferson Luis Meirelles Coimbra
Co-orientador: Altamir Frederico Guidolin
Dissertação (Mestrado) - Universidade do Estado
de Santa Catarina, Centro de Ciências
Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em
Produção Vegetal, Lages, 2016.

1. Arquitetura de raiz. 2. Melhoramento vegetal.
3. Raiz do feijoeiro. 4. Sistema radicular. I.
Meirelles Coimbra, Jefferson Luis. II. Frederico
Guidolin, Altamir. , .III. Universidade do Estado
de Santa Catarina, Centro de Ciências
Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em
Produção Vegetal. IV. Título.

Aos meus amigos, à família e à Deus, dedico...

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, primeiramente. A Universidade do Estado de Santa Catarina/UDESC, em especial ao Centro de Ciências Agroveterinárias/CAV, pela estrutura oferecida a formação do aluno. A todos os colegas do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular da UDESC – IMEGEM pelo apoio, convivência, aprendizado e amizade. Aos meus orientadores, professores Jefferson Luís Meirelles Coimbra e Altamir Frederico Guidolin, pelos valiosos ensinamentos, pela competente orientação, pela paciência e pelo tempo que dispuseram em me ajudar. A tantos outros colaboradores diretos e indiretos nesta grande conquista.

RESUMO

ZANELLA, Gilberto Luiz. **SISTEMA RADICULAR NO MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2016. 33 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Lages, SC, 2016.

O rendimento de grãos na cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é altamente afetado por fatores abióticos como baixa fertilidade do solo, deficiência hídrica e altas temperaturas. O desenvolvimento de novas cultivares, mais eficientes na absorção de água e nutrientes, tem sido objetivo do melhoramento vegetal. Nesse sentido, tem-se dado enfoque a melhoria do sistema radicular, da morfologia, arquitetura e distribuição radicular. O objetivo do trabalho foi determinar o principal componente da variância genética da distribuição radicular em feijão e definir as estratégias de seleção para o melhoramento deste caráter. Para tanto, um experimento compreendendo 40 constituições genéticas, sendo 12 populações segregantes nas gerações F₄, F₅ e F₆ e 4 populações fixas (genitores) foi desenvolvido durante os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16. Os tratamentos foram dispostos em blocos aumentados de Federer com 3 repetições. Quando as constituições genéticas apresentaram pleno florescimento foram abertos perfis perpendiculares à linha de semeadura e colocado um gradiente para a quantificação do sistema radicular. A distribuição da raiz foi avaliada no sistema binário (denominação de presença (1) e ausência (0) das raízes em cada quadrícula do gradiente). Foi realizada uma análise de variância e contrastes de médias não ortogonais ($P < 0,05$), para testar as hipóteses do estudo. Tanto as progênies segregantes quanto os genitores apresentam distribuição radicular igual entre os anos de avaliação, 2014/15 e 2015/16. As progênies F₄ não apresentam diferença em relação ao caráter distribuição radicular quando comparadas aos seus genitores. As progênies (F₄, F₅ e F₆) quando comparadas também não apresentam diferenças significativas. Ao longo das gerações segregantes, a manutenção das populações por autofecundação e conseqüentemente o aumento dos locos em homozigose proporcionaram a máxima expressão da endogamia. Assim, visto a predominância da variância genética aditiva e visando a formação de uma linha pura, recomenda-se que o caráter distribuição radicular em feijão seja avaliado a partir da geração F₄.

Palavras-chave: Arquitetura de raiz. Melhoramento vegetal. Raiz do feijoeiro. Sistema radicular.

ABSTRACT

ZANELLA, Gilberto Luiz. **ROOT SYSTEM IN THE GENETIC IMPROVEMENT OF BEAN** (*Phaseolus vulgaris* L.). 2016. 33 p. Dissertation (Master of Plant Production) University of the State of Santa Catarina. Postgraduate Program in Plant Production, Lages, 2016.

Grain yield in bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is highly affected by abiotic factors such as low soil fertility, water deficiency and high temperatures. The development of new cultivars, more efficient in the absorption of water and nutrients, has been the objective of the vegetal improvement. In this sense, the improvement of the root system, morphology, architecture and root distribution has been focused. The objective of this work was to determine the main component of the genetic variance of the root distribution in beans and to define selection strategies for the improvement of this character. An experiment comprising 40 genetic constitutions, 12 segregating populations in the F₄, F₅ and F₆ generations and 4 fixed populations (parents) was developed during the agricultural years of 2014/15 and 2015/16. The treatments were arranged in increased blocks of Federer with 3 replicates. When the genetic constitutions showed full flowering, profiles were perpendicular to the sowing line and a gradient was placed for the quantification of the root system. The root distribution was evaluated in the binary system (denomination of presence (1) and absence (0) of the roots in each grid of the gradient). An analysis of variance and contrasts of non-orthogonal means ($P < 0.05$) were performed to test the hypothesis of the study. Both the segregating progenies and the parents have equal root distribution between the evaluation years, 2014/15 and 2015/16. The F₄ progenies do not differ in relation to the root distribution when compared to their parents. The progenies (F₄, F₅ and F₆) when compared also did not present significant differences. Throughout the segregating generations, the maintenance of the populations by self-fertilization and consequently the increase of the loci in homozygous resulted in the maximum expression of inbreeding. Thus, considering the predominance of the additive genetic variance and aiming at the formation of a pure line, it is recommended that the root distribution in bean be evaluated from the F₄ generation.

Keywords: Root architecture. Plant breeding. Roots of beans. Root system.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 Imagem digital demonstrando as raízes expostas no perfil do solo e as quadrículas em que se avaliou a presença e a ausência de raiz até a camada de 30 cm de profundidade no solo. 17
- Figura 2 - Distribuição radicular (escala de médias originais μ_0 0 - 1) de doze constituições genéticas segregantes e seus respectivos genitores na profundidade 0 – 0,10 m. Estimativas obtidas para os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16.....22
- Figura 3 - Distribuição radicular (escala de médias originais μ_0 0 - 1) de doze constituições genéticas segregantes e seus respectivos genitores na profundidade 0,10 – 0,20 m. Estimativas obtidas para os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016...24
- Figura 4 - Distribuição radicular (escala de médias originais μ_0 0 - 1) de doze constituições genéticas segregantes e seus respectivos genitores na profundidade 0,20 – 0,30 m. Estimativas obtidas para os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16.....25

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Esquema dialelo completo e nomenclatura utilizada nas populações fixas e segregantes oriundas de cruzamentos entre quatro genitores de feijão.	16
Tabela 2- Análise de variância dos fatores de efeito fixo bloco e profundidade (ano*população*geração) sobre o caráter distribuição radicular em feijão.	18
Tabela 3 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre progênies segregantes avaliadas em dois anos agrícolas distintos, 2014/15 e 2015/16 quanto ao caráter distribuição radicular em feijão (continuação).	18
Tabela 3 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre progênies segregantes avaliadas em dois anos agrícolas distintos, 2014/15 e 2015/16 quanto ao caráter distribuição radicular em feijão (conclusão).....	19
Tabela 4 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre populações segregantes F ₄ e seus respectivos genitores. Inferência realizada sobre o ano agrícola de 2014/15.....	20
Tabela 5 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre progênies nas gerações segregantes “F ₄ vs. F ₅ ” e “F ₅ vs. F ₆ ” para o ano agrícola de 2014/15.	26
Tabela 6 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre progênies dos grupos comerciais, preto e carioca. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016.	27

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	10
2 COMPONENTES DA VARIÂNCIA GENÉTICA E A SELEÇÃO PARA O CARÁTER DISTRIBUIÇÃO RADICULAR EM FEIJÃO	13
2.1 RESUMO	13
2.2 ABSTRACT	13
2.3 INTRODUÇÃO.....	14
2.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	15
2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
2.5 CONCLUSÕES	27
3 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	28
REFERÊNCIAS	30

1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa, pertencente à família das fabáceas, de grande importância econômica para pequenos agricultores e para a agricultura de subsistência, além de ter notável destaque na alimentação da sociedade de baixa renda, em todo o mundo (ASSEFA et al., 2014). Este grão constitui uma fonte relativamente barata de proteínas (22% de proteína bruta), vitaminas e nutrientes minerais para cerca de 500 milhões de pessoas nos países em desenvolvimento.

