

**INAYARA ALBUQUERQUE OLIVEIRA**

**MÉTODOS DE INDUÇÃO DE VARIABILIDADE GENÉTICA EM FEIJÃO**

*(Phaseolus Vulgaris)*

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

Orientador: Dr. Altamir Frederico Guidolin

Co-orientador: Dr. Silmar Primieri

**Lages, SC**

**2020**

Dedico este trabalho aos meus pais, por acreditarem nos meus sonhos e por serem meus principais incentivadores e colaboradores, para que eu pudesse alcançar meus objetivos.

“Não fui eu que ordenei a você? Seja forte e corajoso! Não se apavore, nem desanime, pois o Senhor, o seu Deus, estará com você por onde você andar”.

Josué 1:9

## AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo dom da vida e por ter me guiado durante essa caminhada;

Aos meus pais, Eliana Albuquerque e Jacques Oliveira (*in memoriam*), por todo amor, carinho, incentivo e apoio incondicional. Agradeço por todo esforço que fizeram para que eu tivesse a oportunidade de estudar, por sempre se fazerem presentes apesar da distância, em especial meu pai, que me guia espiritualmente;

Ao meu irmão Pedro Neto, por estar sempre ao lado e por alegrar minha vida;

Aos meus avós Graça Melo e Pedro Oliveira, por serem tão maravilhosos, dedicados e amorosos. Agradeço por estarem comigo sempre;

Ao Prof. Dr. Altamir Frederico Guidolin, por ter me dado a oportunidade de ser sua orientada, pelo empenho, dedicação e ensinamentos transmitidos;

Ao Prof. Dr. Jefferson Luís Meirelles Coimbra, por sua participação, colaboração e incentivo durante o desenvolvimento da minha pesquisa;

Ao Prof. Dr. Silmar Primieri, por ter aceitado me coorientar e por sua colaboração e disponibilidade de me orientar no desenvolvimento de etapas importantes da pesquisa;

Ao Dr. Altair Delfino da Rocha Faes pela irradiação das sementes no Centro de Oncologia da Universidade Federal de Pelotas - UFPel.

Aos colegas de Laboratório do grupo IMEGEM, por toda ajuda e contribuição nas etapas importantes da pesquisa;

As minhas amigas Jucimara Alves, Emanuele Barichello, Karollyne Alves e Betel Cavalcante, por deixarem minha caminhada mais leve. Agradeço por toda ajuda profissional e pessoal em todos os momentos;

Ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade do Estado de Santa Catarina, pela oportunidade e pelo aprendizado adquirido durante o curso de mestrado;

Aos membros da banca examinadora, pela disponibilidade e por aceitarem contribuir com seus conhecimentos;

A CAPES pelo apoio financeiro durante a realização dessa pesquisa;

E a todos que de alguma forma contribuíram direta e indiretamente para a conclusão deste trabalho.

