

**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGROVETERINÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
MESTRADO EM PRODUÇÃO VEGETAL**

FABIANI DA ROCHA

**SISTEMA RADICULAR DE PLANTAS COM ENFOQUE NA CRIAÇÃO
E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO ADAPTADOS AO
PLANALTO SERRANO**

**LAGES-SC
2011**

FABIANI DA ROCHA

**SISTEMA RADICULAR DE PLANTAS COM ENFOQUE NA CRIAÇÃO
E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO ADAPTADOS AO
PLANALTO SERRANO**

Trabalho de Dissertação apresentado à
Universidade do Estado de Santa Catarina,
como requisito para obtenção do título de
Mestre em Produção Vegetal.

Orientador: Dr. Jefferson Luís Meirelles
Coimbra.

LAGES-SC

Ficha catalográfica elaborada pela Bibliotecária
Renata Weingärtner Rosa – CRB 228/14ª Região
(Biblioteca Setorial do CAV/UEDESC)

Rocha, Fabiani da.

Sistema radicular de plantas com enfoque na criação e seleção de genótipos de feijão adaptados ao Planalto Serrano / Fabiani da Rocha; orientador: Jefferson Luís Meirelles Coimbra. – Lages, 2011.

72f; 30 cm.

Inclui referências.

Dissertação (mestrado) – Centro de Ciências Agroveterinárias / UDESC.

1. *Phaseolus vulgaris* L. 2. Distribuição radicular. 3. Modelos Lineares Generalizados. 4. Estresses abióticos. 5. Variabilidade genética. 6. Populações mutantes. I. Título.

CDD – 635.652

FABIANI DA ROCHA

**SISTEMA RADICULAR DE PLANTAS COM ENFOQUE NA CRIAÇÃO
E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO ADAPTADOS AO
PLANALTO SERRANO**

Dissertação aprovada como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias do Centro de Ciências Agroveterinárias da Universidade do Estado de Santa Catarina

Aprovado em:

Homologada em:

Pela Banca Examinadora:

Por:

Dr. Jefferson Luís Meirelles Coimbra
Orientador – UDESC/CAV-Lages/SC

Dr. Luciano Colpo Gatiboni
Coordenador do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias

Dr. Altamir Frederico Guidolin
Co-orientador – UDESC/CAV-Lages/SC

Dr. Leo Rufato
Coordenador Técnico do Curso de Mestrado em Produção Vegetal

Dr. Rubens Marschalek
EPAGRI/Itajaí

Dr. Cleimon Eduardo Amaral Dias
Diretor Geral do Centro de Ciências Agroveterinárias

Dr. Sérgio Dias Lannes
EPAGRI/Ituporanga

Lages, 02/02/2011

Aos meus pais Raul Rogério da Rocha e Evanilda
Mees Rocha dedico...

AGRADECIMENTOS

A Deus... Presença constante na minha vida sem que eu precise pedir, pelo auxílio nas minhas escolhas e por me confortar nas horas difíceis...

Aos meus pais que não mediram esforços para que eu conseguisse alcançar este título; as minhas irmãs, cunhados e sobrinhos pelo igual apoio durante toda a jornada e por entenderem a minha ausência. A minha prima Taise, que por mais que distância tenho nos afastado nunca deixou de me apoiar!

Ao meu namorado Lucas quero agradecer de uma forma mais que especial. Obrigada por ler meus artigos, ainda que não gostasse do assunto! Por ser plateia, quando ensaiei para o seminário, para as aulas... E as inscrições para o doutorado, que trabalho! Enfim, agradeço porque ele foi muito mais que um namorado... Foi um “super-amigo”... Obrigada!

Ao meu professor Jefferson Luís Meirelles Coimbra pela orientação, incentivo, dedicação e confiança depositada. Ele acreditou no meu potencial e fez com que eu acreditasse também! Sem dúvida ele é um exemplo de professor, orientador e amigo em quem eu posso me espelhar! Obrigada por ser meu pai científico!

Ao meu co-orientador professor Altamir Frederico Guidolin pelos conhecimentos transmitidos, paciência e amizade.

Aos colegas do grupo IMEGEM, sem os quais nenhum trabalho teria sido realizado! Foram muitas trincheiras... Sem palavras para agradecer...

Ao CAV/UEDESC, professores e funcionários que convivi durante todo o mestrado.

A Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

A todos que de alguma forma me apoiaram durante os dois anos de curso, que talvez não tenham sido citados, quero que recebam meu muito obrigada!

RESUMO

ROCHA, Fabiani da. **Sistema radicular de plantas com enfoque na criação e seleção de genótipos de feijão adaptados ao Planalto Serrano**. 2011. 72 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal – Área: Melhoramento e Biotecnologia Vegetal). Universidade do Estado de Santa Catarina, Programa Pós-graduação em Ciências Agrárias, Lages, 2011.

A produção de feijão é afetada por uma gama de estresses abióticos, como seca, baixa fertilidade do solo, acidez do solo e temperaturas desfavoráveis. No entanto, um sistema radicular profundo e bem distribuído permite melhor adaptação da cultura, principalmente no que tange as condições de deficiência hídrica e baixa disponibilidade de nutrientes. Apesar do avanço da pesquisa, pouco se tem trabalhado nessa linha de estudo. Sendo assim, este trabalho teve como objetivos: *i*) apresentar uma alternativa para a mensuração e a análise estatística para o caráter distribuição radicular; *ii*) mensurar o caráter distribuição radicular em genótipos de feijão do Banco Ativo de Germoplasma da UDESC (Universidade do Estado de Santa Catarina) e verificar a correlação com outros caracteres de importância agrônoma; e *iii*) avaliar a distribuição radicular ao longo do perfil entre populações mutantes e selecionar genótipos de feijão com valores métricos superiores para o caráter. Os experimentos foram realizados na área experimental do IMEGEM, arranjados em delineamento inteiramente casualizado. A avaliação da distribuição radicular foi realizada em híbridos, cultivares, acessos e populações mutantes de feijão. Para isso foram abertos perfis perpendiculares a linha de semeadura, onde um retângulo com dimensões de 0,5 m de largura por 0,3 m de altura, quadriculado com 0,05 m de lado foi disposto e uma foto foi capturada. A determinação da distribuição radicular no sistema binário (denominação de presença (1) e ausência (0) das raízes em cada quadrícula) foi realizada por meio da análise da foto. A mensuração da característica distribuição radicular a partir da determinação de eventos simples (presença=1 e ausência=0) é uma valiosa ferramenta para o pesquisador, já que possibilita a análise quantitativa da distribuição radicular, por meio dos Modelos Lineares Generalizados do procedimento GENMOD do SAS. Ainda que de forma incipiente, devido ao pequeno número de genótipos avaliados pode ser afirmado que o Banco Ativo de Germoplasma de Feijão possui genótipos promissores para o caráter distribuição radicular. Sendo que BAF09 (preto) e BAF35 (carioca), por apresentarem distribuição radicular profunda e significativa (20 a 30 cm), merecem destaque. Pôde ser verificada ainda a presença de correlação positiva e significativa entre a distribuição radicular e outros caracteres de importância agrônoma. As populações mutantes apresentaram desempenho diferenciado frente ao mutagênico para a distribuição radicular. As populações segregantes mais promissoras foram oriundas das cultivares IPR Uirapuru e IPR Chopim, pois apresentaram um aumento significativo na distribuição radicular o aumento das doses do agente mutagênico.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.. Distribuição radicular. Modelos Lineares Generalizados. Estresses abióticos. Variabilidade genética. Populações mutantes.

ABSTRACT

ROCHA, Fabiani da. **Plants root system with focus on the creation and selection of bean genotypes adapted to the Planalto Serrano**. 2011. 72 f. Dissertation (Mestrado em Produção Vegetal – Área: Melhoramento e Biotecnologia Vegetal). Universidade do Estado de Santa Catarina, Programa Pós-graduação em Ciências Agrárias, Lages, 2011.

Bean production is affected by a range of abiotic stresses such as drought, low soil fertility, soil acidity and unfavorable temperatures. However, a deep root system and well distributed allows better adaptation, especially regarding the conditions of drought and low nutrient availability. Despite the advancement of research, little has been done in this line of study. Thus, this study aimed to: *i*) present an alternative to the measurement and statistical analysis to the root distribution, *ii*) measuring the character of root distribution in bean genotypes Active Germplasm Bank of UDESC (Universidade do Estado de Santa Catarina) and its relationship to other important agronomic characteristics, and *iii*) to evaluate the root distribution along the profile between mutant populations and select bean genotypes with higher metric values for the character. The experiments were performed in the experimental area of IMEGEM, arranged in a randomized design. The evaluation of root distribution was held in hybrids, cultivars, accessions and mutant populations of beans. For that were open profiles perpendicular to the plant rows of beans, where a rectangle with dimensions of 0.5 m wide by 0.3 m, 0.05 m grid was set aside and a photo was taken. The determination of root distribution in the binary system (name of presence (1) and absence (0) of roots in each box) was performed by analysis of the photo. It was observed that the measurement of the characteristic root distribution through the determination of simple events is a valuable tool for researchers because it allows the quantitative analysis of root distribution by means of Generalized Linear Models the GENMOD procedure of SAS. Considering the small number of genotypes, can be stated that the Active Germplasm Bank Bean has promising genotypes for the character root distribution, where BAF09 (black) and BAF35 (carioca) present the best root deep distribution (20 to 30 cm). It might still be verified the presence of significant positive correlation between root distribution and other traits of agronomic importance. The mutant populations present different performance against the mutagenic for the root distribution. Since the most promising segregating populations are derived from cultivars IPR Uirapuru and IPR Chopim, as they present a significant increase in the number of roots with increasing doses of mutagen.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L. Root distribution. Generalized Linear Models. Abiotic stresses. Genetic variability. Mutant populations.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 - Comportamento da distribuição radicular no sistema binário (valores que se aproximam a um indicam maior presença de raiz no gradiente) dos genótipos BAF07 (a), BAF09 (b), BAF35 (c), BAF44 (d), BAF50 (e), BAF63 (f), IPR Uirapuru (g) e Pérola (h) nas profundidades de 10, 20 e 30 cm (estimativas transformadas $\rho = \ln(\mu/1-\mu)$)..... 44
- Figura 2 - Ajuste do modelo logístico linear para o caráter distribuição de raiz..... 58

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 - *Deviance* (ANODEV) e seus respectivos números de grau de liberdade (GL) correspondente para o caráter distribuição de radicular, para três diferentes profundidades (Prof) em genótipos (G) de feijão, utilizando a distribuição binomial. 26
- Tabela 2 - Distribuição radicular média para as combinações híbridas e genitores, nas profundidades do perfil do solo de 0 – 10, 11 – 20 e 21 – 30 cm, de acordo com a distribuição binária dos dados. 27
- Tabela 3 - Estimativa de contrastes não ortogonais para o caráter distribuição radicular entre as combinações híbridas vs a média dos respectivos genitores, nas profundidade do perfil do solo de 0 – 10, 11 – 20 e 21 – 30 cm, de acordo com a distribuição binária dos dados. 27
- Tabela 4 - *Deviance* (ANODEV) e seus respectivos números de grau de liberdade (GL) correspondente para o caráter distribuição de radicular em genótipos (G) de feijão, utilizando a distribuição de Poisson. 28
- Tabela 5 - Estimativa de contrastes não ortogonais para o caráter distribuição radicular entre as combinações híbridas vs a média dos respectivos genitores, utilizando a distribuição de Poisson. 29

Tabela 6 - Análise de <i>Deviance</i> (ANODEV) considerando o modelo encaixado ou seqüencial e seus respectivos números de grau de liberdade (GL) correspondente, <i>deviance</i> , qui-quadrado residual (ChiSq) para o caráter distribuição de raiz em diferentes profundidades (P) em acessos e cultivares de feijão (G).	37
Tabela 7 - Médias observadas (μO) e médias transformadas (μT) ($\rho = \ln(\mu/1-\mu)$) para o caráter distribuição de raiz em genótipos de feijão.....	39
Tabela 8 - Diferença mínima significativa de médias entre genótipos de feijão aninhados as profundidades (em cm) para o caráter distribuição radicular (estimativas transformadas $\rho = \ln(\mu/1-\mu)$).....	41
Tabela 9 - Coeficientes de correlações fenotípicas de Pearson para os 8 genótipos, entre os onze caracteres: distribuição radicular (Y), número de plantas na quadrícula (N), índice de área foliar (IAF), número de dias entre a emergência e o florescimento (FL), número de dias entre a emergência e a maturação de colheita (MC), estatura de planta (EP), estatura de inserção do primeiro legume (EIL), número de grãos por legume (NGL), número de legumes por planta (NLP), massa de cem grãos (MCG) e o rendimento de grãos (PROG).....	46
Tabela 10 - Análise de <i>Deviance</i> (ANODEV) considerando o modelo encaixado ou seqüencial e seus respectivos números de grau de liberdade (GL) correspondente, <i>deviance</i> , qui-quadrado residual (ChiSq) para o caráter distribuição de raiz em diferentes profundidades (P) em populações mutantes M ₃ de feijão.....	55

Tabela 11 - Resultados da análise de variação para o caráter distribuição de raiz em genótipos mutantes M ₃ de feijão com a decomposição da variação atribuível a dose do agente mutagênico (raios gama- Co ⁶⁰), para cada genótipo de feijão dentro das profundidades estudado, no componente polinomial linear e quadrático.....	57
Tabela 12 - Médias observadas (μO), médias transformadas (μT) ($\rho = \ln(\mu/1-\mu)$) e médias a <i>posteriori</i> (μP) para o caráter distribuição de raiz em populações M ₃ de feijão..	60
Tabela 13 - Coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres distribuição de raiz e índice de área foliar (IAF) separadamente para cada genótipo dentro de profundidade..	62

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	14
2 CAPÍTULO I – AVALIAÇÃO DO CARÁTER DISTRIBUIÇÃO RADICULAR: UMA PROPOSTA	16
2.1 RESUMO.....	16
2.2 ABSTRACT.....	17
2.3 INTRODUÇÃO	17
2.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	19
2.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	21
2.6 CONCLUSÕES.....	30
3 CAPÍTULO II – MELHORAMENTO DE FEIJÃO COM ENFOQUE NA TOLERÂNCIA À ESTRESSES ABIÓTICOS	31
3.1 RESUMO.....	31
3.2 ABSTRACT.....	32
3.3 INTRODUÇÃO	32
3.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	34
3.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	37
3.6 CONCLUSÕES	47

4 CAPÍTULO III – DISTRIBUIÇÃO DE RAIZ EM POPULAÇÕES DE FEIJÃO UTILIZADAS EM PROGRAMA DE MELHORAMENTO	48
4.1 RESUMO.....	48
4.2 ABSTRACT.....	49
4.3 INTRODUÇÃO	49
4.4 MATERIAL E MÉTODOS	51
4.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	55
4.6 CONCLUSÕES	63
5 CONCLUSÃO GERAL	64
REFERÊNCIAS.....	66

1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa 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 (KIMANI e DEDERA, 2009). Este grão constitui uma fonte barata de proteínas (22%), vitaminas e nutrientes minerais para cerca de 500 milhões de pessoas nos países em desenvolvimento (MIKLAS et al., 2006).