O Brasil se destaca como um dos maiores produtores de feijão, responsável por cerca de 20% da produção mundial. A produção de feijão deve crescer 22% na safra agrícola de 2016/2017, podendo alcançar 3,07 milhões de toneladas (IBGE, 2016). Porém, mesmo tendo uma produção significativa, os rendimentos de grãos ainda são ínfimos, de modo que a média de produtividade nacional é em torno de 927 kg.ha⁻¹ (CONAB, 2016), valor este muito abaixo do potencial da cultura, que é estimado em 4000 kg.ha⁻¹. Essa situação pode ser explicada pelo fato de que o feijão é cultivado em praticamente todo o território nacional, em diversas épocas, condicionado ampla diversidade de ambientes com grande influência das condições de estresses bióticos e abióticos sobre os componentes do rendimento de grãos. Essa situação pode gerar perdas superiores a 50% no rendimento de grãos (WORTMANN, 1998).

O melhoramento genético de plantas tem como objetivo o desenvolvimento de constituições genotípicas promissoras, que superem o desempenho produtivo das cultivares que já estão disponíveis no mercado. Diante disso, o melhoramento é uma valiosa ferramenta que contribui para minimizar os efeitos deste tipo de estresse sobre o rendimento de grãos. Deste modo, o melhorista deve desenvolver genótipos promissores tanto em caracteres da parte aérea, como em relação ao sistema radicular. A seleção e recombinação de genitores é uma estratégia muito utilizada pelos melhoristas a fim de obter combinações superiores.

Na cultura do feijão, a modificação do sistema radicular está relacionada com tolerância ao estresse hídrico e otimização na absorção de nutrientes do solo (HO et al., 2005). Já está bem estabelecido que genótipos com sistema radicular bem desenvolvido são mais eficientes em condições limitantes (RIBAUT et al., 2009). Indivíduos com sistema radicular mais profundo possuem maior capacidade de tolerância a estresses causados pelo déficit hídrico (BEEBE, 2012). Bem como, genótipos com um maior sistema radicular têm maior capacidade na absorção de nutrientes, principalmente de fósforo, já que essa capacidade está relacionada ao volume de solo explorado pelas raízes (LYNCH; BROWN, 2001). Existem

expectativas de que a modificação da anatomia radicular pode reforçar o desempenho da planta no campo (BURRIDGE et al., 2016). A introdução da variação alélica *DRO1* em linhas de arroz para aumentar o ângulo de crescimento radical levou a plantas de enraizamento mais profundo e um maior rendimento sob condições de seca.

Apesar da importância das raízes, a seleção de constituições genéticas para esta característica em ensaios de avaliação de linhagens não tem sido rotina nos programas de melhoramento vegetal. Por razões práticas, os esforços dos melhoristas são focados tipicamente em melhorias nas características acima do solo, com ênfase óbvia sobre o rendimento de grãos. De maneira que as cultivares modernas sempre foram selecionadas para responder a ambientes com disponibilidade de água e nutrientes, decorrentes de técnicas de manejo (LOBELL & GOURDJI, 2012).

Embora estes esforços tenham sido fundamentais para o avanço da produção agrícola para a capacidade atual, os futuros aumentos de produtividade são suscetíveis às características de ambiente. A herdabilidade do caráter rendimento de grãos tende a diminuir em condições abióticas de estresse (BRAUN et al., 1992). Previsões climáticas apontam menores entradas de água e de fertilizantes nos sistemas agrícolas, além do uso de terras marginais contendo solos pobres em nutrientes (HERDER et al., 2010). A seca é a maior limitação do rendimento agrícola a nível mundial, e está se tornando mais preocupante com o aquecimento global (STONE et al., 2014). Segundo Lynch (2014) a seleção para arquitetura do sistema radicular é a promessa para melhoria da produtividade agrícola em condições de baixa entrada, pois resulta em plantas mais eficientes no uso dos recursos disponíveis. Contudo, o sistema radicular é um caráter complexo, sendo controlado por vários genes e sua base genética ainda é mal compreendida. Faltam informações que auxiliem os melhoristas a definir quando e como realizar a seleção para características relacionadas a raiz em programas de melhoramento genético. O conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter é primordial para o processo de seleção e para a predição do comportamento das gerações segregantes (CRUZ et al., 2004). 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.

Neste contexto, o programa de melhoramento de feijão do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular da UDESC – IMEGEM tem trabalhado com ênfase principal no sistema radicular. A hipótese do trabalho se baseia no fato de que o principal componente da variância genética da distribuição radicular em feijão é governado por genes aditivos. O objetivo foi

determinar o componente da variância genética predominante na distribuição radicular do feijão e definir as estratégias de seleção para o melhoramento deste caráter.

2 COMPONENTES DA VARIÂNCIA GENÉTICA E A SELEÇÃO PARA O CARÁTER DISTRIBUIÇÃO RADICULAR EM FEIJÃO

2.1 RESUMO

O objetivo da pesquisa foi determinar o principal componente da variância genética da distribuição radicular em feijão e definir as estratégias de seleção para o melhoramento deste caráter. Para tanto, um experimento compreendendo 40 constituições genéticas, sendo 12 populações segregantes nas gerações F_4 , F_5 e F_6 e 4 populações fixas (genitores) foi desenvolvido durante os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16. Os tratamentos foram dispostos em blocos aumentados de Federer com 3 repetições. Quando as constituições genéticas apresentaram pleno florescimento foram abertos perfis perpendiculares à linha de semeadura e colocado um gradiente para a quantificação da raiz. A distribuição da raiz foi avaliada no sistema binário (denominação de presença (1) e ausência (0) das raízes em cada quadrícula). Foi realizada uma análise de variância e contrastes de médias não ortogonais, para testar as hipóteses do estudo. Tanto as progênies segregantes quanto os genitores apresentam distribuição radicular igual entre os anos de avaliação, 2014/15 e 2015/16. As progênies F_4 não apresentam diferença em relação ao caráter distribuição radicular quando comparadas aos seus genitores. As progênies (F_4 , F_5 e F_6) quando comparadas também não apresentam diferenças significativas. Ao longo das gerações segregantes, a manutenção das populações por autofecundação e conseqüentemente o aumento dos locos em homozigose proporcionaram a máxima expressão da endogamia. Assim, visto a predominância da variância genética aditiva e visando a formação de uma linha pura, recomenda-se que o caráter distribuição radicular em feijão seja avaliado a partir da geração F_4 .

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Aditividade. Locos em homozigose.