O Brasil é um dos maiores produtores de feijão, responsável por cerca de 20% da produção mundial (EPAGRI, 2010). Para o ano de 2010, a produção total de feijão poderá chegar a 3,5 milhões de toneladas, o que representa uma redução de 6,2% em relação ao ano passado (IBGE, 2010). Porém, mesmo tendo uma produção significativa, os rendimentos de grãos ainda são ínfimos, e a média de produtividade nacional gira em torno de 849 kg.ha⁻¹ (IBGE, 2010), valor este muito abaixo do potencial da cultura, que é estimado em 4000 kg.ha⁻¹. Situação esta, que pode ser explicada pelo fato de que o feijão é cultivado em praticamente todo o território nacional, em várias épocas, condicionado a uma diversidade de ambientes com grande reflexo das condições de estresses abióticos sobre os componentes do rendimento de grãos.

O melhoramento de plantas é uma das ferramentas que pode atuar minimizando o efeito deste tipo de estresse sobre o rendimento de grãos. O melhoramento genético tem como objetivo a criação de genótipos que superem o desempenho das cultivares que já estão disponíveis no mercado. Dessa forma, a avaliação de características associadas à raiz (distribuição, arquitetura, comprimento, entre outras) é importante, de modo que a seleção de

plantas com sistema radicular mais desenvolvido pode culminar com o desenvolvimento de genótipos com maior tolerância a fatores bióticos e abióticos.

A seleção de cultivares de feijão com sistema radicular desenvolvido pode ser postulada como estratégia no incremento da absorção de fósforo (P). Isso porque o crescimento radicular é uma das características fundamentais para a otimização da eficiência de aquisição e uso de P pelas plantas (LYNCH e BROWN, 2008). E ainda, quanto ao estresse hídrico, é notável que genótipos de feijão com um sistema radicular mais desenvolvido, em profundidade, mostram desempenho superior em condição de deficiência hídrica (HO et al., 2005). Estes pontos são importantes principalmente quando se considera o Estado de Santa Catarina, onde o feijão é cultivado quase que exclusivamente por pequenos agricultores que dispõem de pouca tecnologia e recursos financeiros para aplicação na lavoura.

Manipular geneticamente o sistema radicular das plantas, de forma a otimizar a capacidade de absorção de água e nutrientes, é uma maneira de atenuar os impactos dos efeitos abióticos sobre a produtividade de grãos (DORLODOT et al., 2007). Porém, o sucesso do programa de melhoramento está diretamente relacionado a variabilidade genética para a característica de interesse, pois sem ela é impossível o alcance de ganhos genéticos. O melhorista pode utilizar-se da variabilidade presente em Bancos de Germoplasma de Feijão; e quando esta não for suficiente, pode dispor da mutação induzida, a qual é considerada uma ferramenta rápida e efetiva para a geração de variabilidade o melhoramento de plantas. No entanto, para que o processo de caracterização e seleção dos genótipos seja preciso e confiável, a análise quantitativa dos dados é fundamental, ainda que esta pareça a maior barreira quando o assunto refere-se a análise da distribuição radicular das plantas.

2 CAPÍTULO I – AVALIAÇÃO DO CARÁTER DISTRIBUIÇÃO RADICULAR: UMA PROPOSTA

2.1 RESUMO

A produção de feijão é afetada por uma gama de estresses abióticos, como seca, baixa fertilidade do solo, acidez do solo e temperaturas desfavoráveis. No entanto, um sistema radicular profundo e bem distribuído pode permitir melhor adaptação da cultura, principalmente no que tange as condições de deficiência hídrica e baixa disponibilidade de nutrientes. Apesar do avanço da pesquisa, pouco se tem trabalhado nessa linha de estudo. Este trabalho teve como objetivo apresentar uma alternativa para a mensuração e análise estatística quando o pesquisador deseja estudar o caráter distribuição radicular. Foram abertos perfis perpendiculares à linha de semeadura do feijão, onde um retângulo com dimensões de 0,5 m de largura por 0,3 m de altura, quadriculado com 0,05 m de lado foi disposto e uma foto foi capturada. A determinação da distribuição radicular no sistema binário (denominação de presença (1) e ausência (0) das raízes em cada quadrícula) foi realizada por meio da análise da foto. Foi possível observar que a mensuração da característica distribuição radicular por meio da determinação de eventos simples (presença=1 e ausência=0) é uma valiosa ferramenta para o pesquisador, já que possibilita a análise quantitativa da distribuição radicular, por meio dos Modelos Lineares Generalizados do procedimento GENMOD do SAS.

Palavras-chave: Distribuição binomial. *Phaseolus vulgaris* L.. Modelos Lineares Generalizados.

2.2 ABSTRACT

The production of beans is affected by a range of abiotic stresses such as drought, low soil fertility, soil acidity and unfavorable temperatures. However, a deep root system and well distributed allow better adaptation to the culture, especially concerning the condition of water stress and low nutrient availability. Despite the advancement of research, little has been done in this line of study. Therefore, this paper aims to present an alternative to measure root distribution. For that were open profiles perpendicular to line sowing of beans, we used a rectangle with dimensions of 0.5 m wide by 0.3 m high, 0.05 m grid was laid out on the side profile and a digital photo was captured. The determination of root distribution in the binary system (name of presence (1) and absence (0) of roots in each box) was performed by analysis of the photo. It was observed that the measurement of root distribution through the determination of simple events (presence = 1 and no = 0) is a valuable tool for researchers because it allows the quantitative analysis of root distribution by means of Generalized Linear Models procedure GENMOD of SAS.

Keywords: Binomial distribution. *Phaseolus vulgaris* L.. Generalized Linear Models.

2.3 INTRODUÇÃO

A produção de feijão é afetada por uma gama de estresses abióticos, como por exemplo, seca, baixa fertilidade e acidez do solo e temperaturas desfavoráveis durante o crescimento e desenvolvimento da cultura (LYNCH, 2007). Sendo assim, o desenvolvimento de cultivares tolerantes a baixa fertilidade do solo e a deficiência hídrica é a garantia da sustentabilidade do agronegócio, reduzindo os custos de produção e a dependência de fertilizantes (SINGH et al., 2003).

Porém o sucesso de um programa de melhoramento com este foco depende da avaliação do sistema radicular das plantas, buscando genótipos com sistema radicular profundo e bem distribuído (GUIMARÃES e ZIMMERMANN, 1985; LYNCH e BROW, 2001). Poucos trabalhos têm focado nessa linha de estudo, e a interrogação mais lógica a ser feita é: por que o estudo de raízes é tão difícil? Sem dúvida os métodos empregados atualmente são meticulosos, onerosos e morosos. Analisando artigos publicados nesta linha, fica evidente que os pesquisadores estão carentes quanto a técnicas de mensuração de características do sistema radicular a campo.

Uma alternativa de avaliação é o método do perfil descrito por Bohm (1979). As raízes são expostas com hastes pontiagudas, e um retângulo subdividido em quadriculados, é disposto sobre este perfil, que é então fotografado. Este método apresenta o conveniente de não ser totalmente destrutivo e ser aplicável a campo. Porém, diversos trabalhos que utilizaram esta metodologia apresentam como resultados apenas uma análise qualitativa das imagens capturadas do perfil (ALBUQUERQUE e REINERT, 2001; REINERT et al., 2008; REICHERT et al., 2009). Experimentos que usufruem apenas de uma análise qualitativa dos dados fornecem respostas incompletas e menos acuradas, já que ensaios biológicos tendem a variar toda vez que se repetir o experimento, ainda que em condições semelhantes. Nestas situações os métodos estatísticos podem fornecer auxílio, determinando-se limites dentre os quais a verdadeira diferença deve ser encontrada, com certo grau de confiança definido pelo pesquisador (ANDRADE e OGLIARI, 2007). Todavia, é necessário que a característica de interesse seja de alguma forma mensurada.

Em termos gerais, a mensuração de uma característica é a representação desta através de números. Como a distribuição de raiz refere-se a presença de raízes num determinado gradiente (LYNCH, 1995), pela imagem do perfil o pesquisador pode determinar a

distribuição radicular com a denominação de presença (1) e ausência (0) das raízes, para cada quadrícula.

No entanto, para a utilização das técnicas usuais na análise de modelos lineares é assumido que os dados são independentes, normalmente distribuídos e com variância constante. Variáveis respostas não contínuas não têm distribuição normal. Logo, estes tipos de dados não assumem a pressuposição exigida para a distribuição do erro (normal), e, por conseguinte a variância não é homogênea (BOX e COX, 1964). Assim, se for aplicado a dados binários a análise de modelos lineares duas pressuposições da inferência estatística podem ser ignoradas, e a interpretação dos resultados obtidos pode ficar deturpada. Para atender as pressuposições, nessas circunstâncias, o pesquisador pode transformar os dados ou então, sempre que a distribuição for conhecida é recomendado dispor de um procedimento que leve em conta a distribuição particular da variável como nos procedimentos GENMOD ou GLIMMIX do pacote estatístico SAS.

Dessa forma, este trabalho teve como objetivos apresentar uma alternativa de mensuração e de análise estatística quando o pesquisador deseja estudar o caráter distribuição radicular.

2.4 MATERIAL E MÉTODOS

Descrição do Experimento

Quatro genótipos de feijão (BAF09, BAF07, IPR Uirapuru e BAF50) mais as doze respectivas combinações híbridas F_1 s e os recíprocos (BAF09 x BAF07, BAF09 x IPR Uirapuru, BAF09 x BAF50, BAF07 x BAF09, BAF07 x IPR Uirapuru, BAF07 x BAF50, IPR Uirapuru x BAF09, IPR Uirapuru x BAF07, IPR Uirapuru x BAF50, BAF50 x BAF09,

BAF50 x BAF07, BAF50 x IPR Uirapuru) foram avaliados a campo na safra 2008/09, por meio de um delineamento inteiramente casualizado com duas repetições, arranjado em um esquema fatorial: genótipos (16 níveis) x profundidade (três níveis).

Determinação do Sistema Radicular

Quando os genótipos apresentaram pleno florescimento foram abertos perfis perpendiculares à linha de semeadura, a 5 cm das plantas, e as raízes foram expostas com hastes pontiagudas, conforme descrito por Bohm (1979). Após, foi colocado sobre o perfil, um retângulo com dimensões de 0,5 m de largura por 0,3 m de altura, subdividido em quadriculados com 0,05 m de lado. O perfil foi fotografado para posterior avaliação da distribuição das raízes das plantas. A câmera fotográfica utilizada foi de 7.2 Mp, a qual foi posicionada a uma distância padrão de 60 cm da grade quadriculada. Por meio da fotografia digital foi determinada a distribuição de raiz no sistema binário (denominação de presença (1) e ausência (0) das raízes em cada quadrícula).

Análise Estatística

Uma variável categórica é definida como aquela que pode assumir apenas um número limitado de valores. A denominação de presença (1) e ausência (0) das raízes em cada quadrícula torna a distribuição de raiz uma variável categórica. Este tipo de dado pode ser analisado diretamente por meio do PROC GENMOD do SAS, procedimento este que se encaixa nos modelos lineares generalizados (NELDER e WEDDERBURN, 1972). Esta classe de modelos permite que a distribuição de probabilidade da variável resposta assumira qualquer modelo de distribuição, dentro das exponenciais.

Os dados foram submetidos ao procedimento PROC GENMOD do SAS para a obtenção da análise *deviance* (ANODEV), que é uma generalização da análise da variância para os modelos lineares clássicos. A distribuição de probabilidade foi informada, sendo

binomial, já que os dados são de presença (1) e ausência de raiz (0), no procedimento $dist=b$ (SAS/STAT, 2008). Este artifício dispensa transformação de dados, pois estes são tratados conforme a distribuição indicada (na teoria dos modelos lineares clássicos é assumido, em geral, que os erros têm distribuição normal, se não o for, faz-se necessária a transformação de dados).

Quando o interesse do pesquisador reside não mais no número de sucessos em n ensaios, mas no número de sucessos em um dado intervalo de tempo ou espaço, tem-se um experimento de Poisson. Por isso, uma nova análise *deviance* foi efetuada, onde foi utilizada a porcentagem de quadrículas com raiz. Para ambas as situações, de modo a discriminar os tratamentos, foi realizado uma estimativa de contrastes não ortogonais para o caráter distribuição radicular, considerando as combinações híbridas vs a média dos respectivos genitores.

2.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com o método descrito por Bohm (1979) a avaliação do sistema radicular a campo consiste da abertura de trincheiras manualmente, perpendicular a linha de semeadura. Para a exposição das raízes, hastes pontiagudas ou jatos de água podem ser utilizados. Após a exposição das raízes no perfil, uma moldura subdividida em quadrículas é disposta, e faz-se então a captura de uma imagem. Muitas das análises, envolvendo este método, discorrem apenas qualitativamente sobre as referidas imagens. Outra alternativa, trata-se do uso de analisadores de imagens, como o SIARCS, desenvolvido pela EMBRAPA-CNPDIA (CRESTANA et al., 1994). Esses equipamentos podem fornecer dados de comprimento, vitalidade e até mesmo o diâmetro das raízes.

De acordo com Lynch (1995) vários são os caracteres que podem ser determinados quando o foco do trabalho é o sistema radicular da cultura: *i)* Morfologia: refere-se aos atributos da superfície do sistema radicular, como características da epiderme, diâmetro de raiz, comprimento dos pêlos radiculares, padrão de crescimento das raízes adventícias, entre outras; *ii)* Topologia: estuda o sistema radicular como eixos individuais e a maneira como que estes se conectam; *iii)* Distribuição: refere-se a presença de raiz em um gradiente do solo, sendo que quando esta avaliação é feita em condições de campo, e o pesquisador é obrigado a avaliar mais de uma planta simultaneamente; e *iv)* Arquitetura: refere-se a configuração espacial do sistema radicular, sendo que estudos de arquitetura não incluem muitos detalhes estruturais, como pêlos radiculares, e o estudo dá-se em plantas individuais. Destes, a topologia e a distribuição radicular são os mais fáceis de medir e os mais comumente usados em estudos de raiz. Já para o melhoramento de plantas, a mensuração em termos de distribuição radicular se torna mais responsiva, uma vez que, o melhorista irá obter a resposta quanto ao desempenho do genótipo e terá a descendência deste garantida. Por mais que seja a redução na quantidade de sementes obtidas, pois o processo de exposição das raízes prejudica o desenvolvimento da planta, este não é destrutivo, e assim o melhorista irá conseguir obter sementes para avançar o programa de melhoramento.

O estudo do sistema radicular pode garantir progresso genético para a resistência a estresses abióticos, como a baixa disponibilidade de nutrientes, principalmente o fósforo que é um dos mais limitantes para o rendimento da cultura (SILVA et al., 2010) e deficiência hídrica (DORLODOT et al., 2007; CUSTÓDIO et al., 2009). Diferenças genótípicas influenciam o desempenho das plantas, quando submetidas a um déficit hídrico, e isso deixa claro que a existência de variação genética para o sistema radicular tem um importante papel na produtividade das culturas, principalmente em culturas com alta sensibilidade a baixa

disponibilidade hídrica, como o feijão. No entanto, é crucial que pesquisador disponha de uma análise que identifique de forma correta os genótipos que apresentem maior potencial, para que estes sejam incluídos em blocos de cruzamentos, e o programa alcance o sucesso almejado.

A avaliação do sistema radicular apresenta diversos entraves, como a abertura de trincheiras, que envolve um trabalho árduo, a análise e interpretação dos dados os quais são na maioria das vezes, qualitativos. A análise quantitativa dos dados parece constituir-se no obstáculo mais expressivo, sendo que a utilização do procedimento PROC GENMOD do SAS pode ser uma excelente alternativa para os pesquisadores. Isso porque a partir da foto, de acordo com cada quadrícula o pesquisador pode definir como um (1) quando houver presença de raiz, e como zero (0) na ausência. Dados de presença e ausência geram um conjunto de valores que seguem uma distribuição binomial. Esta não se encaixa nos Modelos Lineares Gerais, o que impede que sejam utilizados outros procedimentos estatísticos mais simples, os quais têm como exigência a normalidade dos dados. E ainda, sempre que a pressuposição do modelo quanto à normalidade dos dados não for obedecida, automaticamente duas pressuposições deixam de ser atendidas. Isso porque a não normalidade dos dados leva a uma heterogeneidade de variância, e, vice-versa. E o não atendimento das pressuposições do modelo pode levar a estimativas equivocadas (SANTOS et al., 2004).

O pesquisador pode dispor da transformação dos dados, para que estes então possam atender as pressuposições de normalidade e homogeneidade de variância. No entanto, após a transformação não é possível referir-se à média da proporção, mas sim as médias transformadas de cada tratamento. Tal dado, em geral, é menos informativo ao pesquisador do que a média das proporções originais, ou seja, afirmar que dados de porcentagem ou

proporção devem necessariamente ser transformados pode ser considerado muito generalista (BIANCONE et al., 2008).

O procedimento GENMOD se encaixa nos modelos lineares generalizados, definido por Nelder e Wedderburn (1972). A classe dos modelos lineares generalizados é uma extensão do tradicional modelo linear, onde a média de uma população depende de um preditor linear através de uma função de ligação não-linear e permite qualquer distribuição exponencial de probabilidade para a variável resposta. Os modelos lineares generalizados são amplamente utilizados. Nessa classe, são vários os modelos que podem ser formulados, basta selecionar a função de ligação e a distribuição de probabilidade adequadas.

Nelder e Wedderburn (1972) mostraram que a maioria dos problemas estatísticos que surgem nas áreas de agricultura, demografia, ecologia, economia, geografia, geologia, história, medicina, ciência política, psicologia, sociologia, zootecnia etc, podem ser formulados, de uma maneira unificada, como modelos de regressão. Esses modelos envolvem uma variável resposta univariada, variáveis explicativas e uma amostra aleatória de n observações, sendo que: *i*) a variável resposta, componente aleatório do modelo, tem uma distribuição pertencente à família exponencial na forma canônica (distribuições normal, gama e inversa gaussiana para dados contínuos; binomial para proporções; Poisson e binomial negativa para contagens); *ii*) as variáveis explicativas, entram na forma de um modelo linear (componente sistemático); e *iii*) a ligação entre os componentes aleatório e sistemático é feita através de uma função (por exemplo, logarítmica para os modelos log-lineares).

Dessa forma, a partir da foto obtida o pesquisador passa a definir os eventos em cada quadrícula. Sendo que, os valores 0 e 1 descrevem os dois eventos simples, correspondente as duas alternativas da característica distribuição radicular em cada quadrícula (presença ou ausência). A estrutura fatorial hierárquica do experimento não pode ser negligenciada. O

modelo apresenta dois fatores experimentais, o que resulta em um experimento fatorial; e é hierárquica porque a relação dos fatores experimentais genótipo e profundidade é aninhada (o fator profundidade é aninhado ao fator genótipo) (SILVA, 2003).

O modelo estatístico utilizado pode ser escrito da seguinte maneira:

$$y_{ij} = \mu + g(p)_i + e_{ij}$$

Sendo, μ - efeito associado à média geral, $g(p)_i$ - efeito associado ao i -ésimo nível do fator G (genótipo) aninhado em P (profundidade), e_{ij} - efeito associado ao resíduo.

O pesquisador irá obter uma análise de *deviance* (ANODEV), que é uma generalização da análise da variância para os modelos lineares generalizados, visando obter, os efeitos de fatores, covariáveis e suas interações. A *deviance* é sempre maior ou igual à zero, e à medida que entram variáveis explanatórias (ou covariáveis) no componente sistemático, decresce até se tornar zero para o modelo saturado. Quanto melhor for o ajuste do modelo aos dados tanto menor será o valor. Assim, um modelo bem ajustado aos dados com uma verossimilhança grande tem uma *deviance* pequena. Uma maneira de se conseguir a diminuição da *deviance* é aumentar o número de parâmetros, o que, porém, significa um aumento do grau de complexidade na interpretação do modelo. Na prática, procuram-se modelos simples com *deviance* moderada, situados entre os modelos mais complicados e os que se ajustam mal aos dados (DEMÉTRIO, 2002).

Assim, considerando o experimento descrito acima, os dados da Tabela 1, apresentam os resultados da análise *deviance*, evidenciando que os genótipos aninhados as profundidades diferem para o caráter distribuição radicular ($Pr < 0,05$). Porém, o interesse do pesquisador geralmente não reside em saber apenas que o comportamento do genótipo difere dependentemente da profundidade. O conhecimento acerca de quais os genótipos diferem entre si dentro de cada profundidade é fundamental no processo de análise, e estes resultados

podem ser obtidos por meio de teste de médias ou contrastes. Logo, se o interesse do pesquisador for conhecer o desempenho das combinações híbridas diante dos valores médios apresentados pelos genitores, em cada profundidade, os contrastes do desempenho da combinação híbrida *vs* os dois genitores podem ser avaliados e testados.

Tabela 1 – *Deviance* (ANODEV) e seus respectivos números de grau de liberdade (GL) correspondente para o caráter distribuição de radicular, para três diferentes profundidades (Prof) em genótipos (G) de feijão, utilizando a distribuição binomial.

Fonte	GL	Deviance	ChiSq	Pr>ChiSq
Intercepto	-	15729,48	-	-
G(Prof)	47	10530,67	5198,81	0,0001

Na Tabela 2 estão apresentadas as médias de distribuição radicular para os híbridos e os respectivos genitores, e na Tabela 3 estão dispostos os resultados dos contrastes. É possível observar significância para a maioria deles ($P < 0,05$), ou seja, a maioria das combinações híbridas apresentou comportamento diferenciado para a variável distribuição radicular em relação ao desempenho médio dos respectivos genitores. Sendo possível destacar, para a profundidade de 0 - 10 cm, o híbrido IPR Uirapuru x BAF09, que apresentou desempenho superior a média dos pais (0,100); para a profundidade de 11 – 20 cm o híbrido IPR Uirapuru x BAF50 (superior em 0,136); e para a profundidade de 21 – 30 cm, o mesmo híbrido da profundidade de 0 – 10 cm, com um desempenho aquém da média dos pais em 0,125.

Tabela 2 – Distribuição radicular média para as combinações híbridas e genitores, nas profundidades do perfil do solo de 0 – 10, 11 – 20 e 21 – 30 cm, de acordo com a distribuição binária dos dados.

Genótipos	Profundidades		
	0 - 10 cm	11 - 20 cm	21 - 30 cm
BAF09	0,75	0,22	0,05
BAF09 x BAF07	0,60	0,02	0,02
BAF09 x IPR Uirapuru	0,68	0,10	0,12
BAF09 x BAF50	0,45	0,07	0,05
BAF07 x BAF09	0,50	0,27	0,00
BAF07	0,72	0,20	0,00
BAF07 x IPR Uirapuru	0,62	0,02	0,00
BAF07 x BAF50	0,70	0,20	0,00
IPR Uirapuru x BAF09	0,85	0,10	0,22
IPR Uirapuru x BAF07	0,75	0,12	0,15
IPR Uirapuru	0,75	0,10	0,15
IPR Uirapuru x BAF50	0,67	0,42	0,15
BAF50 x BAF09	0,75	0,22	0,10
BAF50 x BAF07	0,85	0,27	0,12
BAF50 x IPR Uirapuru	0,40	0,12	0,07
BAF50	0,87	0,47	0,22

Tabela 3 – Estimativa de contrastes não ortogonais para o caráter distribuição radicular entre as combinações híbridas vs a média dos respectivos genitores, nas profundidade do perfil do solo de 0 – 10, 11 – 20 e 21 – 30 cm, de acordo com a distribuição binária dos dados.

Contrastes	GL	Chi-Square		
		0 - 10	11 - 20	21 - 30
(BAF09 x BAF07) vs (BAF09 + BAF07)	1	3,05	65,44*	16,08*
(BAF09 x IPR Uirapuru) vs (BAF09 + IPR Uirapuru)	1	3,47	3,13	5,41*
(BAF09 x BAF50) vs (BAF09 + BAF50)	1	8,43*	72,91*	104,77*
(BAF07 x BAF09) vs (BAF07 + BAF09)	1	0,00	6,85*	33,35*
(BAF07 x IPR Uirapuru) vs (BAF07 + IPR Uirapuru)	1	0,00	29,68*	16,13*
(BAF07 x BAF50) vs (BAF07 + BAF50)	1	0,00	11,91*	9,99*
(IPR Uirapuru x BAF09) vs (IPR Uirapuru + BAF09)	1	30,60*	3,13	9,44*
(IPR Uirapuru x BAF07) vs (IPR Uirapuru + BAF07)	1	37,22*	0,03	0,03
(IPR Uirapuru x BAF50) vs (IPR Uirapuru + BAF50)	1	2,85	15,17*	24,96*
(BAF50 x BAF09) vs (BAF50 + BAF09)	1	1,57	15,68*	3,88*
(BAF50 x BAF07) vs (BAF50 + BAF07)	1	17,92*	2,26	1,49
(BAF50 x IPR Uirapuru) vs (BAF50 + IPR Uirapuru)	1	11,26*	12,81*	130,25*

*Significativo a 5% de probabilidade.

Vale ressaltar ainda que o pesquisador pode desfrutar de outras alternativas. Isso porque, a seleção de modelos é uma parte importante de toda pesquisa, que envolve a procura

de um modelo o mais simples possível, razoável, que descreva bem os dados observados e que atenda aos objetivos do pesquisador (DEMÉTRIO, 2002). O pesquisador pode avaliar a distribuição radicular por meio de um experimento de Poisson. Um experimento de Poisson (por exemplo, número de microrganismos em um volume de solução) é uma sequência de experimentos de Bernoulli com as mesmas características de um experimento binomial, no entanto, neste caso o interesse do melhorista reside não mais no número de sucessos em n ensaios, mas no número de sucessos em um dado intervalo de tempo ou espaço, enquanto o experimento binomial (como por exemplo, quando um inseticida é aplicado a um determinado número de insetos, eles respondem (morrem), ou não (sobrevivem), à dose aplicada) é caracterizado pelo número de sucessos em n ensaios. Logo, considerando-se o modelo de Poisson, o pesquisador pode no quadrilado com 60 quadrículas estimar a porcentagem de presença de raiz, e submeter este conjunto de dados a análise estatística.

O processo de análise pode ser realizado da mesma forma. A variação do método baseia-se na modificação dos dados na tabela (alteração dos dados para porcentagem de presença de raiz na quadrícula), e na distribuição informada, a qual é agora Poisson ($dist = poi$). A análise *deviance* para os dados do experimento de Poisson estão na Tabela 4. É possível observar, a 5% de significância, que pelo menos um híbrido ou um genitor diferem entre si. Porém, conclusões referentes à profundidade não podem ser tecidas, porque este fator não foi considerado.

Tabela 4 – *Deviance* (ANODEV) e seus respectivos números de grau de liberdade (GL) correspondente para o caráter distribuição de radicular em genótipos de feijão, utilizando a distribuição de Poisson.

Fonte	GL	<i>Deviance</i>	ChiSq	Pr>ChiSq
Intercepto	-	66,33	-	-
Genótipo	15	28,55	37,78	0,0010

A Tabela 5 mostra os resultados dos contrastes de interesse desempenho do híbrido *vs* genitor, desconsiderando as profundidades. De maneira geral, os híbridos não apresentaram comportamento constantemente diferenciado ao longo dos contrastes, e onde houve significância é possível verificar o pobre desempenho das combinações híbridas diante da média dos genitores. É importante salientar que os híbridos com desempenho superior, BAF09 x BAF50 e BAF50 x BAF07, não são os mesmos destacados anteriormente. Ou seja, é fundamental que o pesquisador tenha clareza quanto ao objetivo do experimento, pois os genótipos selecionados por profundidade podem não ser os mesmos que aqueles selecionados pelo maior desempenho em todo o perfil do solo. Outro dado relevante é o da inclusão fator profundidade. Já que quando este foi considerado um maior número de diferenças significativas foi encontrado, logo, este pode ser um fator relevante na diferenciação dos genótipos.

Tabela 5 – Estimativa de contrastes não ortogonais para o caráter distribuição radicular entre as combinações híbridas *vs* a média dos respectivos genitores, utilizando a distribuição de Poisson.

Contraste	GL	Chi-Square	Pr>ChiSq
(BAF09 x BAF07) <i>vs</i> (BAF09 + BAF07)	1	2,17	0,1404
(BAF09 x IPR Uirapuru) <i>vs</i> (BAF09 + IPR Uirapuru)	1	1,06	0,3035
(BAF09 x BAF50) <i>vs</i> (BAF09 + BAF50)	1	12,37	0,0004
(BAF07 x BAF09) <i>vs</i> (BAF07 + BAF09)	1	0,85	0,3575
(BAF07 x IPR Uirapuru) <i>vs</i> (BAF07 + IPR Uirapuru)	1	2,00	0,1573
(BAF07 x BAF50) <i>vs</i> (BAF07 + BAF50)	1	3,39	0,0656
(IPR Uirapuru x BAF09) <i>vs</i> (IPR Uirapuru + BAF09)	1	0,61	0,4341
(IPR Uirapuru x BAF07) <i>vs</i> (IPR Uirapuru + BAF07)	1	0,39	0,5310
(IPR Uirapuru x BAF50) <i>vs</i> (IPR Uirapuru + BAF50)	1	0,10	0,7540
(BAF50 x BAF09) <i>vs</i> (BAF50 + BAF09)	1	1,52	0,2179
(BAF50 x BAF07) <i>vs</i> (BAF50 + BAF07)	1	269,38	0,0001
(BAF50 x IPR Uirapuru) <i>vs</i> (BAF50 + IPR Uirapuru)	1	11,24	0,0008

2.6 CONCLUSÕES

i) A mensuração da característica distribuição radicular por meio da determinação de eventos simples (presença=1 e ausência=0) possibilita a análise quantitativa da distribuição radicular;

ii) A avaliação da distribuição radicular através do sistema binário permite diferenciar de forma segura os genótipos;

iii) A determinação do sistema radicular no sistema binário permite que os parâmetros do modelo sejam estimados e testados estatisticamente, já que todo experimento tem como propósito a derivação de inferências referentes aos parâmetros.

3 CAPÍTULO II – MELHORAMENTO DE FEIJÃO COM ENFOQUE NA TOLERÂNCIA À ESTRESSES ABIÓTICOS

3.1 RESUMO

Este trabalho teve como objetivos: *i*) mensurar o caráter distribuição de raiz em genótipos de feijão do Banco Ativo de Germoplasma da UDESC (Universidade do Estado de Santa Catarina) e *ii*) verificar a correlação da distribuição radicular com outros caracteres de importância agrônômica. Foi utilizado um delineamento experimental inteiramente casualizado com duas repetições por tratamento. O fator genótipo foi avaliado em oito níveis, aninhado ao fator profundidade (ninho) com três níveis. A variável de importância agrônômica determinada foi distribuição radicular, quantificada em presença (1) e ausência (0). A análise de variância revelou efeito significativo dos genótipos aninhados as diferentes profundidades, ou seja, os genótipos estudados apresentam diferença para o caráter distribuição radicular dependentemente da profundidade considerada. Os genótipos BAF09 (preto) e BAF35 (carioca), por apresentarem distribuição radicular profunda e significativa (20 a 30 cm), merecem destaque. Pôde ser verificada ainda a presença de correlação positiva e significativa entre a distribuição radicular e outros caracteres de importância agrônômica.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.. Distribuição Radicular. Estresse hídrico. Baixa disponibilidade de nutrientes.