2.2 ABSTRACT

The objective of the research was to determine the main component of genetic variance of root distribution in beans and define selection strategies for improving the character. Therefore, an experiment comprising 40 genotypes, 12 segregating populations in F_4 , F_5 and F_6 generations and 4 fixed population (parents) was developed during the crop years 2014/15

and 2015/16. The treatments were arranged in augmented blocks of Federer with 3 repetitions. When genotypes showed full bloom perpendicular to the line profiles were opened and placed seeding a gradient for the quantification of the root. The root distribution was evaluated in binary (presence denomination (1) and absence (0) of the root in each box). An analysis of variance and non-orthogonal average of contrasts was performed to test the hypothesis of the study. Both segregating progenies as the parents have root equal distribution between the years of assessment 2014/15 and 2015/16. F₄ progenies not show differences in the character root distribution when compared to their parents. The progenies (F₄, F₅ and F₆) when compared also no significant differences. Over the segregating generations, maintaining the population by selfing and consequently the increase of homozygous loci provided the ultimate expression of inbreeding. Thus, since the predominance of additive genetic variance and for the training of an inbred line, it is recommended that the character root distribution bean is evaluated from the F₄ generation.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L. Additivity. Homozygous locos.

2.3 INTRODUÇÃO

A distribuição radicular é considerada uma caixa preta e que implica diretamente no entendimento do funcionamento das plantas (TOPP et al. 2016). Particularmente, a ausência de conhecimentos dos efeitos do genótipo e do ambiente sobre o fenótipo, dificulta a capacidade de desenvolver estratégias que melhorem a produtividade e sustentabilidade agrícola (BURRIDGE et al., 2016). Aliado a isso, por razões práticas de fenotipagem, os esforços dos melhoristas ainda são focados tipicamente em melhorias nas características acima do solo, com ênfase óbvia sobre o rendimento de grãos (BISHOPP & LYNCH, 2015).

A comunidade científica mostra que o estudo do caráter é indiscutivelmente importante para maior eficiência no uso dos recursos hídricos e nutricionais. Na última década, vários avanços foram obtidos a partir de estudos que relacionam o desenvolvimento radicular com diversos fatores como hormônios (SREEVIDYA et al., 2010), nutrientes (JOST et al., 2009), níveis de água (MOLINA et al., 2001) e populações microbianas (LYNCH, 2007). Porém, os resultados obtidos até o momento não permitem uma compreensão completa da genética da distribuição radicular.

Faltam informações que auxiliem os melhoristas a definir como e quando realizar efetivamente a seleção para o caráter. Estudos sobre a variação genética e herança de raízes no feijão ainda são incipientes na comunidade científica (ARAÚJO et al., 2005; TOALDO et al., 2013; MELO et al., 2016). Para tanto a compreensão dos componentes da variância genética (aditivos e não aditivos), tornam-se essenciais. Sobre estes componentes, as seguintes interações podem ocorrer: *i*) Desempenho discrepante das progênies em relação aos genitores (variação não aditiva); *ii*) Desempenho médio das progênies em relação aos genitores (variação aditiva) (MUKAMUHIRWA et al., 2015). O conhecimento destes componentes na expressão da arquitetura radicular – em condições reais de cultivo – é essencial para seleção bem-sucedida de genótipos adaptados à agricultura de baixa entrada (BURRIDGE et al., 2016).

O objetivo do trabalho foi determinar o componente da variância genética predominante na distribuição radicular do feijão e definir as estratégias de seleção para o melhoramento deste caráter.

2.4 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no campo experimental do Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV) da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) em Lages (SC) durante os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16. A localização é 27° 47'S de latitude, 50° 18'W de longitude e cerca de 920 metros de altitude. Segundo Koppen o local é classificado como clima cfb temperado (mesotérmico úmido e verão ameno). O solo no local do estudo é um Cambissolo Húmico Alumínico Léptico, textura argilosa, predominando o substrato siltito + argilito e relevo ondulado, com rampas de aproximadamente 300 m de comprimento. Este solo apresenta as seguintes propriedades químicas: 34% de argila; pH em água 5,93 e pH SMP 5,21; 10,06 mg.dm³ de P; 80 mg.dm³ de K, 2,61% de MO; 5,42 cmolc.dm³ de Ca e 2,10 cmolc.dm³ de Mg.

As constituições genéticas compreendem 16 populações, sendo 12 segregantes e 4 populações fixas. As populações segregantes são oriundas do cruzamento dialélico completo entre P1 - BAF07, P2 - BAF09 e P3 - BAF50 (pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da UDESC) e P4 - IPR Uirapuru (genótipo comercial tipo preto) (Tabela 1). A partir dos cruzamentos, foram obtidas as gerações segregantes F₄, F₅, F₆, conduzidas pelo método massal.

Tabela 1 - Esquema dialelo completo e nomenclatura utilizada nas populações fixas e segregantes oriundas de cruzamentos entre quatro genitores de feijão.

	BAF07	BAF09	BAF50	IPR Uirapuru
BAF07	P15	P10	P1	P2
BAF09	P8	P14	P9	P5
BAF50	P3	P6	P13	P12
IPR Uirapuru	P4	P7	P11	P16

Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

Foi utilizado um delineamento em blocos aumentados Federer (3 blocos), com quatro tratamentos comuns (genitores) e 36 tratamentos regulares (segregantes). As parcelas foram compostas de quatro linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,45 m. Foi utilizada uma densidade de semeadura de 12 sementes por metro linear nas linhas internas e nas externas, utilizou-se 2 sementes por metro linear (um espaçamento de 0,5 m entre plantas), para permitir a visualização do sistema radicular.

O sistema radicular do feijão foi avaliado e quantificado em plena floração pelo método do perfil descrito por Böhm (1979). Um método considerado não destrutivo – por isso importante para avaliar populações segregantes. Foram abertos perfis perpendiculares à linha de semeadura nas linhas externas da unidade experimental, a 5 cm das plantas e as raízes foram expostas com hastes pontiagudas. Após, foi colocado sobre o perfil, um retângulo com dimensões de 0,5 m de largura por 0,3 m de altura, subdividido em 60 quadrículas, com arestas de 0,05 x 0,05 m. A distribuição radicular foi avaliada em diferentes camadas no perfil do solo (0 - 0,10 m; 0,10 - 0,20 m e 0,20 - 0,30 m), por meio de imagem digital, sendo realizada no sistema binário, atribuindo presença (1) ou ausência (0) em cada quadrícula (Figura 1).

A análise de variância foi obtida empregando o software SAS (SAS 2009) utilizando o procedimento proc *Glimmix*. O modelo matemático utilizado foi:

$$Y_{ijklm} = \mu + \text{bloco}_i + \text{profundidade (população*geração*ano)}_{j(klm)} + e_{ijklm}.$$

Sendo: Y_{ijkl} - valores observados para a distribuição radicular na i-ésima unidade experimental na k-ésima população na l-ésima geração no m-ésimo ano para a j-ésima profundidade; μ - efeito da média geral, bloco_i - efeito fixo do i-ésimo nível do fator bloco;

profundidade (população*geração*ano) $_{j(klm)}$ - efeito fixo do j-ésimo nível do fator profundidade aninhado sob interação do k-ésimo nível do fator população l-ésimo nível do fator geração e m-ésimo nível do fator ano e e_{ijkl} - efeito do erro experimental.