3.2 ABSTRACT

The present work was carried out aiming to: *i*) measure the character of root distribution in genotypes of the UDESC (Santa Catarina State University) Bean Active Germplasm Bank and *ii*) investigate the correlation of root distribution with other important agronomic characteristics. A randomized experimental design with two replications per treatment was used. Genotype factor was assessed in eight levels, nested at depth (nest) with three levels. Root distribution was determined, quantified in the presence (1) and absence (0). The analysis of variance revealed significant effect of genotype nested at different depths, thus the genotypes have different root distribution at depths. Genotypes BAF09 (black) and BAF35 (carioca) are noteworthy, because they presented deep root distribution and significant (20-30 cm). It might still be verified the presence of significant positive correlation between root distribution and other traits of agronomic importance

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.. Root distribution. Water stress. Low nutrient availability.

3.3 INTRODUÇÃO

O feijão é um alimento básico na dieta do brasileiro, sendo importante fonte de proteína, ferro e zinco (RIBEIRO et al., 2008). No Brasil, essa cultura constitui-se numa das mais consideráveis explorações agrícolas, tanto pela área de cultivo, quanto pelo valor econômico de sua produção. Na safra 2008/09, a produção nacional de grãos dessa leguminosa chegou a 3,5 milhões de toneladas, apresentando uma produtividade média de 817 kg.ha⁻¹ (IBGE, 2010), valor este abaixo do potencial da cultura, estimado em 4000 kg.ha⁻¹.

A baixa fertilidade do solo e o estresse hídrico são os principais fatores limitantes para o desenvolvimento da cultura (OCHOA et al., 2006; MORAES et al., 2008). Isso porque, o cultivo do feijão é realizado principalmente em pequenas propriedades rurais, onde o emprego de mão-de-obra familiar é comum e o nível de tecnologia empregado é reduzido, sendo cultivado sob agricultura com baixa entrada de insumos. Este fato pode contribuir para a instabilidade da produção com reflexo direto no rendimento de grãos. Além disso, com o atual panorama de mudanças climáticas é esperado um incremento nas perdas devido aos danos tanto por estresses abióticos como bióticos, sendo a deficiência hídrica a mais esperada (RAMALHO et al., 2009). As estimativas de danos na área de cultivo estão em torno 11% para o feijão. Por conseguinte, esses cenários dão indicativos essenciais ao planejamento das pesquisas, principalmente quanto à adaptação dos sistemas de cultivos e do desenvolvimento de novas cultivares mais tolerantes às altas temperaturas e à seca (PELLEGRINO et al., 2007).

Nesse sentido, o desenvolvimento de cultivares tolerantes as condições de estresse abiótico, principalmente a seca e a baixa disponibilidade de nutrientes, pode favorecer os agricultores e o progresso genético da cultura do feijão. Uma das maneiras de minimizar o impacto negativo destes fatores é manipular geneticamente o sistema radicular das plantas. No entanto os métodos empregados na avaliação do sistema radicular são metuculosos, onerosos e morosos, além de serem destrutivos, o que pode se tornar um empecilho para avaliação deste importante caráter para o melhoramento de plantas e para a agricultura brasileira. Isto é importante para assegurar o rendimento da cultura, uma vez que um sistema radicular bem desenvolvido e distribuído, principalmente em profundidade, garante uma maior habilidade da planta em captar água e nutrientes, já que estes se encontram heterogeneamente distribuídos na solução do solo (DORLODOT et al., 2007). Os genótipos de feijão que possuem o sistema

radicular mais desenvolvido no perfil de solo, de 20 a 60, cm são mais tolerantes a seca (GUIMARÃES e ZIMMERMANN, 1985), bem como possuem maior capacidade na absorção de nutrientes, principalmente fósforo (LYNCH e BROW, 2001).

Alterações no sistema radicular têm ocorrido em consequência da domesticação e do melhoramento, sendo possível verificar diferenças fenotípicas e genotípicas quanto ao sistema radicular. Os Bancos de Germoplasma de Feijão são importantes fontes de variabilidade genética primária. Estes possuem genótipos que não passaram por um processo de melhoramento, e foram por anos cultivados sob baixa disponibilidade de nutrientes e submetidos a diferentes regimes hídricos, o que pode permitir que estes mantenham um sistema radicular mais desenvolvido, porém, muitas vezes com caracteres agrônômicos indesejáveis. De forma que a identificação e caracterização de genótipos atualmente utilizados pelos agricultores torna-se de grande relevância para os melhoristas de plantas; pois destes, devem ser identificados aqueles que possuam a maior distribuição radicular.

Assim, este trabalho teve como objetivos: *i*) mensurar o caráter distribuição de raiz em genótipos de feijão do Banco Ativo de Germoplasma do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM) da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), previamente selecionados pelo excelente desempenho agrônômico e selecionar aqueles promissores para que sejam empregados em blocos de cruzamento; e *ii*) verificar a correlação da distribuição radicular com outros caracteres de importância agrônômica.

3.4 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na safra agrícola 2008/09, a campo (Cambissolo Húmico, com uma densidade média de $1,30 \text{ g.cm}^{-3}$ nos primeiros 10 cm de profundidade;

1,39 g.cm⁻³ para a profundidade de 20 cm e 1,38 g.cm⁻³ para a profundidade de 30 cm) em Lages, SC.

Foram avaliados oito genótipos de feijão, sendo seis acessos (BAF07, BAF09, BAF35, BAF44, BAF50 e BAF63) provenientes de diferentes locais do Estado e duas cultivares indicadas para cultivo (Pérola e IPR Uirapuru) (MAPA, 2009) em três diferentes profundidades (0–10; 11–20 e de 21–30 cm). Estes acessos foram eleitos perante os demais do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão do IMEGEM/UEDESC, em razão do desempenho agrônômico superior constatado por meio de experimentos realizados em safras anteriores, dentro dos distintos grupos considerados (vermelho, preto e carioca).

O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado, com duas repetições, arranjado em um esquema fatorial hierárquico, onde o fator profundidade é aninhado nos níveis do fator genótipo. Cada unidade experimental foi composta de quatro linhas de quatro metros de comprimento, numa densidade de 15 plantas por metro linear e espaçamento entre linhas de 50 cm, num total de 48 unidades experimentais.

A utilização deste delineamento (inteiramente casualizado) pode ser justificada pelo dano que o processo de avaliação da distribuição radicular ocasiona na unidade experimental e pela ausência de heterogeneidade na área de cultivo; logo o erro experimental estimado por este delineamento permite que as diferenças entre os tratamentos sejam encontradas, dispensando o bloqueamento. Quando não existem características estranhas que possam constituir fonte de variação relevante, o controle local não é eficiente, já que ele provoca a perda de unidades referente ao erro experimental.

O sistema radicular do feijão foi avaliado pelo método do perfil descrito por Bohm (1979), onde o caráter mensurado foi a distribuição radicular, a qual de acordo com Lynch (1995) refere-se a presença de raiz em um determinado gradiente. Quando os genótipos

apresentaram pleno florescimento foram abertos perfis perpendiculares à linha de semeadura, 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 quadriculados com 0,05 m de lado. O perfil foi fotografado para posterior avaliação da distribuição das raízes das plantas. A câmera fotográfica utilizada foi de 7.2 Mp, posicionada a uma distância padrão de 60 cm da quadrícula. Por meio da foto foi determinada a distribuição de raiz no sistema binário (denominação de presença (1) e ausência (0) das raízes em cada quadrícula).

O modelo estatístico utilizado no experimento foi:

$$y_{ij} = \mu + g(p)_i + e_{ij}$$

Sendo, μ - efeito associado à média geral; $g(p)_i$ - efeito associado ao i -ésimo nível do fator G (genótipo) aninhado em P (profundidade); e e_{ij} - efeito associado ao resíduo.

Os dados binários (presença=1 e ausência=0 de raiz em cada quadrícula) dos genótipos aninhados as profundidades, foram submetidos ao procedimento PROC GENMOD do *software* SAS para a obtenção da análise *deviance* (ANODEV). A verificação do padrão de distribuição radicular ao longo do perfil foi realizada pelo ajuste de polinômios para cada genótipo.

Para que fosse averiguada a correlação da distribuição radicular com determinados caracteres de importância agrônômica, durante o desenvolvimento da cultura e por ocasião da colheita foram avaliados: índice de área foliar (IAF), número de dias entre a emergência e o florescimento (FL), número de dias entre a emergência e a maturação de colheita (MC), rendimento em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (PROG), estatura de planta em centímetros (EP), estatura de inserção do primeiro legume em centímetros (EIL), número de legumes por planta (NLP), número de grãos por legume (NGL) e o massa de cem grãos em gramas (MCG). Estes dados, juntamente

com os valores de distribuição radicular (Y) e a contagem do número de plantas na quadrícula (N) foram submetidos à análise de correlação de Pearson, onde foi obtido o grau da associação para cada duas variáveis.

3.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resultado da análise de variação (ANODEV), realizada pelo modelo linear generalizado, mostrou efeito significativo, ao nível de 5 % de significância, para os genótipos, aninhados nas diferentes profundidades, para a variável distribuição radicular (Tabela 6). Ou seja, os genótipos apresentam comportamento diferenciado quanto à distribuição radicular, ao longo das profundidades consideradas.

Tabela 6 – Análise de *Deviance* (ANODEV) considerando o modelo encaixado ou seqüencial e seus respectivos números de grau de liberdade (GL) correspondente, *deviance*, qui-quadrado residual (ChiSq) para o caráter distribuição de raiz em diferentes profundidades (P) em acessos e cultivares de feijão (G).

Fonte	GL	<i>Deviance</i>	ChiSq	Pr>ChiSq
Intercepto	-	9116,04	-	-
G(P)	23	4906,49	4209,55	0,0001

A maioria dos cultivos agrícolas são realizados em ambientes desfavoráveis para o crescimento e desenvolvimento das plantas. Ou seja, elas passam por algum tipo de estresse e são impedidas de exprimir todo o seu potencial genético para a produtividade de grãos, fibras e frutas (RAMALHO et al., 2009). Uma maneira de minimizar os impactos destes ambientes sobre a produtividade de grãos é manipular o sistema radicular das plantas, de forma a aperfeiçoar a capacidade de absorção de água e nutrientes (DORLODOT et al., 2007; OCHOA et al., 2006).

Vários fatores interferem no crescimento do sistema radicular das plantas, sendo destacada a espécie vegetal (ciclo anual ou perene) e as características genéticas da cultivar.

De fato, existem relatos que constataam variabilidade genotípica entre cultivares de feijão em relação ao número de raízes basais, à massa de matéria seca e ao comprimento radicular (LYNCH e BEEM, 1993). Para arquitetura do sistema radicular a variabilidade genética existente é ampla, e no processo de melhoramento clássico para rendimento e qualidade de grãos, resistência a doença, estatura e ciclo da planta, mudanças que ocorrem no sistema radicular também devem ser analisadas, considerando que os genótipos podem diferir (DORLODOT et al., 2007). O melhoramento de plantas clássico e a avaliação das plantas nas condições de estresse são as estratégias mais adequadas para a seleção de genótipos que tenham a capacidade de produzir satisfatoriamente mesmo sob oscilações climáticas.

A Tabela 7 mostra médias originais e transformadas para a distribuição radicular dos genótipos em cada profundidade. Os genótipos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma mais promissores são BAF35 e BAF09, por apresentarem as maiores distribuições radiculares em profundidade (21 – 30 cm). Estes dois genótipos apresentaram em média uma distribuição de raiz de 53 e 60% das quadrículas confeccionadas, respectivamente, ou seja, em torno de 32 e 36 quadrículas das 60 avaliadas apresentaram presença de raiz ao longo do perfil de solo estudado. Genótipos de feijão que possuem uma maior distribuição do sistema radicular podem apresentar incremento no desenvolvimento da parte aérea e na absorção de fósforo, em solos com baixa disponibilidade deste nutriente (YAN et al., 1995), bem como, o desenvolvimento do sistema radicular é um importante mecanismo de tolerância a seca (TAIZ e ZEIGER, 2004).

Tabela 7 – Médias observadas (μO) e médias transformadas (μT) ($\rho = \ln(\mu/1-\mu)$) para o caráter distribuição de radicular em genótipos de feijão.

Genótipo	Profundidade					
	0-10		11 - 20		21-30	
	μO	μT	μO	μT	μO	μT
BAF07	0,911	2,327	0,553	0,212	0,019	-3,921
BAF09	1,000	-	0,588	0,354	0,238	-1,166
BAF35	0,794	1,352	0,583	0,337	0,228	-1,221
BAF44	0,923	2,485	0,315	-0,775	0,015	-4,159
BAF50	0,894	2,130	0,450	-0,201	0,100	-2,197
BAF63	0,946	2,853	0,155	-1,699	0,000	-
IPR Uirapuru	0,869	1,890	0,488	-0,050	0,000	-
Pérola	0,892	2,112	0,387	-0,461	0,000	-

- Médias não estimadas.

A profundidade intermediária (11 – 20 cm) mostrou maior variação entre o desempenho dos genótipos, do que quando foram consideradas maiores ou menores profundidades (0-10 e 21-30 cm) (Tabela 8). Isto demonstra que o melhorista poderá ter dificuldades no tocante à seleção de genótipos contrastantes em profundidade; bem como reforça a dificuldade em razão da ausência de variabilidade para o caráter em profundidade, já que é nesta situação que o incremento da distribuição radicular proporciona as maiores vantagens para a cultura diante de condições abióticas desfavoráveis, como a baixa disponibilidade de P, já que este é um nutriente praticamente imóvel no solo, logo crescimento radicular é fundamental (LYNCH e BROWN, 2001).

As cultivares IPR Uirapuru e Pérola apresentaram valores superiores de distribuição radicular na camada de 0 – 10 cm do solo em relação ao acesso BAF35. Os autores Souza et al. (2009), da mesma forma, encontram a maior densidade do sistema radicular na camada mais superficial (0-10 cm), estudando as cultivares Carioca, Pérola e Rudá. A maior parte do melhoramento das culturas nos últimos 50 anos tem focado características de rendimento e resistência a doença, selecionando genótipos em ambiente sob alta fertilidade. Assim, a maioria das linhagens elites usadas como genitores em programas de melhoramento

apresentam pouca ou nenhuma adaptação a solos de baixa fertilidade. Por outro lado, genótipos crioulos ou acessos possuem vários ciclos de seleção natural e artificial em locais com baixa entrada de insumos, e podem apresentar muitas características úteis, como um sistema radicular mais desenvolvido e adaptação a baixa fertilidade do solo e estresse hídrico (LYNCH, 2007); características essas, que devem ser exploradas em um programa de melhoramento.

A profundidade de 11 – 20 cm foi mais eficaz para a separação dos genótipos, visto que um maior número de diferenças significativas foi encontrado (Tabela 8). O melhorista poderá focar a seleção de genótipos que apresentem as maiores distribuições nesta profundidade. Um programa de melhoramento para o sistema radicular da cultura deve considerar: a definição clara do problema, uma avaliação dos parâmetros do sistema radicular para a definição do nível e da variação genética para a característica, para posterior hibridação dos genitores selecionados, e da avaliação e seleção a campo dos genótipos resultantes, mesmo sendo a avaliação do sistema radicular um processo laborioso, o que dificulta que esta característica seja considerada em programas de melhoramento (ARAÚJO et al., 2005).

O genótipo BAF09, do grupo preto, se mostra promissor em se tratando de agricultura com baixa entrada de insumos, já que este mostrou média elevada (0,238) e diferente significativamente dos genótipos BAF35, BAF07, BAF44 e BAF50, quando considerada a distribuição radicular na profundidade de 21 – 30 cm no perfil do solo. BAF35, do grupo carioca, também apresentou valor expressivo de distribuição radicular nesta profundidade (0,228), média esta diferente significativamente dos genótipos BAF07 e BAF44, o que comprova o seu melhor desempenho perante estes genótipos (Tabela 8). Plantas adaptadas a ambientes inférteis alocam grande proporção de carboidratos para o aumento de fitomassa da raiz (LARIGAURDERIE e RICHARDS, 1994), situação benéfica principalmente para a

absorção de P, uma vez que esse nutriente é relativamente imóvel no solo (NIELSEN et al., 2001).

Tabela 8 – Diferença mínima significativa de médias entre genótipos de feijão aninhados as profundidades (em cm) para o caráter distribuição radicular (estimativas transformadas $\rho = \ln(\mu/1-\mu)$).

Genótipo		Estimativa		
		0 - 10	11 - 20	21 - 30
BAF07	BAF09	-	-0,1417	-2,7541*
BAF07	BAF35	0,9754*	-0,1246	-2,6997*
BAF07	BAF44	-0,1576	0,987*	0,2383
BAF07	BAF50	0,1976	0,4126*	-1,7233*
BAF07	BAF63	-0,5254	1,9113	-
BAF07	IPR Uirapuru	0,4373	0,2619	-
BAF07	Pérola	0,2148	0,6725*	-
BAF09	BAF35	-	0,0172	0,0545
BAF09	BAF44	-	1,1287*	2,9924*
BAF09	BAF50	-	0,5543*	1,0308*
BAF09	BAF63	-	2,053*	-
BAF09	IPR Uirapuru	-	0,4037*	-
BAF09	Pérola	-	0,8142*	-
BAF35	BAF44	-1,1330*	1,1115*	2,938*
BAF35	BAF50	-0,7777*	0,5371*	0,9763*
BAF35	BAF63	-1,5007*	2,0359*	-
BAF35	IPR Uirapuru	-0,5380*	0,3865*	-
BAF35	Pérola	-0,7605*	0,7971*	-
BAF44	BAF50	0,3553	-0,5744*	-1,9617*
BAF44	BAF63	-0,3677	0,9243*	-
BAF44	IPR Uirapuru	0,5950	-0,7251*	-
BAF44	Pérola	0,3725	-0,3145	-
BAF50	BAF63	-0,7230*	1,4987*	-
BAF50	IPR Uirapuru	0,2397	-0,1507	-
BAF50	Pérola	0,0172	0,2599	-
BAF63	IPR Uirapuru	0,9627*	-1,6494*	0,3437
BAF63	Pérola	0,7402*	-1,2388*	0,5336
IPR Uirapuru	Pérola	-0,2225	0,4106*	0,1899

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado.

- Contrastes não estimados.

Neste aspecto, genótipos crioulos podem ser uma excelente fonte de genes úteis, para uma seleção preliminar, em relação às cultivares comercial; pois o reservatório genético (*gene*

pool) pode ser significativamente maior; ou ainda, para serem recomendados diretamente aos agricultores, como fonte de resistência a estresses abióticos (TORO et al., 1990), apresentando rendimentos expressivos, mesmo quando cultivados sob estresse hídrico e em uma ínfima disponibilidade de nutrientes.

A análise de variação para os testes de significância dos componentes linear e quadrático da variação atribuível à profundidade para cada genótipo (5% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado), considerando o caráter distribuição radicular revelou o comportamento similar entre os genótipos ao longo das profundidades, sendo este linear (Figura 1). Resultado este que concorda com uma observação preliminar de médias (Tabela 7), uma vez que os valores da distribuição radicular decrescem ao longo das profundidades para todos os genótipos.

Os genótipos BAF09, BAF35 e BAF50 mostraram os menores coeficientes angulares (-0,225, -0,1254 e -0,2096, respectivamente), ou seja, indica que apresentam um menor decréscimo na distribuição radicular com o aumento das profundidades. Assim, esses são os genótipos que podem ser recomendados a agricultura com baixa entrada de insumos, já que distribuição radicular em maiores profundidades fornece um maior volume de solo a ser explorado e, conseqüentemente, maior disponibilidade de água e nutrientes (Figura 1).

A primeira revolução verde ocorreu baseada em colheitas expressivas, principalmente devido à fertilidade do solo, porém, provavelmente uma segunda revolução, pode estar baseada no incremento do rendimento de grãos em solos de baixa fertilidade. Um dos pontos primordiais para que esta revolução se concretize passa pelo estudo de características de raiz. Os genótipos com maior adaptação a solos de baixa fertilidade podem melhorar de forma expressiva a produtividade de grãos e a sustentabilidade do ecossistema agrônômico reduzindo os impactos ambientais (LYNCH, 2007). Este fato reforça que o desenvolvimento

de genótipos adaptados a solos de baixa fertilidade, como BAF09, BAF35 e BAF50, pode se tornar uma alternativa viável. Ainda que, o aumento da produtividade agrícola e a diminuição dos custos produtivos passaram a ser fundamentais após a globalização da economia, onde, o melhoramento genético vegetal é de grande importância, uma vez que o mesmo tem sido agente principal de mudança na sociedade moderna (DUVICK, 1996).

Os genótipos BAF63 e Pérola (Figura 1) apresentaram os maiores coeficientes angulares (0,4735 e 0,3150, respectivamente). Estes genótipos não devem ser indicados para uma agricultura com baixa entrada de insumos, e em situação de estresse hídricos e/ou baixa disponibilidade de nutrientes poderão apresentar quedas expressivas na variável de interesse econômico, o rendimento de grãos.

Para solos tropicais e subtropicais a deficiência de fósforo é que tem se mostrado mais limitante no desenvolvimento das culturas, principalmente do feijão, que é uma das principais fontes de proteínas na dieta de países localizados nessas regiões. Quando o solo não atende às exigências nutricionais das plantas, tem-se o início de alterações no metabolismo da planta, causado pela falta de nutrientes, promovendo desordem nutricional em nível do tecido, caracterizado pelos sintomas visuais. Em se tratando da baixa disponibilidade de fósforo têm-se efeitos como diminuição do número de folhas, da altura da planta (LEAL e PRADO, 2008), do diâmetro de caule e da área foliar, mudanças estas que podem levar a redução do potencial produtivo da planta. Devido à baixa mobilidade do nutriente no solo, genótipos com maior distribuição radicular são mais eficientes na absorção. Embora o feijão responda de forma expressiva a adubação fosfata essa prática é pouco realizada em função da baixa renda dos agricultores (HORST et al., 2001). Os solos tropicais são caracterizados pelo elevado grau de intemperização e pelos baixos teores de fósforo (P) na forma disponível as plantas, localizado principalmente em horizontes sub-superficiais, decrescendo conforme o aumento

da profundidade do solo (BONSER et al., 1996) e além disso quando aplicado ao solo pode ser fixado em formas não disponíveis as plantas como óxidos de ferro e alumínio (NIELSEM et al., 1999).

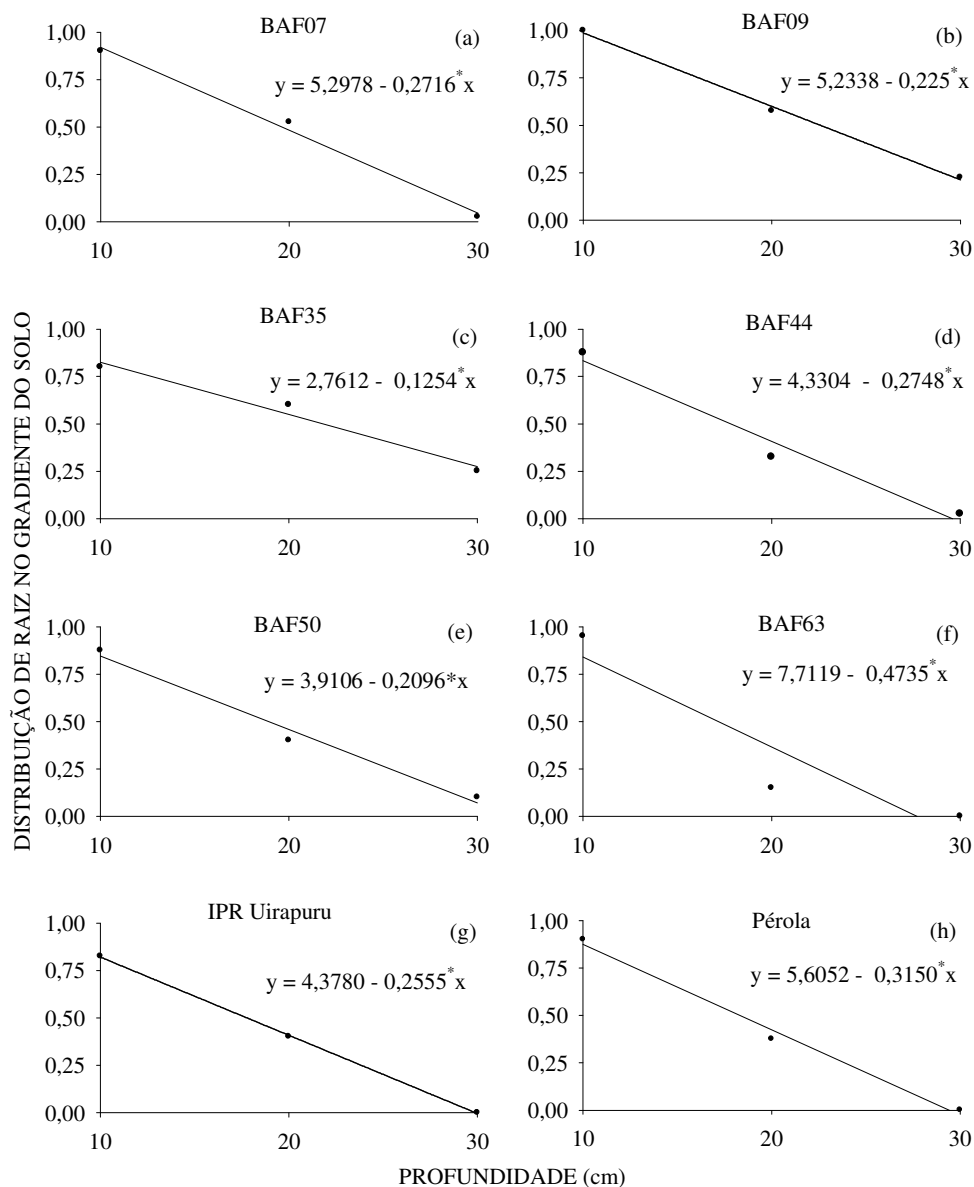


Figura 1 - Comportamento da distribuição radicular no sistema binário (valores que se aproximam a um indicam maior presença de raiz no gradiente) dos genótipos BAF07 (a), BAF09 (b), BAF35 (c), BAF44 (d), BAF50 (e), BAF63 (f), IPR Uirapuru (g) e Pérola (h) nas profundidades de 10, 20 e 30 cm (estimativas transformadas $\rho = \ln(\mu/1-\mu)$).

*Parâmetro significativo pelo teste Qui-quadrado.

O conhecimento das correlações existentes entre caracteres possibilita avaliar a associação entre eles, permitindo ao melhorista conhecer as mudanças que ocorreram em uma determinada característica, em função da seleção praticada em outro caráter que é correlacionado com ele (AGUIAR et al., 2008). Assim, na Tabela 9, é possível observar a ausência de correlação entre Y (distribuição radicular) e N (número de plantas na quadrícula), PROG (rendimento de grãos), IAF (índice de área foliar), NGL (número de grãos por legume), MCG (massa de cem grãos). Quanto ao IAF, o resultado encontrado não condiz com o dos autores Rocha et al. (2009), que obtiveram correlação tanto positiva quanto negativa entre os caracteres distribuição de raiz e índice de área foliar trabalhando com genótipos mutantes de feijão. Segundo Subbarao et al. (1995), a ampliação do sistema radicular em detrimento da redução da parte aérea é um mecanismo de adaptação à deficiência hídrica, em condições de falta de água. Logo, a ausência de correlação pode ser explicada pelo bom regime hídrico apresentado durante o desenvolvimento da cultura.

Por outro lado, a ampliação da distribuição radicular pode proporcionar um acréscimo na duração do ciclo até a floração e a maturação de colheita, na estatura de planta, inserção do primeiro legume, e número de legumes por planta. A seleção para a distribuição radicular poderá, indiretamente, favorecer na melhoria da arquitetura de plantas de feijão, as quais atualmente apresentam baixa estatura, baixa inserção do primeiro legume e suscetibilidade ao acamamento (SILVA e BEVETORI, 1994).

O aumento do ciclo pode ser uma questão importante no tocante a seleção de genótipos eficientes na absorção de fósforo. De acordo com os autores Cichy et al. (2009) linhagens endogâmicas de porte indeterminado quando comparadas a linhagens de porte determinado, sob baixa disponibilidade de P, apresentam rendimento superior em 15%. Estes autores afirmaram que o incremento no ciclo de sete dias para as linhagens de porte

indeterminado, favorece a absorção e remobilização o P em função da produção de sementes, em condição de boa disponibilidade hídrica.

O número de legumes por planta é um dos componentes primários do rendimento, ou seja, estando diretamente relacionado à produtividade da cultura (RIBEIRO et al., 2004, COIMBRA et al., 1999). A seleção de plantas com maior distribuição radicular pode incrementar o rendimento, quando considerada a condição de baixa disponibilidade de água e nutrientes; já que, nenhuma característica fisiológica ou reprodutiva contribui exclusivamente para a melhoria da resistência a seca, e nem a seleção deve ser baseada somente em uma característica para melhorar a *performance* do feijão sob deficiência hídrica (VALLEJO e KELLY, 1998).

Tabela 9 - Coeficientes de correlações fenotípicas para os 8 genótipos, entre os onze caracteres: distribuição radicular (Y), número de plantas na quadrícula (N), índice de área foliar (IAF), número de dias entre a emergência e o florescimento (FL), número de dias entre a emergência e a maturação de colheita (MC), estatura de planta (EP), estatura de inserção do primeiro legume (EIL), número de grãos por legume (NGL), número de legumes por planta (NLP), massa de cem grãos (MCG) e o rendimento de grãos (PROG).

	Y	N	PROG	IAF	FL	MC	EP	EIL	NLP	NGL	MCG
Y	1	0,010	0,001	-0,017	0,101*	0,141*	0,116*	0,133*	0,117*	0,008	0,011
N		1	-0,130*	-0,084	0,142*	0,253*	0,099*	0,051	0,441*	0,108*	-0,184*
PROG			1	-0,144*	-0,198*	-0,034	0,236*	-0,367*	-0,050	0,391*	0,979*
IAF				1	0,382*	-0,080	0,082	-0,387*	0,059	0,784*	-0,243*
FL					1	0,840*	0,615*	0,495*	0,615*	0,260*	-0,192*
MC						1	0,756*	0,777*	0,806*	-0,063	-0,001
EP							1	0,555*	0,662*	0,130*	0,248*
EIL								1	0,581*	-0,581*	-0,273*
NLP									1	0,036	-0,119*
NGL										1	0,303*
MCG											1

*significativo pelo teste de t a 0,05 de probabilidade, pelo teste t.