Figura 1 - Imagem digital demonstrando as raízes expostas no perfil do solo e as quadrículas em que se avaliou a presença e a ausência de raiz até a camada de 30 cm de profundidade no solo.



Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

Para testar as hipóteses quanto a predominância do componente da variância genética, as diferenças entre as progênes segregantes (F_4 , F_5 e F_6) e os genitores (P_1 , P_2 , P_3 e P_4) foram determinadas a partir de contrastes de médias não ortogonais. Também foram realizados contrastes entre distintos grupos comerciais e entre os anos agrícolas (2014/15 e 2015/16).

2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância para o caráter distribuição radicular revelou efeito significativo para o fator profundidade (ano*população*geração). Os níveis do fator profundidade aninhado sob as interações entre os níveis do ano, população e geração proporcionaram

alterações no caráter distribuição radicular que repercutiram em diferenças significativas. A partir da variância significativa entre os fatores controlados, as hipóteses devem ser testadas, com base nos objetivos do trabalho (Tabela 2).

Tabela 2- Análise de variância dos fatores de efeito fixo bloco e profundidade (ano*população*geração) sobre o caráter distribuição radicular em feijão.

Causas de variação	GLN	GLD	Valor F
Bloco	2	46	0,75 ^{ns}
Profundidade(ano*população*geração)	239	46	1,75 [*]

Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

NOTAS: * Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F

GLN: Graus de liberdade do numerador. GLD: Graus de liberdade do denominador.

As estimativas dos contrastes entre as progênies segregantes avaliadas em dois anos agrícolas distintos, 2014/15 e 2015/16 estão apresentadas na Tabela 3. É possível constatar que nenhuma progênie apresentou comportamento discrepante entre os anos de avaliação – 2014/15 e 2015/16 – independente da constituição genética envolvida ou do nível de autofecundação (F₄, F₅ ou F₆). Fato este, fornece indícios que o melhoramento genético deste caráter pode ser facilitado, pois o ambiente não é capaz de destoar ou mascarar o comportamento genético do caráter. Na presença de constituições genéticas de interesse – independente da condição restritiva ou não do ano agrícola – o melhorista poderá conduzi-las em ciclos subsequentes e observar comportamento semelhante.

Tabela 3 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre progênies segregantes avaliadas em dois anos agrícolas distintos, 2014/15 e 2015/16 quanto ao caráter distribuição radicular em feijão (continuação).

Contraste	Estimativa	Valor de t
BAF07_BAF50 F ₄ 2015 vs. 2016	-1,34	-0,98 ^{ns}
BAF07_BAF50 F ₅ 2015 vs. 2016	0,85	0,80 ^{ns}
BAF07_BAF50 F ₆ 2015 vs. 2016	2,44	1,77 ^{ns}
BAF07_Uirapuru F ₄ 2015 vs. 2016	0,19	0,19 ^{ns}
BAF07_ Uirapuru F ₅ 2015 vs. 2016	1,18	0,91 ^{ns}

Tabela 3 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre progênies segregantes avaliadas em dois anos agrícolas distintos, 2014/15 e 2015/16 quanto ao caráter distribuição radicular em feijão (conclusão).

BAF07_ Uirapuru F ₆ 2015 vs. 2016	-0,65	-0,72 ^{ns}
BAF50_BAF07 F ₄ 2015 vs. 2016	0,57	0,43 ^{ns}
BAF50_BAF07 F ₅ 2015 vs. 2016	14,80	0,03 ^{ns}
BAF50_BAF07 F ₆ 2015 vs. 2016	-13,36	-0,03 ^{ns}
Uirapuru _BAF07 F ₄ 2015 vs. 2016	0,05	0,03 ^{ns}
Uirapuru _BAF07 F ₅ 2015 vs. 2016	-14,65	-0,03 ^{ns}
Uirapuru _BAF07 F ₆ 2015 vs. 2016	1,74	1,35 ^{ns}

Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

NOTAS:* Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

No melhoramento de plantas é importante concentrar esforços para criar constituições genotípicas que manifestam bom desempenho e alta insensibilidade às condições de ambiente restritivas (MCCLEAN et al., 2011). Com a limitação de entrada de recursos na agricultura, como fertilizantes e água, o ajuste de constituições genotípicas a ambientes inóspitos pode se tornar imprescindível (WASSON et al., 2012). Em muitos caracteres, o ambiente dificulta a estimativa de parâmetros genéticos como herdabilidade, ganho de seleção e heterose. A espécie *Phaseolus vulgaris* L. é muito responsiva as variações de ambiente, por exemplo, variações térmicas, hídricas e nutricionais (BEEBE et al., 2008; URREA et al., 2009; ASSEFA, 2014). Sendo o caráter distribuição radicular insensível as variações intrínsecas do ano agrícola, a determinação do componente da variância genética e a seleção do caráter são facilitadas.

Os componentes da variância genética esperados em um determinado caráter são o aditivo, o dominante e o epistático (variância de interação entre dois ou mais locos) (FEHR, 1987). A seleção de qualquer caráter é baseada na quantificação e interpretação desses componentes. A comparação entre uma determinada população segregante e seus genitores fornece indícios da predominância de um ou outro componente.

As estimativas dos contrastes de médias entre as progênies F₄ e seus respectivos genitores não revelaram diferenças significativas, em nenhuma comparação (Tabela 4). Com

apenas três gerações de autofecundação a proporção de locos em homozigose aumentou significativamente a ponto de equiparar-se aos locos em homozigose dos genitores originais (P1, P2, P3, P4). Em outras palavras, a comparação entre a média das populações F₄ e a média dos seus genitores foi equivalente estatisticamente. Em genética quantitativa, o componente da variância genética que possui propriedades semelhantes às descritas refere-se a aditividade (FEHR, 1987). Na geração F₄, considerando apenas um gene, considera-se que 87,5% dos locos estejam em homozigose. Os resultados encontrados puderam sustentar tal hipótese. Porém, supõe-se que o caráter seja governado por inúmeros pares de genes quantitativos e que sob esta condição, o número de autofecundações para promover a proporção de locos em homozigose esperada, seja no mínimo o dobro.

Tabela 4 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre populações segregantes F₄ e seus respectivos genitores. Inferência realizada sobre o ano agrícola de 2014/15.

Efeito ^a	Estimativa	Valor t
P ₁ e P ₂ vs. BAF07_BAF09 F ₄	0,50	0,18 ^{ns}
P ₁ e P ₃ vs. BAF07_BAF50 F ₄	-0,76	-0,18 ^{ns}
P ₁ e P ₄ vs. BAF07_Uirapuru F ₄	1,42	0,49 ^{ns}
P ₂ e P ₁ vs. BAF09_BAF07 F ₄	0,79	0,27 ^{ns}
P ₂ e P ₃ vs. BAF09_BAF50 F ₄	-2,29	-0,52 ^{ns}
P ₂ e P ₄ vs. BAF09_Uirapuru F ₄	1,02	0,33 ^{ns}
P ₃ e P ₁ vs. BAF50_BAF07 F ₄	-0,23	-0,07 ^{ns}
P ₃ e P ₂ vs. BAF50_BAF09 F ₄	-2,29	-0,34 ^{ns}
P ₃ e P ₄ vs. BAF50_Uirapuru F ₄	0,81	0,25 ^{ns}
P ₄ e P ₁ vs. Uirapuru_BAF07 F ₄	0,14	0,03 ^{ns}
P ₄ e P ₂ vs. Uirapuru_BAF09 F ₄	0,93	0,33 ^{ns}
P ₄ e P ₃ vs. Uirapuru_BAF50 F ₄	-13,17	-0,01 ^{ns}

Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

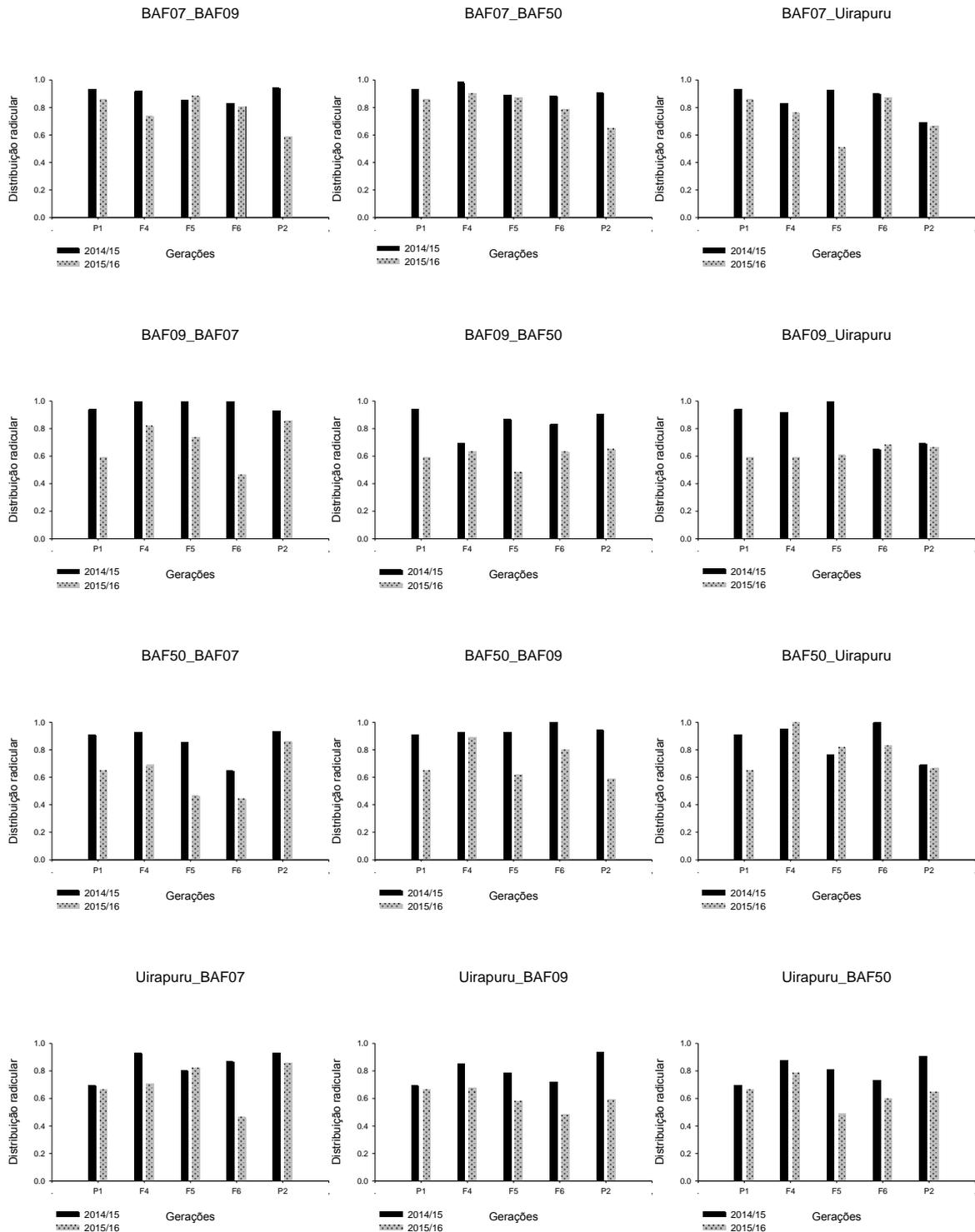
NOTAS:^a P₁: BAF07; P₂: BAF09; P₃: BAF50; P₄: Uirapuru * Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

Uma das características mais importantes da aditividade é que a descendência de qualquer indivíduo ou grupo de indivíduos tem média igual à deste indivíduo, ou seja, a média

da descendência pode ser prevista pela média dos genitores, ou pelo valor fenotípico do indivíduo autofecundado (CHELAIFA et al., 2013). Quando predomina este tipo de interação a seleção é facilitada porque um indivíduo ou grupo de indivíduos superiores, quando selecionados, produz uma descendência também superior.

As estimativas do caráter distribuição radicular para as populações fixas e segregantes na profundidade 0 – 0,10 m em escala de médias originais μ_0 (0 a 1), revelou resultados similares (Figura 2). Em cada gráfico são mostradas as progênes comparativamente aos genitores no decorrer dos anos agrícolas. Não ocorreram diferenças significativas entre a média dos genitores e a respectiva progênie F_4 , tanto no ano agrícola de 2014/15 como no ano agrícola de 2015/16. Este comportamento ocorreu igualmente para todas as constituições genéticas avaliadas. Ao longo das gerações segregantes, o aumento dos locos em homozigose ou a diminuição na frequência de genótipos heterozigotos teve como consequência natural a endogamia e foi alcançada rapidamente através da autofecundação.

Figura 2 - Distribuição radicular (escala de médias originais μ_0 0 - 1) de doze constituições genéticas segregantes e seus respectivos genitores na profundidade 0 – 0,10 m. Estimativas obtidas para os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16.