3.6 CONCLUSÕES

i) Os genótipos BAF09 e BAF35 apresentaram a maior distribuição radicular em profundidade, logo estes genótipos podem ser importantes fontes de variabilidade genética, para emprego em blocos de cruzamentos ou utilização direta pelos agricultores.

ii) A distribuição radicular se correlaciona de forma positiva e significativa com outros caracteres de importância agrônômica. Logo, a seleção para a distribuição radicular pode favorecer na melhoria da arquitetura de planta em feijão.

4 CAPÍTULO III – DISTRIBUIÇÃO DE RAIZ EM POPULAÇÕES DE FEIJÃO UTILIZADAS EM PROGRAMA DE MELHORAMENTO

4.1 RESUMO

Este trabalho teve como objetivo avaliar a distribuição radicular ao longo do perfil entre populações mutantes e selecionar genótipos de feijão com valores métricos superiores para o caráter, para que possam ser utilizados no programa de melhoramento de feijão do IMEGEM/UEDESC. O trabalho foi desenvolvido a campo com os genótipos: IPR Uirapuru, IPR Chopim, Pérola e IAPAR 81 e três doses (0, 100 e 200 Gy) do agente mutagênico raios gama (Co^{60}), aninhados as profundidade do perfil do solo. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com duas repetições. A variável mensurada foi distribuição radicular quantificada em presença (1) e ausência (0). A análise de variância revelou efeito de interação genótipo x dose, dentro de profundidade, e as regressões estabelecidas mostraram diferenças para os genótipos avaliados. As populações segregantes mais promissoras são oriundas das cultivares IPR Uirapuru e IPR Chopim, pois apresentam um aumento significativo no número de raízes com o aumento das doses do agente mutagênico.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.. Modelos lineares generalizados. Análise bayesiana.

Populações mutantes, estresses abióticos.

4.2 ABSTRACT

The objective of this work was to evaluate the root distribution along the soil profile in mutant populations and to select bean genotypes with superior metric values for root distribution, to use these selected genotypes in the bean improvement program IMEGEM/UEDESC. The work was developed in the field with bean genotypes: IPR Uirapuru, IPR Chopim, Pérola and IAPAR 81 and three doses of gamma rays from Co^{60} (0, 100 and 200 Gy) nested with depth of soil profile. The experimental design was completely randomized, with two repetitions. The measured variables were root distribution quantified in presence (1) and absence (0). The variance analysis revealed an interaction effect inside of the depth factor, and the established regressions showed differences at appraised genotypes. The promising segregant populations were originated from genotypes IPR Uirapuru and IPR Chopim. They presented a significant increase in root number with the increase of mutagenic agent doses.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.. General linear model. Bayesian analysis. Mutant populations. Abiotic stresses.

4.3 INTRODUÇÃO

O levantamento da safra agrícola de 2008/09, para cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), no Brasil, indica um incremento significativo, tanto na área cultivada quanto na produção. Apesar de estas estimativas superarem aproximadamente em 20% a safra agrícola anterior (CONAB, 2008), há oscilações, que são motivadas principalmente por fatores abióticos, como por exemplo, frio, seca e solos de baixa fertilidade, como os que ocorrem no Planalto Catarinense, que podem afetar em até 80% a produção mundial de feijão (CIAT, 2001).

Assim sendo, a criação de genótipos de feijão mais adaptados as adversidades abióticas, pode reduzir essa oscilação na produtividade. Diferentes fatores podem prejudicar o desenvolvimento e dificultar o cultivo de feijão pelo produtor, como por exemplo: *i*) o baixo conteúdo de fósforo (P) nos solos, sendo que a correção P no solo não é uma opção viável para muitos produtores nos países em desenvolvimento (BEEBE et al., 2006); *ii*) alto teor de Al nos solos, onde o incremento significativo na produtividade do feijão pode ser atingido pela criação de genótipos tolerantes ao alumínio (RAO, 2001); e *iii*) a redução na disponibilidade de água é um dos estresses abióticos com maior impacto mundial nas culturas de grande importância agrícola (RODRIGUEZ-URIBE e O'CONNELL, 2006). Por isto, muitos programas de melhoramento têm focado características de raiz, no intuito de aumentar a produtividade com menor dispêndio para o produtor (HENRY et al., 2008).

A distribuição de raiz pode ser conceituada como a presença de raízes num determinado gradiente (LYNCH, 1995). O genótipo de feijão que apresente o caráter distribuição de raiz, bem desenvolvido, pode permitir que plantas sobrevivam por períodos de déficit de água prolongado e que concorram efetivamente por nutrientes fundamentais para o seu desenvolvimento.

O uso de mutações induzidas é um processo valioso em termos de melhoramento de plantas. A principal vantagem é que o genótipo mutante pode ser levemente alterado, oposto a procedimentos envolvendo hibridações de variedades geneticamente distintas (COIMBRA et al., 2004). Dessa forma, a identificação de populações segregantes de feijão, com elevada distribuição de raiz, é importante para estudos de variabilidade genética, função, regulação e ação gênica, possibilitando a incorporação de novas tecnologias (SREENIVASULU et al., 2007); podendo auxiliar na incorporação de genes em cultivares superiores por métodos

clássicos de melhoramento vegetal (por exemplo pelo método do retrocruzamento) ou transformação genética (KAHL e LAVI, 2001).

Experimentos cujas variáveis respostas tratam-se de proporções, são muito comuns, principalmente na área agrícola. Mais de uma dezena de artigos publicados descrevem as diversas características da raiz (morfologia, topologia, etc) apenas qualitativamente; pois a argumentação é que a variabilidade entre as medições é exageradamente elevada, de modo que impede sua distinção entre os tratamentos por meio da análise de variância e consequentemente por meio de testes de comparações de médias. A análise apropriada deste tipo de experimento envolve fundamentalmente a teoria dos modelos lineares generalizados (MCCULLAGH e NELDER, 1989). A distribuição de raiz pode ser tratada, com vantagem, por meio de métodos bayesianos, que permitem que as relações probabilísticas a respeito dos parâmetros e hiperparâmetros, sejam incorporadas ao modelo por meio de distribuições *a priori* hierárquicas (GIANNOTTI et al., 2006).

Sendo assim, este trabalho teve como objetivo avaliar a distribuição de raiz ao longo do perfil entre populações mutantes (M_3) a partir da abordagem Bayesiana e selecionar genótipos de feijão com valores métricos superiores para o caráter, de forma que estes possam ser utilizados no programa de melhoramento de feijão do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM) da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC).

4.4 MATERIAL E MÉTODOS

Populações mutantes

Quatro genótipos de feijão comum, sendo dois do grupo comercial carioca (Pérola e IAPAR 81) e dois do grupo comercial preto (IPR Chopim e IPR Uirapuru), foram irradiados no ano de 2006 no Centro de Oncologia da Universidade Federal de Pelotas (UFPel).

Aproximadamente 2000 sementes de cada genótipo de feijão foram tratadas com o agente mutagênico físico raios gama, provenientes de Co^{60} , dando origem à geração fixa M_1 . As doses totais irradiadas e absorvidas foram 0; 100; 200 e 400 G_y (*Gray*) individualmente, para cada tratamento do agente mutagênico físico empregado neste estudo.

As sementes da geração M_1 foram semeadas a campo na safra agrícola de 2006/07, onde cada tratamento correspondeu a uma unidade experimental composta por 20 linhas (10m x 0,5m). A dose mais elevada (400 G_y) foi letal ao embrião. As linhas foram colhidas em *bulk* apenas com o objetivo de avançar para a geração M_2 . As sementes da geração segregante (M_2) foram semeadas a campo na safra de 2007/08 sendo que novamente procedeu-se a colheita em *bulk*, com o foco de avançar para geração M_3 .

Experimento de campo

Durante a safra agrícola de 2008/09, doze populações mutantes de feijão (M_3) foram avaliadas por meio do modelo inteiramente casualizado com duas repetições, num esquema fatorial misto, onde genótipos e doses (agente mutagênico empregado - raios gama – Co^{60}) são cruzados e o fator profundidade é aninhado nos níveis dos fatores genótipos e doses. Cada unidade experimental consistiu de 4 linhas de 4 m e com espaçamento de 0,5 m entre linhas, representando uma área útil de 3 m^2 . A densidade de semeadura de 15 plantas por metro linear foi obtida, compreendendo uma densidade final de 300.000 plantas por hectare.

Índice de Área Foliar

O índice de área foliar foi determinado de forma indireta, sendo empregado o aparelho Accupar LP – 80 (Decagon Devices, Inc.). O princípio básico de funcionamento desse equipamento consiste em integrar variáveis como a transmissão e a penetração da luz e as características estruturais do relvado (ângulo e distribuição das folhas). As medições a campo

foram realizadas a partir de quatro leituras de referência sobre o dossel e nove leituras feitas abaixo do dossel (no nível do solo) para cada unidade experimental.

Distribuição das Raízes

O sistema radicular do feijão foi avaliado pelo método do perfil descrito por Bohm (1979). Quando os genótipos apresentaram pleno florescimento, foram abertos perfis perpendicular à linha de semeadura, à 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. Esse retângulo estava subdividido em quadrículas com 0,05 m de lado, para fotografar a distribuição das raízes das plantas. A câmera fotográfica digital de 7.2 Mp foi posicionada a uma distância padrão de 60 cm da quadrícula. Através da foto foi determinada a distribuição radicular com a denominação de presença (1) e ausência (0) das raízes ao longo das profundidades (0-10, 11- 20 e 21-30 cm).

Análise estatística

Na teoria dos modelos lineares clássicos é assumido, em geral, que os erros têm distribuição normal. Na área da Agronomia frequentemente a variável resposta não tem distribuição normal, como por exemplo, distribuição de raiz quantificada em presença e ausência. Sendo assim, uma alternativa é modelar diretamente a variável resposta, conforme descrita pelos autores Nelder e Wedderburn (1972). A idéia básica é estimar os parâmetros de um modelo linear por meio do método da máxima verossimilhança baseado na distribuição dos dados.

O modelo estatístico utilizado no experimento foi:

$$y_{ij} = \mu + g_i + d_j + gd_{ij} + g(p)_k + d(p)_l + gd(p)_m + e_{ijklm}$$

Sendo, μ : efeito associado à média geral; g_i : efeito associado ao i -ésimo nível do fator G (genótipo); d_j : efeito associado ao j -ésimo nível do fator D (doses); gd_{ij} : efeito associado a

interação entre dos fatores estudados $G \times D$; $g(p)_k$: efeito associado ao k -ésimo nível do fator G aninhado em P (profundidade); $d(p)_l$: efeito associado ao l -ésimo nível do fator D aninhado em P; $gd(p)_m$: efeito associado ao m -ésimo nível da interação GD aninhado ao fator P; e_{ijklm} : efeito associado ao resíduo.

A parte computacional deste artigo, ou seja, a obtenção das médias verdadeiras (MV) e das médias transformadas (MT), foram obtidos empregando o programa SAS 9.1.3 (SAS Institute Inc. 2007). As principais características são acomodar uma ampla classe de modelos, com várias distribuições disponíveis, permitindo assim a especificação mais apropriada, construindo a amostra da distribuição a *posteriori* conjunta. Análise bayesiana por meio de modelos lineares generalizados foi realizada utilizando a declaração de *BAYES* no procedimento de PROC GENMOD. Na análise bayesiana, os parâmetros do modelo são tratados como variáveis aleatórias, e sua conclusão sobre os parâmetros estão baseados na distribuição a *posteriori* destes parâmetros. A distribuição a *posteriori* é obtida utilizando o teorema de Bayes. Na condução da análise, foi gerada uma cadeia com 55 mil valores para cada estimativa a ser combinada especificamente para a característica distribuição de raiz. Os primeiros cinco mil valores foram descartados (*burn-in* de cinco mil), e os demais 50 mil valores foram selecionados de dez em dez (*thin*=10), assegurando deste modo a independência da amostra. A convergência da cadeia de Gibbs foi testada graficamente, tanto pelo traço quanto pela densidade a *posteriori*, além do diagnóstico da convergência de Geweke, Raftery e Lewis, disponíveis no pacote computacional SAS 9.1.3.

4.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de variação, realizada pelo modelo linear generalizado, mostraram efeitos significativos, ao nível de 5 % de significância, para todas as fontes de variação testadas, em relação à variável distribuição de raiz (Tabela 10). A partir dos resultados pode ser evidenciado que os genótipos apresentam respostas diferenciais em relação ao efeito crescente das concentrações do agente mutagênico raios gama (Co^{60}) em relação às diferentes profundidades avaliadas, devido à interação significativa entre estes fatores, o que implica na necessidade de decomposição. Deste modo, os genótipos descritos como possíveis tolerantes a estresses abióticos foram aqueles que se mostraram com valores mais elevados comparativamente dentro de cada profundidade para a variável distribuição de raiz, mesmo que suas médias não tenham sido elevadas, principalmente entre a profundidade de 21 a 30 cm. Estas populações foram assim escolhidas em virtude da maior possibilidade de possuírem genes responsáveis pela manutenção da capacidade celular em manter a absorção de água e nutrientes mediante a presença do estresse hídrico e da maior capacidade de absorção de nutrientes.

Tabela 10 - Análise de *Deviance* (ANODEV) considerando o modelo encaixado ou seqüencial e seus respectivos números de grau de liberdade (GL) correspondente, *deviance*, qui-quadrado residual (ChiSq) para o caráter distribuição de raiz em diferentes profundidades (P) em populações mutantes M_3 de feijão.

Fonte	G.L	Deviance	ChiSq	Pr>ChiSq
Intercepto	-	13,808	-	-
Dose (D)	2	13,673	134,57	0,0001
Genótipo (G)	3	13,656	17,47	0,0006
D*G	6	13,570	86,15	0,0001
D(P)	6	6,982	6.588,04	0,0001
G(P)	6	6,965	16,31	0,0122
P(D*G)	12	6,794	171,41	0,0001

Para a variável distribuição de raiz, com a aplicação das equações de regressão linear logística, foram obtidos os parâmetros até o segundo grau do polinômio, representados pelos valores do teste qui-quadrado e a respectiva significância do polinômio (Tabela 11). Analisando os genótipos IAPAR 81, na profundidade de 10 cm, e IPR Chopim, na profundidade de 30 cm, pode ser constatado que as doses do agente mutagênico raios gama (Co^{60}) evidenciaram ponto de máxima variando de 52 a 157 Gy; demonstrando assim, que o incremento significativo no caráter distribuição de raiz, frequentemente ocorreu em doses mais reduzidas nos dez primeiros centímetros do solo (Figura 2). Tal fato é relevante em termos de melhoramento, pois se o objetivo do programa for a criação de genótipos recomendados a agricultura com elevada entrada de insumos, as doses mais reduzidas do agente mutagênico raios gama podem oferecer uma probabilidade maior de seleção de genótipos com maior número de raízes superficialmente. Por outro lado, se o objetivo do programa de melhoramento for à seleção de genótipos mais adaptados as condições de agricultura com baixa entrada de insumos, como as condições que acontecem nas pequenas propriedades produtoras de feijão em Santa Catarina, provavelmente as doses mais elevadas do agente mutagênico raios gama deve incrementar a frequência de mutantes com maior distribuição de raiz ao longo do perfil de solo.

Tabela 11 - Resultados da análise de variação para o caráter distribuição de raiz em genótipos mutantes M₃ de feijão com a decomposição da variação atribuível a dose do agente mutagênico (raios gama- Co⁶⁰), para cada genótipo de feijão dentro das profundidades estudadas, no componente polinomial linear e quadrático.

Genótipo	Prof. (cm)	Componente	GL	ChiSq	Pr>ChiSq
Iapar 81	10	Linear	1	46,69	0,0001
Iapar 81	10	Quadrática	1	37,15	0,0001
Iapar 81	20	Linear	1	106,43	0,0001
Iapar 81	20	Quadrática	1	7,36	0,0001
Iapar 81	30	Linear	1	17,90	0,0001
Iapar 81	30	Quadrática	1	21,71	0,0001
IPR Chopim	10	Linear	1	8,95	0,0001
IPR Chopim	10	Quadrática	1	33,22	0,0001
IPR Chopim	20	Linear	1	70,32	0,0001
IPR Chopim	20	Quadrática	1	49,01	0,0001
IPR Chopim	30	Linear	1	30,89	0,0001
IPR Chopim	30	Quadrática	1	16,03	0,0001
IPR Uirapuru	10	Linear	1	21,81	0,0001
IPR Uirapuru	10	Quadrática	1	32,62	0,0001
IPR Uirapuru	20	Linear	1	43,16	0,0001
IPR Uirapuru	20	Quadrática	1	36,42	0,0001
IPR Uirapuru	30	Linear	1	30,89	0,0001
IPR Uirapuru	30	Quadrática	1	16,03	0,0001
IPR Pérola	10	Linear	1	21,81	0,0001
IPR Pérola	10	Quadrática	1	32,62	0,0001
IPR Pérola	20	Linear	1	43,16	0,0001
IPR Pérola	20	Quadrática	1	36,42	0,0001
IPR Pérola	30	Linear	1	8,84	0,0001
IPR Pérola	30	Quadrática	1	14,14	0,0001

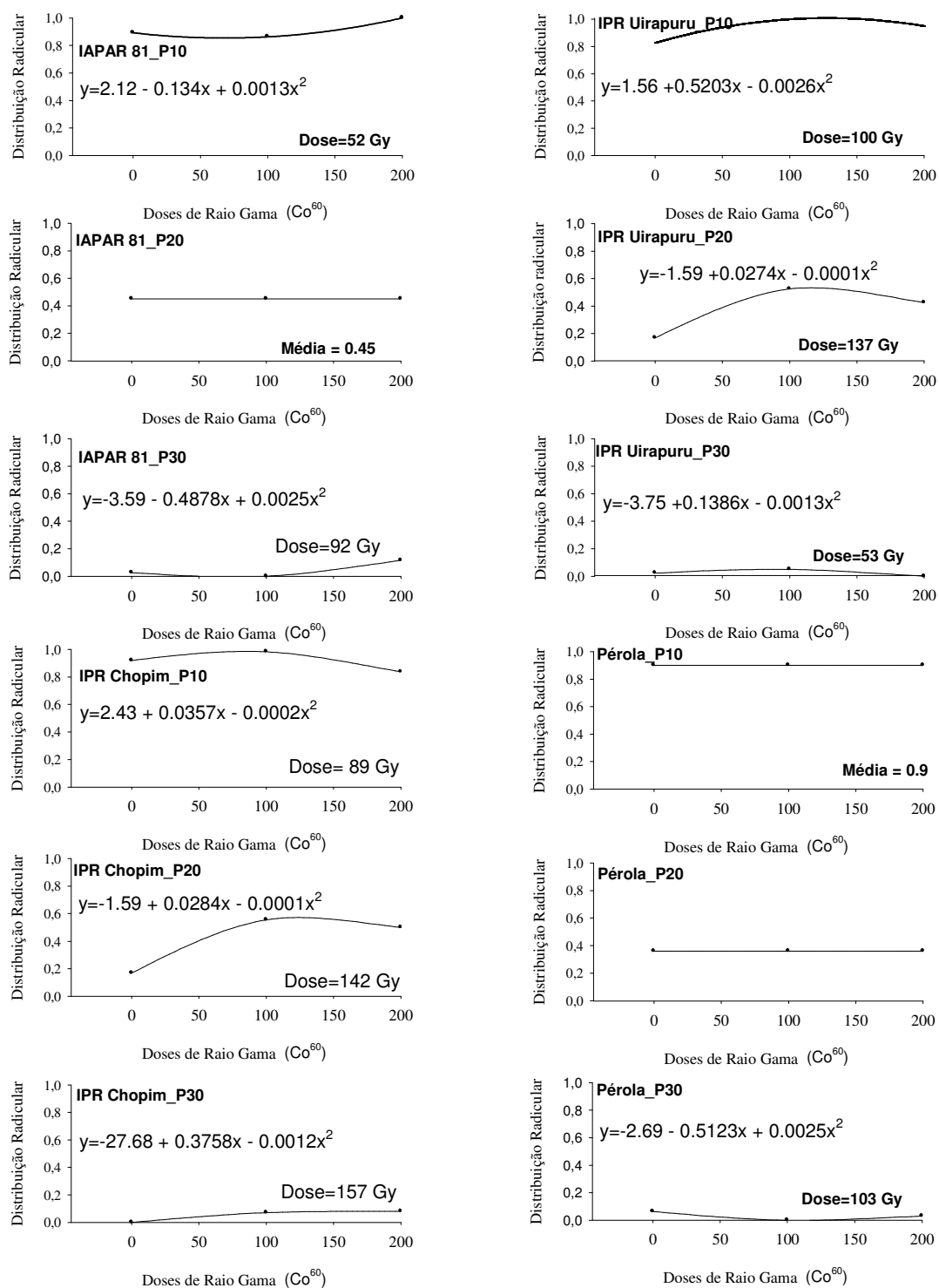


Figura 2 - Ajuste do modelo logístico linear para o caráter distribuição de raiz.

A Tabela 12 apresenta o resumo a *posteriori* para cada parâmetro obtido considerando tanto a análise frequentista quanto à bayesiana. Como foi utilizada uma distribuição a *priori* não informativa para o efeito da interação (genótipos x dose) aninhado em profundidade, em virtude da interação entre os fatores apontar um efeito significativo, tanto à média quanto o desvio padrão da distribuição a *posteriori* foram muito similares para todas as estimativas obtidas pela máxima verossimilhança, comparativamente. O ajuste de uma distribuição a *priori* é muito mais difícil e interessante em situações em que não existe nenhuma base teórica objetiva para o ajuste. Nestas situações a distribuição a *priori* representa simplesmente a expectativa subjetiva do pesquisador. A distribuição a *posteriori* (Tabela 12), estimada pelo método bayesiano, pode ser interpretada considerando que esta distribuição representa uma aproximação da verdadeira distribuição de probabilidade dos parâmetros, tendo sido observado nos dados coletados. Analisando ainda a mesma tabela, deve ser ressaltado que as duas populações mutantes mais promissoras quanto ao caráter distribuição de raiz são IPR Uirapuru (tipo de grão preto) e Pérola (tipo de grão carioca) ambos submetidos à dose 100 Gy. Estas duas populações em média apresentaram uma distribuição de raiz em aproximadamente 60% das quadrículas confeccionadas, ou seja, mais de 36 quadrículas apresentaram uma distribuição de raiz ao longo do perfil avaliado. Este dado encontrado corrobora a equação de regressão logística que apontou que doses mais baixa do agente mutagênico foram mais eficientes para incrementar significativamente o caráter avaliado.

Tabela 12 – Médias observadas (μO), médias transformadas (μT) ($\rho = \ln(\mu/1-\mu)$) e médias a *posteriori* (μP) para o caráter distribuição de raiz em populações M_3 de feijão.

Genótipo	Dose	Profundidade								
		0-10			11-20			21-30		
		μO	μT	μP	μO	μT	μP	μO	μT	μP
Iapar 81	0	0,892	2,115	2,134	0,273	-0,979	-0,986	0,027	-3,588	-3,656
	100	0,863	1,836	1,850	0,375	-0,511	-0,509	0,000	-	NC
	200	1,000	-	NC*	0,697	0,833	0,836	0,116	-2,035	-2,042
IPR Chopim	0	0,919	2,432	2,451	0,169	-1,591	-1,603	0,000	-	NC
	100	0,982	4,019	4,095	0,556	0,225	0,224	0,071	-2,578	-2,595
	200	0,837	1,634	1,643	0,500	0,000	0,002	0,080	-2,442	-2,461
IPR Uirapuru	0	0,827	1,564	1,576	0,169	-1,591	-1,600	0,023	-3,746	-3,822
	100	1,000	-	NC	0,525	0,100	0,101	0,050	-2,944	-3,006
	200	0,950	2,944	2,975	0,425	-0,302	-0,306	0,000	-	NC
Pérola	0	0,818	1,504	1,518	0,273	-0,981	-0,987	0,064	-2,689	-2,719
	100	0,911	2,327	2,343	0,333	-0,693	-0,696	0,000	-	NC
	200	0,980	3,892	3,974	0,480	-0,080	-0,081	0,030	-3,476	-3,533

* NC=não convergiu

Os solos tropicais são caracterizados pelo elevado grau de intemperização e pelos baixos teores de P na forma disponível as plantas, localizado principalmente em horizontes subsuperficiais, decrescendo linearmente com o aumento da profundidade do solo (BONSER et al. 1996). E ainda, devido à baixa mobilidade do nutriente no solo, genótipos com maior perfil radicular são mais eficientes na absorção. Porém, embora o feijão responda de forma expressiva a adubação fosfata essa prática é pouco realizada em função da baixa renda dos

agricultores (HORST et al., 2001). Além disso, quando aplicado ao solo pode ser fixado em formas não disponíveis as plantas como óxidos de ferro e alumínio (NIELSEM et al., 1999). Dessa forma, as populações mutantes dos genótipos IPR Uirapuru e Pérola na dose de 100 Gy podem representar uma importante fonte de variabilidade em relação a distribuição de raiz. De acordo com Lynch (2007) um dos pontos primordiais para uma próxima revolução na agricultura está relacionada ao estudo de características de raiz. Já que os genótipos que apresentarem distribuição radicular ampla ao longo do perfil estarão mais adaptados a solos inférteis e tenderão a aumentar de forma expressiva a produtividade e a sustentabilidade do ecossistema agrônômico, reduzindo os impactos ambientais.

Características de raiz são extremamente importantes, pois determinam o volume de solo explorado e por consequência a aquisição nutriente, e assim, pode propiciar uma melhor adaptação do genótipo ao ambiente de cultivo. O fato que a grande maioria das populações mutantes de feijão avaliadas terem evidenciado presença de raiz ao longo do perfil na profundidade de 21-30 cm aponta que o melhoramento de plantas pode ter êxito na seleção de plantas com sistema radicular capaz de adquirir nutrientes imóveis como fósforo, por exemplo. No entanto estes caracteres normalmente são governados por muitos genes de pequeno efeito sobre o fenótipo (FALCONER, 1996; LYNCH, 2007), o que pode dificultar a seleção devido ao grande efeito do ambiente sobre o caráter.

A estimativa dos coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres distribuição de raiz e o índice de área foliar (IAF) evidenciaram comportamentos distintos entre os genótipos mutantes estudados (Tabela 13). De acordo com os resultados, houve uma correlação negativa e significativa entre os caracteres supracitados para os genótipos IPR Uirapuru (profundidades 0-10 e 11-20 cm) e Pérola (profundidades 11-20 e 21-30 cm). De modo contrário, o genótipo IPR Chopim revelou uma correlação positiva e significativa na

profundidade 11-20 cm. O genótipo IAPAR 81 não revelou correlação significativa, ou seja, independente da profundidade, a área foliar não se relaciona com a distribuição da raiz.

Tabela 13 - Coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres distribuição de raiz e índice de área foliar (IAF) separadamente para cada genótipo dentro de profundidade.

Área foliar por genótipo (IAF)	Profundidade		
	0-10	11-20	21-30
Iapar 81	0,16 ^{ns}	0,12 ^{ns}	-0,06 ^{ns}
IPR Chopim	0,08 ^{ns}	0,24 [*]	-0,07 ^{ns}
IPR Uirapuru	-0,18 [*]	-0,37 [*]	0,16 ^{ns}
Pérola	0,05 ^{ns}	-0,30 [*]	-0,18 [*]

^{ns} = não significativo e * significativo a 5% $Pr>|r| H_0=0$

De modo geral, o feijão apresenta dois mecanismos principais para a adaptação à seca: *i*) controle estomático (O'TOOLE et al., 1997) e; *ii*) desenvolvimento do sistema radicular (KURUVADI e AGUILERA, 1990). Segundo Subbarao et al. (1995), esta característica de adaptação à deficiência hídrica favorece o desenvolvimento do sistema radicular, em detrimento ao acréscimo da parte aérea, em condições de estresse hídrico.

Na última década, houve um progresso significativo na compreensão dos mecanismos básicos para a tolerância a solos ácidos, bem como, um progresso no desenvolvimento de cultivares melhor adaptadas a tais ambientes (KOCHIAN et al., 2004). Tal avanço foi possível devido aos programas de melhoramento terem focado o caráter raiz, associando este caráter com uma melhor adaptação do genótipo ao ambiente de cultivo, e como consequência, maior incremento na produtividade. Entretanto, embora o melhoramento de plantas tenha auxiliado o incremento da produção em condições de baixa fertilidade e sendo conhecida por pelo menos 120 anos (BATES e LYNCH, 2001), o potencial para esta

tecnologia não é reconhecido amplamente. De modo que, o melhoramento de plantas clássico possui alguns entraves para aumentar a eficiência de aquisição de nutrientes que é uma meta promissora, como por exemplo: 1) características que afetam a eficiência de utilização de nutrientes possuem baixa herdabilidade; 2) a eficiência na utilização de nutrientes está indiretamente associada com a criação e seleção de genótipos altamente produtivos; 3) características de raiz relacionadas com a eficiência de utilização de nutrientes podem estar sujeitas a seleção neutra ou negativa em condições experimentais de elevado nível de fertilidade e; 4) características de raiz relacionadas com a eficiência de utilização de nutrientes muito raramente têm sido usadas como critério de seleção, e podem representar um reservatório de genes inexplorados.

4.6 CONCLUSÕES

i) Existe variabilidade genética para o caráter distribuição de raiz em feijão quando submetidos ao efeito do agente mutagênico raios gama (Co^{60});

ii) A dose de 100 Gy incrementa significativamente a variabilidade genética em feijão para o caráter distribuição de raiz nos primeiros 20 cm de profundidade;

iii) As populações mutantes (M_3) de feijão segregantes mais promissoras são oriundas das cultivares IPR Uirapuru e IPR Chopim, pois apresentam um aumento significativo no número de raiz, conforme o aumento nas doses do agente mutagênico;

iv) Os genótipos com grão do tipo preto (IPR Uirapuru e IPR Chopim) apresentaram maior variabilidade genética na profundidade de 11-20 cm do que genótipos com grão carioca (Pérola e IAPAR 81), comparativamente.

5 CONCLUSÃO GERAL

Alterações climáticas têm ocorrido no Brasil, principalmente no que tange ao aumento da temperatura e do estresse hídrico. Diante destes fatos, fica a indagação: o que pode ser realizado para que os efeitos do aquecimento global sejam atenuados? Várias são as áreas do conhecimento que podem e devem apresentar alguma contribuição. No entanto, no que se refere à adaptação das plantas cultivadas, o melhoramento genético deverá mostrar participação efetiva (RAMALHO et al., 2009).