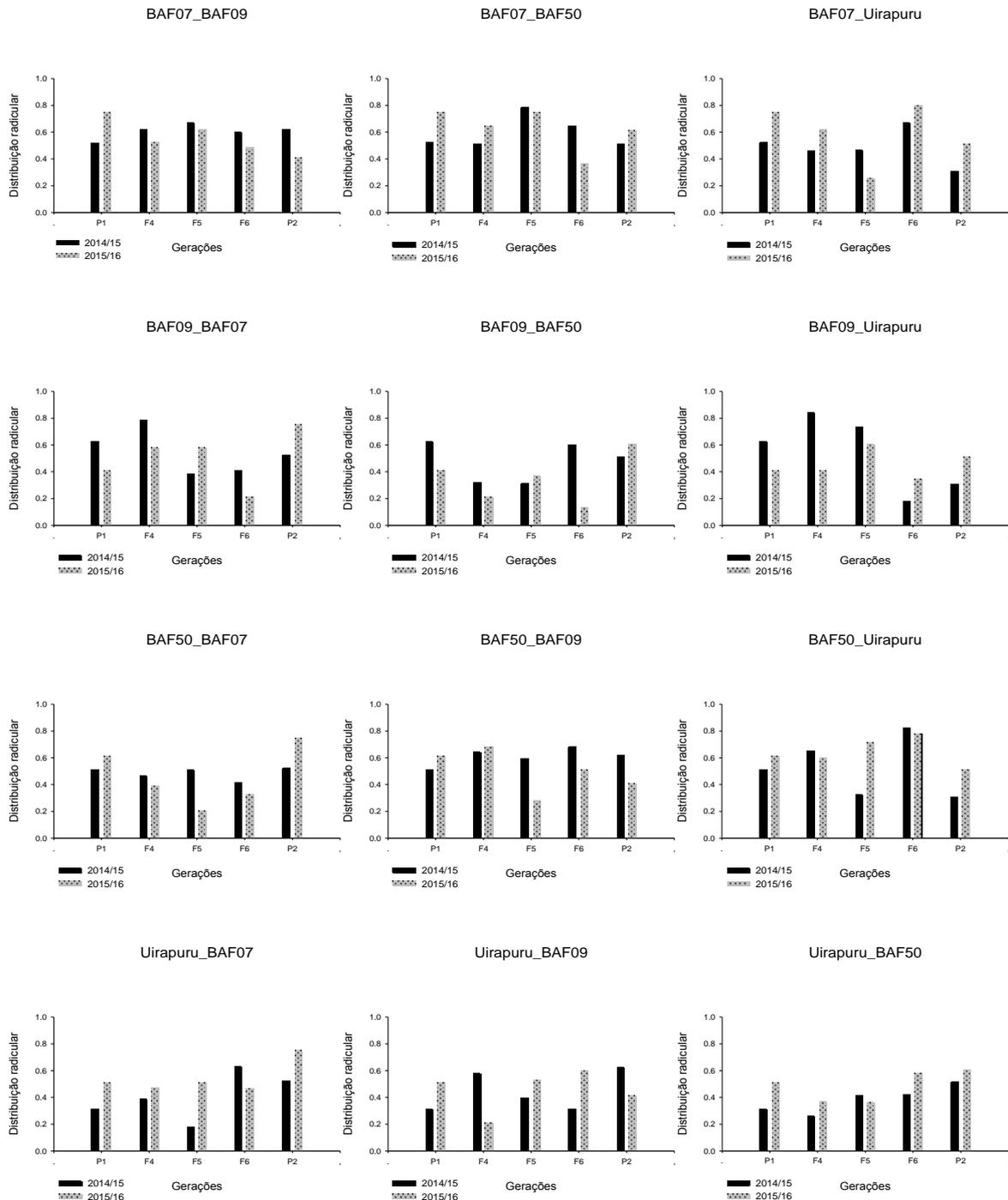
Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

Segundo Wright (1949) o aumento de homozigose ou a diminuição na frequência de genótipos heterozigotos é uma consequência natural de endogamia e pode ser alcançada

rapidamente por meio da autofecundação, a forma mais extrema de endogamia. Outras formas menos graves de endogamia também podem levar a aumentos de homozigose cuja taxa depende do grau de parentesco entre os genitores envolvidos no acasalamento. Assim, supõe-se uma possível relação de parentesco entre os genitores (MALECÓT, 1966).

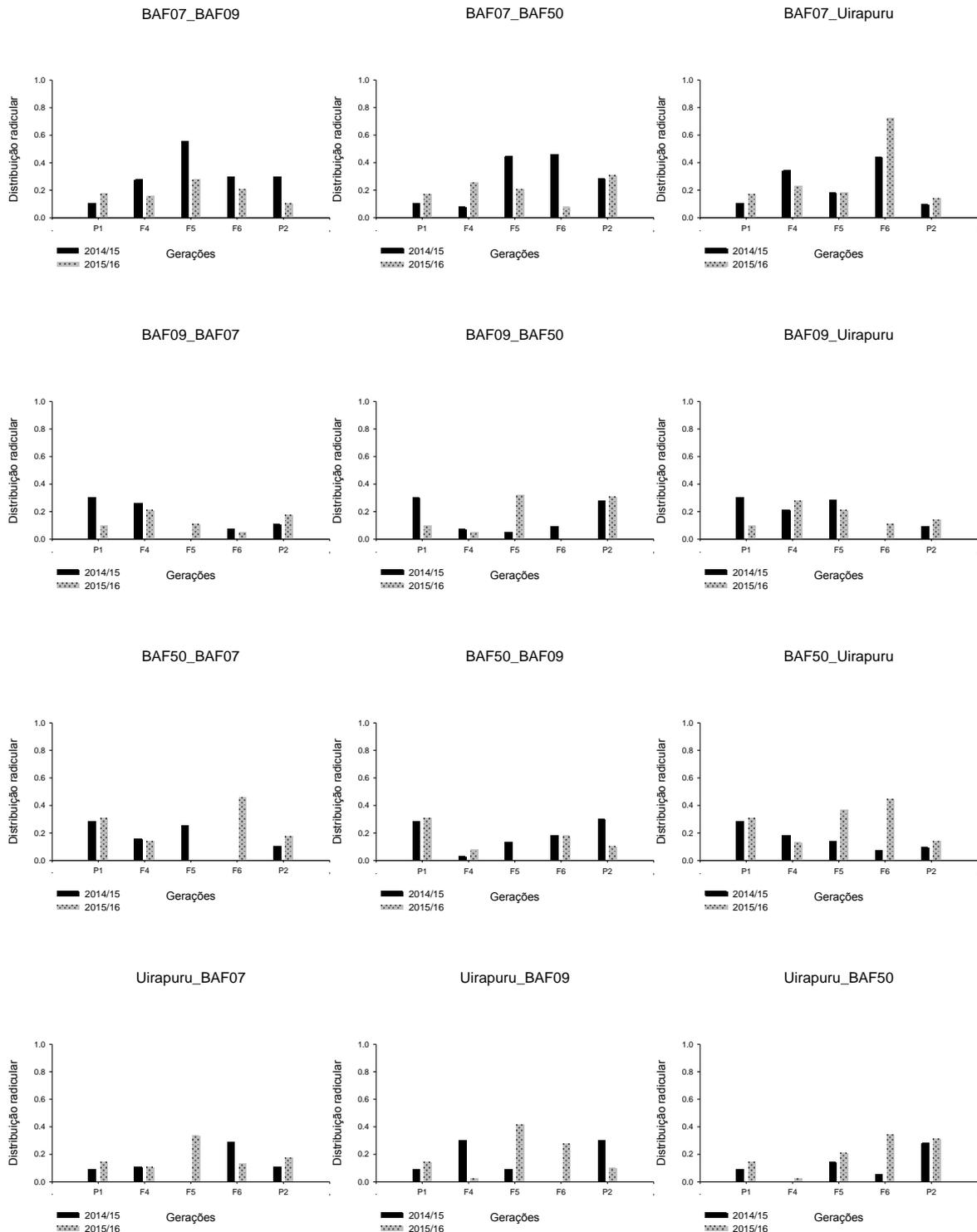
Resultados similares foram diagnosticados para as demais profundidades avaliadas – 20 e 30 cm (Figuras 3 e 4). Porém, fenotipicamente a distribuição radicular nas demais profundidades é reduzida. A distribuição radicular menos pronunciada nas profundidades maiores já era esperada, pois faz parte do aspecto morfológico das plantas (LYNCH, 1995). Outro fator que reduz a distribuição radicular em profundidades maiores é devido a maioria dos programas de melhoramento serem realizados em condições ótimas de cultivo (áreas adubadas e irrigadas) induzindo a seleção de plantas com sistema radicular mais denso na camada basal do solo (LYNCH, 2007).

Figura 3 - Distribuição radicular (escala de médias originais $\mu 0 - 1$) de doze constituições genéticas segregantes e seus respectivos genitores na profundidade 0,10 – 0,20 m. Estimativas obtidas para os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016.



Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

Figura 4 - Distribuição radicular (escala de médias originais μ_0 0 - 1) de doze constituições genéticas segregantes e seus respectivos genitores na profundidade 0,20 – 0,30 m. Estimativas obtidas para os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16.



Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

As progênies quando comparadas quanto ao seu nível de segregação (F_4 vs. F_5 e F_5 vs. F_6) não revelaram diferenças significativas, independente do número de autofecundações e

das populações segregantes envolvidas (Tabela 5). Assim, além das progênes F₄ serem iguais aos genitores, são iguais estatisticamente as progênes F₅, por exemplo. A distribuição dos componentes da variância genética se deu de forma similar entre as gerações segregantes para todas as progênes avaliadas. O incremento da variância genética aditiva foi responsável por tal resultado e sugere que a seleção para o caráter distribuição radicular possa ser realizada a partir da geração F₄.

Tabela 5 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre progênes nas gerações segregantes “F₄ vs. F₅” e “F₅ vs. F₆” para o ano agrícola de 2014/15.

Efeito	Estimativa	Valor t
BAF07_BAF50 (F ₄ vs. F ₅)	-2,09	-0,44 ^{ns}
BAF07_BAF50 (F ₅ vs. F ₆)	0,18	0,06 ^{ns}
BAF50_BAF07 (F ₄ vs. F ₅)	-0,50	-0,12 ^{ns}
BAF50_BAF07 (F ₅ vs. F ₆)	13,88	0,01 ^{ns}
BAF07_BAF09 (F ₄ vs. F ₅)	-0,69	-0,22 ^{ns}
BAF07_BAF09 (F ₅ vs. F ₆)	0,75	0,24 ^{ns}
BAF09_BAF07 (F ₄ vs. F ₅)	14,03	0,01 ^{ns}
BAF09_BAF07 (F ₅ vs. F ₆)	-12,17	-0,01 ^{ns}
BAF50_Uira (F ₄ vs. F ₅)	1,21	0,27 ^{ns}
BAF50_Uira (F ₅ vs. F ₆)	-0,63	-0,12 ^{ns}
Uira_BAF50 (F ₄ vs. F ₅)	-13,08	-0,01 ^{ns}
Uira_BAF50 (F ₅ vs. F ₆)	1,05	0,18 ^{ns}

Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

NOTAS: * Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste t.

Em muitas situações, em cruzamentos envolvendo constituições genéticas altamente divergentes, a progênie pode apresentar maior proporção de locos em heterozigose – logo o componente da variância de dominância (TOALDO et al. 2013). Algumas constituições genéticas quando comparadas entre os grupos comerciais (preto e carioca), apresentaram diferenças significativas (Tabela 6). A diferença pode ser justificada pela divergência genética entre os genitores envolvidos nestes cruzamentos, propiciando maior vigor híbrido. A progênie BAF50_Uira F₆, por exemplo, possui em sua constituição genética um genitor do

grupo carioca (BAF50) e, além disso, o genitor Uirapuru, o único genitor avaliado com hábito de crescimento tipo II. Enquanto que BAF09_BAF07 F₆ possui genitores do grupo comercial preto e todos com hábito de crescimento tipo III.

Tabela 6 - Estimativas dos contrastes não ortogonais entre progênies dos grupos comerciais, preto e carioca. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016.

Contraste	Estimativa	Valor t	Pr > t
Carioca: BAF50_Uira F ₆ vs. Preto: BAF09_BAF07 F ₆	4,06	2,48	0,02
Carioca: BAF07_BAF50 F ₆ vs. Preto: BAF07_Uira F ₆	-3,09	-2,27	0,03

Fonte: Elaborada pelo autor, 2016.

De maneira geral, as comparações entre as médias dos tratamentos não revelaram diferenças significativas. Mostrando uma forte característica da interação alélica do tipo aditiva em que as descendências de qualquer indivíduo ou grupo de indivíduos tem média igual a deste indivíduo, ou seja, a média da descendência pode ser prevista pela média dos genitores. Assim, a seleção para o caráter distribuição radicular pode ser efetuada a partir da geração F₄, visto que se realizada a seleção no início do programa de melhoramento, o caráter poderia ser perdido em detrimento da segregação dos genes. A análise de variância para o caráter distribuição radicular revelou efeito significativo para o fator profundidade(ano*população*geração). Os níveis do fator profundidade aninhado sob as interações entre os níveis do ano, população e geração proporcionaram alterações no caráter distribuição radicular que repercutiram em diferenças significativas. A partir da variância significativa entre os fatores controlados, as hipóteses devem ser testadas, com base nos objetivos do trabalho.

2.5 CONCLUSÕES

1. O componente da variância genética que predomina no caráter distribuição radicular é o aditivo.
2. O ano agrícola não interfere na seleção para o caráter distribuição radicular.
3. Recomenda-se que o caráter distribuição radicular em feijão seja selecionado em ciclos avançados de melhoramento genético.

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diversos fatores de ambiente, bióticos e abióticos, limitam o rendimento de grãos da cultura, sendo o desempenho do feijão limitado principalmente por estresses térmicos, hídricos e nutricionais. A ocorrência e influência destes fatores são imprevisíveis, e alteram-se ano a ano, região a região. Os problemas de ambiente tendem a ser potencializados com as alterações climáticas previstas. Sendo a seca a maior preocupação da agricultura contemporânea, em países desenvolvidos e subdesenvolvidos.

Grande parte do feijão mundial é produzido sobre condições de restrição de nutrientes e de água, o que pode trazer perdas expressivas no rendimento de grãos final dessa cultura. Calcula-se que metade das reservas de fósforo estará esgotada entre 2040 e 2060. Adaptado a climas quentes e amenos, o feijão é pouco tolerante a fatores extremos de ambiente. Para um adequado desenvolvimento da cultura do feijão, a temperatura média do ar situa-se entre 15 e 29 °C (BALARDIN et al., 2000). Temperaturas superiores a 29 °C podem provocar o abortamento de flores, queda de vagens jovens e reduzir o número de grãos, enquanto temperaturas inferiores a 12 °C podem dificultar a formação e o enchimento de grãos (BALARDIN et al., 2000). As perdas na lavoura tendem a ser agravadas, com o aumento da incidência e gravidade do estresse hídrico em muitas regiões, proporcionando, reduções significativas na produção de alimentos. Segundo Lal (1974), para a emergência de plântulas de milho, a temperatura ideal na zona radicular situa-se na faixa de 25 a 35 °C, pois em temperaturas superiores a 35 °C ocorre drástica redução do desenvolvimento das plântulas de milho. Hornetz et al. (2001) verificaram que a temperatura ótima para a emergência de plântulas de feijão foi de 37 °C em um Latossolo da região do Quênia. Ao contrário de climas temperados onde o aquecimento do solo é desejável para proporcionar temperaturas adequadas à emergência das plântulas, em climas tropicais e subtropicais, o aquecimento excessivo do solo pode prejudicar a germinação e a emergência das plântulas. Hornetz et al. (2001) verificaram que temperatura do solo acima de 40 °C inibiu a germinação do feijoeiro. Silva et al. (2006) ao estudar variações na temperatura do solo, em duas profundidades, em feijão cultivado em três sistemas de manejo, concluiu que o sistema plantio direto proporcionou menor temperatura máxima e menor amplitude térmica no solo.