Dessa forma, o desenvolvimento de cultivares com maior resistência a estresses bióticos e abióticos poderá ser o principal objetivo de programas de melhoramento genético de feijão em todo o mundo. A seleção de plantas com maior sistema radicular, uma vez que este caráter não se correlaciona de forma negativa ao rendimento e seus componentes, pode ser um caminho promissor para a obtenção de genótipos com maior eficiência na absorção de nutrientes e no uso da água, principalmente quando o enfoque é a agricultura com baixa entrada de insumos. Esses genótipos podem ser capazes de absorver nutrientes em maior velocidade, bem como de reduzir as perdas de nutrientes do solo por erosão, por deterem de uma maior biomassa na parte aérea e pelo efeito direto das raízes na formação de agregados do solo e na infiltração de água (HENRY et al., 2009). No entanto, a eficácia da seleção depende de vários fatores, como por exemplo, a gama de variabilidade genética nas populações, herdabilidade, correlação genética, característica a ser mensurada, intensidade de seleção e a maneira como a seleção está sendo praticada no programa de melhoramento (BOS e CALIGARI, 2007).

Porém, uma análise quantitativa da distribuição radicular é fundamental para que o processo de seleção de plantas superiores tenha sucesso. A mensuração da característica distribuição radicular por meio da determinação de eventos simples (presença=1 e ausência=0) é uma excelente alternativa, pois permite diferenciar de forma segura os genótipos de interesse. A variabilidade genética é de fundamental interesse para o melhorista, pois sem ela não há progresso no melhoramento de plantas. A busca de variabilidade genética em Bancos Ativos de Germoplasma é uma importante ferramenta para programas de melhoramento, pois, ainda que de forma incipiente, pelo pequeno número de genótipos avaliados, pode ser afirmado que os genótipos BAF09 e BAF35 merecem destaque, por apresentarem a maior distribuição radicular nas maiores profundidades. Ainda, a utilização de agentes mutagênicos físicos, como forma de incrementar a variabilidade genética em caracteres de importância agrônômica através de mutação induzida, pode ser uma ferramenta importante na obtenção de constituições genéticas superiores em programas de melhoramento. As populações segregantes mais promissoras foram oriundas das cultivares IPR Uirapuru e IPR Chopim, pois apresentam um aumento significativo no número de raiz com o aumento das doses do agente mutagênico.

REFERÊNCIAS

AGUIAR, R.S. et al. Avaliação de linhagens promissoras de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) tolerantes ao déficit hídrico. **Semina**, v. 29, n. 1, p. 1-14, 2008.

ALBUQUERQUE, J.A.; REINERT, D.J. Densidade radicular do milho considerando os atributos de um solo com horizonte B textural. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 25, n. 3, p. 539-549, 2001.

ANDRADE, D.F.; OGLIARI, P.J. **Estatística para as ciências agrárias e biológicas com noções de experimentação**. Florianópolis: UFSC, 2007. 423 p.

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**, v. 145, n. 1-2, p. 33-40, 2005.

BATES, T.R.; LYNCH, J.P. Root hairs confer a competitive advantage under low P availability. **Plant Soil**, v.236, n. 2, p.243-250, 2001.

BEEBE, S.E. et al. Quantitative Trait Loci for Root Architecture Traits Correlated with Phosphorus Acquisition in Common Bean. **Crop Science**, v. 46, n. 1, p. 13-423, 2006.

BIANCONE, A. et al. Transformação de dados e implicações da utilização do teste de Kruskal-Wallis em pesquisas agroecológicas. **Pesticidas: Revista de Ecotoxicologia e Meio Ambiente**, v. 18, n. 0, p. 27-34, 2008.

BOHM, W. **Methods of studing root systems**. Berlin: Springer-Verlag, 1979. 188 p.

BONSER, A.M.; LYNCH, J.; SNAPP, S. Effect of phosphorus deficiency on growth angle of basal roots in *Phaseolus vulgaris*. **New Phytologist**, v. 132, n. 2, p. 281-288, 1996.

BOS, I.; CALIGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. Netherlands: Springer, 2007. 443 p.

BOX, G.E.P.; COX, D.R. An Analysis of Transformations. **Journal of the Royal Statistical Society**, v. 26, n. 2, p. 211-252, 1964.

CIAT. **CIAT Annual report 2000**. CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical), Cali, Colombia, 2001.

CICHY, A.K.; SNAPP, S.S.; BLAIR, M.W. Plant growth habit, root architecture traits and tolerance to low soil phosphorus in an Andean bean population. **Euphytica**, v. 165, n. 2, p. 257-268, 2009.

COIMBRA, J. L. M. et al. Análise de trilha I: análise do rendimento de grãos e seus componentes. **Ciência Rural**, v. 29, n. 2, p. 213-218, 1999.

COIMBRA, J.L.M.; CARVALHO F.I.F.; OLIVEIRA, A.C. Genetic variability in populations of oat induced by chemical and physical mutagenic agents. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 1, 48-56, 2004.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos: terceiro levantamento, dezembro de 2008**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 17 de março de 2008.

CRESTANA, S. et al. Avaliação da distribuição de raízes no solo auxiliada por processamento de imagens digitais. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 18, n. 03, p. 365-371, 1994.

CUSTÓDIO, C.C.; SALOMÃO, G.R.; MACHADO NETO, N.B. Estresse hídrico na germinação e vigor de sementes de feijão submetidas à diferentes soluções osmóticas. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 40, n. 4, p. 617-623, 2009.

DEMÉTRIO, C.G.B. **Modelos Lineares Generalizados na experimentação agrônômica**. Piracicaba: ESALQ/USP, 2002. 113 p.

DORLODOT, S. et al. Root system architecture: opportunities and constraints for genetic improvement of crops. **Plant Science**, v. 12, n. 10, p. 474-481, 2007.

DUVICK, D.N. Plant breeding an evolutionary concept. **Crop Science**, v. 36, n. 3, p. 539-548, 1996.

EPAGRI. **Síntese Anual da Agricultura de Santa Catarina 2008-2009**. Florianópolis: Epagri, 2010. 312 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4 ed. England: Longman, 1996. 463 p.

GIANNOTTI, J.D.J. et al. Meta análise bayesiana de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 1, p. 15-22, 2006.

GUIMARÃES, C. M.; ZIMMERMANN, M. J. Deficiência hídrica em feijão. In: Reunion de Trabajo sobre mejoramiento em Frijol em Brasil com Enfasisen Tolerancia a Sequia, 1985, Cali. **Anais...** Cali: CIAT, 1985. p. 15-28.

HENRY, A.; KLEINMAN, P.J.A.; LYNCH, J.P. Phosphorus runoff from a phosphorus deficient soil under common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and soybean (*Glycine max* L.) genotypes with contrasting root architecture. **Plant and soil**, v. 317, n. 1-2, p. 1-16, 2009.

HO, M. et al. Root architectural tradeoffs for water and phosphorus acquisition. **Functional Plant Biology**, v. 32, n. 8, p. 737-748, 2005.

HORST, W.J. et al. Agronomic measurements for increasing P availability to crops. **Plant and Soil**, v. 237, n. 2, p. 211-223, 2001.

IBGE. **Estatística da produção agrícola**. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/lspa_201008_6.shtm>. Acesso em: 16 de setembro de 2010.

KAHL, G.; LAVI, U. **Mutant germplasm characterization using molecular markers**. In: FAO/IAEA Interregional Training Course, 2001. p.1-25.

KIMANI, J. M.; DERERA J. Combining ability analysis across environments for some traits in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under low and high soil phosphorus conditions. **Euphytica**, v. 166, n. 1, p. 1-13, 2009.

KOCHIAN, L.V.; HOEKENGA, O.A.; PIÑNEROS, M.A. How do crop plants tolerate acid soils? Mechanisms of aluminum tolerance and phosphorous efficiency. **Annual Review of Plant Biology**, v. 55, n. 1, p. 459-493, 2004.

KURUVADI, S.; AGUILERA, D.M. Patrones del sistema radicular en frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.). **Turrialba**, v. 40, n. 4, p. 91-498, 1990.

LARIGAUDEIRIE, A.; RICHARDS, J.H. Root proliferation characteristics of seven perennial arid-land grasses in nutrient-enriched microsites. **Oecologia**, v. 99, n. 1-2, p. 102-111, 1994.

LEAL, R.M.; PRADO, R.M. Desordens nutricionais no feijoeiro por deficiência de macronutrientes, boro e zinco. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 3, n. 4, p. 301-306, 2008.

LYNCH, J.; BEEM, J.J. Growth and architecture of seedling root of common bean genotypes. **Crop Science**, v. 33, n. 6, p. 1253-1257, 1993.

LYNCH, J. Root architecture and plant productivity. **Plant Physiology**, v. 109, n. 1, p. 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.

LYNCH, J.P. Roots of the second green revolution. **Australian Journal of Botany**, v. 55, n. 5, p. 493-512, 2007.

LYNCH, J.P.; BROWN, K.M. Root strategies for phosphorus acquisition. In: WHITE, P.J., HAMMOND, J.P. (Org.). **The Ecophysiology of Plant–Phosphorus Interactions**. Springer, 2008. p. 83-116.

MAPA. **Ministério da agricultura, pecuária e abastecimento zoneamento agrícola de risco climático cultivares de feijão – ano –safra 2008/2009**. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/>>. Acesso em 3 de setembro de 2009.

MCCULLOGH, P.; NELDER, J.A. **Generalized Linear Models: Monographs on Statistics and Applied Probability**. 2ed. Cambridge: University Press, 1989. 160 p.

MIKLAS, P.N. et al. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: from classical to MAS breeding. **Euphytica**, v. 147, n. 1-2, p. 05–131, 2006.

MORAES, W.B. et al. Avaliação de linhagens promissoras de feijoeiro tolerantes à seca. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 3, n. 2, p. 121-125, 2008.

NELDER, J.A.; WEDDERBURN, R.W.M. Generalized Linear Models. **Journal of the Royal Statistical Society**, v. 135, n. 3, p. 370-384, 1972.

NIELSEM, K.L. et al. Fractal geometry of root system: Field observation of contrasting genotype of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) grown under different phosphorous regimes. **Plant Soil**, v. 206, n. 2, p. 181-190, 1999.

NIELSEN, K.L.; ESHEL, A.; LYNCH, J.P.. The effect of P availability on the carbon economy of contrasting common bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. **Journal of Experimental Botany**, v. 52, n. 355, p. 329-339, 2001.

OCHOA, I.E.; BLAIR, M.W.; LYNCH, J.P. QTL Analysis of adventitious Root Formation in Common Bean under Contrasting Phosphorus Availability. **Crop Science**, v. 46, n. 4, p. 1609-1621, 2006.

O'TOOLE, J.C.; OZBUN, J.L.; WALLACE, D.H. Photosynthetic response to water stress in *Phaseolus vulgaris* L. **Physiologia Plantarum**, v. 40, n. 2, p. 111-114, 1977.

PELLEGRINO, G.Q.; ASSAD, E.D.; MARIN, F.R. Mudanças Climáticas Globais e a Agricultura no Brasil. **Revista Multiciência**, v. 8, n. 8, p. 139-162, 2007.

RAMALHO, M.A.P.; SILVA, G.S.; SANTOS DIAS, L.S. Genetic plant improvement and climate changes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, n. 2, p. 189-195, 2009.

RAO, I.M. Role of physiology in improving crop adaptation to abiotic stresses in the tropics: The case of common bean and tropical forages. In: PESSARAKLI, M. (Org.) **Handbook of plant and crop physiology**. Marcel Dekker, New York, 2001. p.583–613.

REICHERT, J.M. et al. Variação temporal de propriedades físicas do solo e crescimento radicular de feijoeiro em quatro sistemas de manejo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 3, p. 310-319, 2009.

REINERT, D.J. et al. Limites críticos de densidade do solo para o crescimento de raízes de plantas de cobertura em argissolo vermelho. **Revista Brasileira Ciência do Solo**, v. 32, n. 5, p. 1805-1816, 2008.

RIBEIRO, N. D. et al. Alterações em caracteres agromorfológicos em função da densidade de plantas em cultivares de feijão. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 10, n. 2, p. 167-173, 2004.

RIBEIRO, N.D. et al. Composição de microminerais em cultivares de feijão e aplicações para o melhoramento genético. **Bragantia**, v. 67, n. 2, p. 267-273, 2008.

ROCHA, F. et al. Root distribution in common bean populations used in breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 1, p. 40-47, 2010.

RODRIGUEZ-URIBE, L.; O'CONNELL, M.A. A root-specific bZIP transcription factor is responsive to water deficit stress in tepary bean (*Phaseolus acutifolius*) and common bean (*P. vulgaris*). **Journal of Experimental Botany**, v. 57, n. 6, p. 1391–1398, 2006.

SANTOS, G.B. et al. Inferência bayesiana na estimação de componentes de variância de bovinos simental. In: Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 5., 2004, São Paulo. **Anais eletrônicos...** São Paulo: SBMA, 2004. Disponível em: <<http://sbmaonline.org.br/anais/v/trabalhos/pdfs/bc033.pdf>>. Acesso em: 23 junho 2010.

SAS INSTITUTE INC. **SAS[®] 9.1.3 (TS1M3) for Windows Microsoft**. Cary, NC, SAS Institute Inc., 2007. 212 p.

SAS INTITUTE INC. **SAS/STAT 9.2.User's Guide: The GENMOD Procedure** (Book Excerpt). Cary, NC: SAS Institute Inc., 2008. 2073 p.

SILVA, C. C.; BEVITORE, R. Colheita e beneficiamento de feijão. **Informe Agropecuário Belo Horizonte**, v. 17, n. 178, p. 54-63, 1994.

SILVA, J. G. C. **Planejamento de experimentos: Base conceitual e metodológica**. Pelotas: Instituto de Física e Matemática, Universidade Federal de Pelotas, 2003. 366 p.

SILVA, S. A. et al. Variabilidade espacial do fósforo e das frações granulométricas de um Latossolo Vermelho Amarelo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 1, p. 1-8, 2010.

SINGH, S.P. et al. Low soil fertility tolerance in landraces and improved common bean genotypes. **Crop Science**, v. 43, n. 1, p. 110–119, 2003.

SOUZA, M.A. et al. Efeito do estresse hídrico na densidade do comprimento radicular em estádios de desenvolvimento do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 25-30, 2009.

SREENIVASUL, N.; SOPORY, S.K.; KISHOR, K.P.B. Deciphering the regulatory mechanisms of abiotic stress tolerance in plants by genomic approaches. **Elsevier**, v. 388, n. 1-2, p. 1-13, 2007.

SUBBARAO, G.V. et al. Strategies for improving drought resistance in grain legumes. **Critical Review in Plant Science**, v. 14, n. 6, p. 469-529, 1995.

TAIZ, L.; ZIEGER, E. **Fisiologia Vegetal**. 3a ed. Porto Alegre: Artemed, 2004. 719 p.

TORO, O.; TOHME, J.; DEBOUCK, D.G. **Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.): Description and distribution**. Cali, Colombia: International Board for Plant Genetic Resources and Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1990. 106 p.

YAN, X.; LYNCH, J.P.; BEEBE, S.E. Genetic variation for phosphorus efficiency of common bean in contrasting soil types: I. Vegetative response. **Crop Science**, v. 35, n. 4, p. 1086-1093, 1995.

VALLEJO, P.R.; KELLY, J. Traits related to drought resistance in common bean. **Euphytica**, v. 99, n. 2, p.127-136, 1998.