A previsão é que em 2050 a população mundial alcance a marca de 9,6 bilhões. Estas projeções futuras tem reflexo na segurança alimentar, principalmente em países em desenvolvimento os quais possuem mais de 80% da população mundial. A demanda crescente por alimentos em termo mundial e nacional dependerá da integração de diversos setores do

conhecimento, sendo a associação da agricultura com questões de ambiente um quesito fundamental. Diante disso, torna-se evidente os grandes desafios da humanidade em atender as exigências futuras da agricultura. Cabe ao melhorista de plantas desenvolver genótipos com características promissoras, que atendam as demandas desse cenário preocupante.

REFERÊNCIAS

ARAÚJO, A.P.; ANTUNES, I.F.; TEIXEIRA, M.G. Inheritance of root traits and phosphorus uptake in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under limited soil phosphorus supply. **Euphytica** **145**: 33-40. doi:10.1007/s10681-005-8772-1, 2005.

ASSEFA, T.; W.U, J.; BEEBE, S.E.; RAO, I.M.; MARCOMIN, D.; CLAUDE, R.J. Improving adaptation to drought stress in small red common bean: phenotypic differences and predicted genotypic effects on grain yield, yield components and harvest index. **Euphytica** **1-13**. doi:10.1007/s10681-014-1242-x, 2014.

BALARDIN, R.S.; COSTA, E.C.C. & RIBEIRO, N.D., eds. Feijão, recomendações técnicas para cultivo no Rio Grande do Sul. 2000. Santa Maria, Comissão Estadual de Pesquisa do Feijão – CEPEF, 2000. 80p.

BEEBE, S.E; RAO, I.M.; CAJIAO, C.; GRAJALES, M. Selection for drought resistance in common bean also improves yield in phosphorus limited and favorable environments. **Crop Sci** **48(2)**: 582-592. doi:10,2135 / cropsci2007.07.0404, 2008.

BIOSHOPP, A.; LYNCH, J.P. The hidden half of crop yields. **Nature plants** **1**: 1 – 2, 2015.

BÖHM, W. **Methods os studing root systems**. Springer, Berlin,1979.

BRAUN, H. J.; PFEIFFER, W. H.; POLLMER, W. G. Environments for selecting widely adapted spring wheat, 1992

BURRIDGE, J.; JOCHUA, C.N.; BUCKSCH, A.; LYNCH, J.P. Legume shovelomics: High – Throughput phenotyping of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and cowpea (*Vigna unguiculata* subsp, *unguiculata*) root architecture in the field. **Field Crops Research** **192**: 21 – 32, 2016.

CHELAIFA, H.; CHAGUE, V.; CHALABI, S.; MESTIRI, I.; ARNAUD, D.; DEFFAINS, D.; LU, Y.; BELCRAM, H.; HUTEAU, V.; CHIQUET, J.; CORITON, O.; JUST, J.; JAHIER, J.; CHALHOUB, B. Prevalence of gene expression additivity in genetically stable wheat allohexaploids. **New Phytologist**, v.197, p.730-736, 2013.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos, Safra 2012/2013**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/>>. Acesso em: 07 de novembro de 2016.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994.

FEHR, W.R. **Principles of cultivars development**. Macmillan, New York, 1987.

HERDER, G. D.; ISTERDAEL, G. V.; BEECKMAN, T.; SMET, I. D. The roots of a new green revolution. **Trends in plant science**, v. 15, n. 11, p. 600–7, 2010.

HO, M. D.; ROSAS, J. C.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Root architectural tradeoffs for water and phosphorus acquisition. **Functional Plant Biology**, v. 32, n. 8, p. 737–748, 2005.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Levantamento sistemático da produção agrícola 2015**. Disponível em: <ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Agricola>. Acesso em: 14 nov. 2016.

JOST, E.; RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M.; CERUTTI, T.; ROSA, D. P. Efeitos gênicos do teor de cálcio em grãos de feijão. **Ciência Rural** **39(1)**: 31-37, 2009.

LOBELL, D. B.; GOURDJI, S. M. The influence of climate change on global crop productivity. **Plant physiology**, v. 160, n. 4, p. 1686–97, 2012.

LYNCH, J. P. Root architecture and plant productivity. **Plant Physiology** **109 (01)**:7-13, 1995.

LYNCH, J. P.; BROWN, K. M. Topsoil foraging – an architectural adaptation of plants to low phosphorus availability. **Plant and Soil**, v. 237, n. 2, p. 225–237, 2001. Kluwer Academic Publishers.

LYNCH, J. P. Roots of the second green revolution. **Australian Journal of Botany** **55**: 493-512, 2007.

LYNCH, J. P. Root phenes that reduce the metabolic costs of soil exploration: opportunities for 21st century agriculture. **Plant, cell & environment**, 2014

MALÉCOT, G. **Probabilités et Hérité**, Presses. Universitaires de France, Paris, 356p, 1996.

MCCLEAN, P. E.; BURRIDGE, J.; BEEBE, S.; RAO, I. M.; PORCH, T. G. Crop improvement in the era of climate change: an integrated, multi-disciplinary approach for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Functional Plant Biology** **38**: 927-933, 2011.

MELO, R. C.; SCHMIT, R.; CERUTTI, P. H.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetic variation in the trait root distribution over segregating generations of common bean. **Euphytica** **207**: 665-674, 2016.

MOLINA, J. C.; MODA-CIRINO, V.; JÚNIOR, N. S. F.; FARIA, R. T.; DESTRO, D. Response of common bean cultivars and lines to water stress. **Crop Breeding and Applied Biotechnology****1(4)**: 363-372, 2001.

MUKAMUHIRWA, F.; TUSIIME, G.; MUKANKUSI, M. C. Inheritance of high iron and zinc concentration in selected bean varieties. **Euphytica** doi: 10.1007/s10681-015-1385-4, 2015.

RIBAUT, J. M.; BETRAN, J.; MONNEVEUX, P.; SETTER, T. Handbook of Maize: Its Biology. In: J. L. Bennetzen; S. C. Hake (Eds.); **Handbook of maize: its biology**. p.311–344, 2009. New York, NY: Springer.

SAS Institute (2009) **SAS/STAT: User's guide version 9.2**. Cary: SAS Institute

TOALDO, D.; MORAIS, P. P. P.; BATTILANA, J.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Selection in early generations and the occurrence of heterosis for the character root distribution. **Euphytica** **190**: 335-344, 2013.

TOPP, C. N.; BRAY, A. L.; ELLIS, N. A.; LIU, Z. How can we harness quantitative genetic variation in crop root systems for agricultural improvement? **Journal of Integrative Plant Biology** **58(3)**: 213-225, 2016.

URREA, C. A.; YONTS, C.D.; LYON, D.J.; KOEHLER, A. E. Selection for drought tolerance in dry bean derived from the Mesoamerican gene pool in western Nebraska. **Crop Sci** **49**: 2005-2009, 2009.

WASSON, A. P.; RICHARDS, R.A.; CHATRATH, R.; MISRA, S. C.; SAI PRASAD, S.V.; REBETZKE, G.J.; KIRKEGAARD, J.A.; CHRISTOPHER, J.; WATT, M. Traits and selection strategies to improve root systems and water uptake in water-limited wheat crops. **Journal of Experimental Botany** **63(9)**: 3485-3498, 2012.

WORTMANN, C. S.; KIRKBY, R. A; ELEDU, C. A; ALLEN, D. J. **Atlas of Common Bean Production in Africa**. 1998.

WRIGHT, S. The genetical structure of populations. **Annals of Eugenics**, v.15, p.323-354, 1949.