## RESUMO

O feijão apresenta pouca variabilidade genética para os caracteres de parte aérea e do sistema radicular, o que limita os trabalhos de melhoramento voltados ao aumento da produção de grãos. A variabilidade genética observada nos cruzamentos é resultado da presença de locos contrastantes nos genótipos em estudo. A indução de mutação e a hibridação artificial podem aumentar a proporção de locos em heterozigose distintamente. O objetivo do trabalho foi avaliar métodos de indução de variabilidade genética em caracteres de parte aérea e do sistema radicular do feijão. Os experimentos foram conduzidos nas safras de 2018/19 e 2019/20. Na primeira safra, utilizaram-se as populações oriundas da indução de mutação física dos genótipos Pérola e IPR Uirapuru nas gerações M<sub>1</sub>, M<sub>2</sub>, M<sub>4</sub>, M<sub>5</sub>, M<sub>6</sub> e M<sub>7</sub>; e dos genótipos BRS Supremo e BRS Horizonte nas gerações M<sub>1</sub> e M<sub>2</sub>, que foram novamente submetidos a uma nova indução a mutação física, originando novas populações mutantes físicas. Com isso, os tratamentos conduzidos a campo foram Pérola nas gerações M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' , M<sub>2</sub>' , M<sub>4</sub>' , M<sub>5</sub>' , M<sub>6</sub>' , M<sub>7</sub>' ; IPR Uirapuru nas gerações M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' , M<sub>2</sub>' , M<sub>4</sub>' , M<sub>5</sub>' , M<sub>6</sub>' , M<sub>7</sub>' , BRS Supremo nas gerações M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' e M<sub>2</sub>' e BRS Horizonte nas gerações M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' e M<sub>2</sub>' , totalizando 20 tratamentos. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizado com duas repetições por tratamento. Foram avaliados os caracteres estatura (EST), diâmetro do caule (DIC), inserção do primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG), através das estimativas de variância genotípica. Na segunda safra, os genótipos BAF53 e BAF07, foram submetidos à mutação química, mutação física e hibridação, dando origem aos tratamentos BAF53\_MQ, BAF07\_MQ, BAF53\_MF, BAF07\_MF e BAF07\_BAF53, conduzidos a campo com os genitores BAF53 e BAF07, totalizando 7 tratamentos. O delineamento experimental foi o de blocos casualizado com quatro repetições. Quanto ao sistema radicular foram avaliados os caracteres comprimento de raiz (COMP), área projetada de raiz (APRO), área superficial de raiz (ASUP), relação comprimento volume (CMVL) e número de pontas de raiz (PTS), e em relação a parte aérea, foram avaliados os caracteres estatura (EST), diâmetro do caule (DIC), inserção do primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG). Na análise de dados particionou-se a variância, para a obtenção da variância genotípica. Adicionalmente, foi realizada a análise de trilha, para medir o efeito direto e indireto entre os caracteres avaliados sobre a variável COMP. Os resultados do experimento 1 permitiram observar que as populações Pérola\_M<sub>6</sub>' e IPR Uirapuru\_M<sub>7</sub>' , apresentaram maior variação genotípica para quase todos os caracteres, com exceção do NL, em relação as demais populações. Sendo assim, o efeito da indução recorrente a mutação possibilitou o incremento das características de interesse agrônômico em todas as gerações estudadas. Porém, resultados com maior variação genotípica foram observados em gerações avançadas. Com isso, a melhor geração para recorrer a indução recorrente a mutação foram as gerações M<sub>6</sub>' e M<sub>7</sub>' . Com relação aos resultados do experimento 2, os resultados demonstram que os genótipos possuem baixa associação entre raiz e parte aérea. Para o caráter raiz, somente o genótipo BAF53\_MF, não expressou variação genotípica para nenhuma variável estudada. E para os caracteres de parte aérea somente o genótipo BAF53\_MF, apresentou variação genotípica para os caracteres número de legumes por planta e número de grãos por planta. Sendo assim, conclui-se que a mutação física apresentou maior incremento de variabilidade genética, em relação aos demais métodos.

**Palavras-chave:** mutação química, mutação física, hibridação, sistema radicular, componentes do rendimento.

## ABSTRACT

The bean has little genetic variability for the characters of the aerial part and the root system, which limits the improvement work aimed at increasing grain production. The genetic variability observed at the crosses is the result of the presence of contrasting loci in the genotypes under study. Mutation induction and artificial hybridization can distinctly increase the proportion of heterozygous loci. The objective of the work was to evaluate methods of inducing genetic variability in shoots and root system characters of beans. The experiments were conducted in the 2018/19 and 2019/20 seasons. In the first harvest, populations from the induction of physical mutation of the genotypes Pérola and IPR Uirapuru in the generations M<sub>1</sub>, M<sub>2</sub>, M<sub>4</sub>, M<sub>5</sub>, M<sub>6</sub> and M<sub>7</sub> were used; and the BRS Supremo and BRS Horizonte genotypes in the M<sub>1</sub> and M<sub>2</sub> generations, which were again subjected to a new induction to physical mutation, giving rise to new physical mutant populations. With that, the treatments conducted in the field were Pérola in the generations M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' , M<sub>2</sub>' , M<sub>4</sub>' , M<sub>5</sub>' , M<sub>6</sub>' , M<sub>7</sub>' ; IPR Uirapuru in generations M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' , M<sub>2</sub>' , M<sub>4</sub>' , M<sub>5</sub>' , M<sub>6</sub>' , M<sub>7</sub>' , BRS Supremo in generations M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' and M<sub>2</sub>' and BRS Horizonte in generations M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' and M<sub>2</sub>' , totaling 20 treatments. The characters height (EST), stem diameter (DIC), insertion of the first legume (IPL), number of vegetables per plant (NL) and number of grains per plane (NG) were evaluated through genotypic variance estimates. In the second harvest, the BAF53 and BAF07 genotypes were subjected to chemical mutation, physical mutation and hybridization, giving rise to treatments BAF53\_MQ, BAF07\_MQ, BAF53\_MF, BAF07\_MF and BAF07\_BAF53, conducted in the field with the parents BAF53 and BAF07, totaling 7 treatments. The experimental design was a randomized block with four replications. As for the root system, the characters root length (COMP), projected root area (APRO), root surface area (ASUP), volume length ratio (CMVL) and number of root tips (PTS) were evaluated, and in relation to the aerial part, the characters height (EST), stem diameter (DIC), insertion of the first vegetable (IPL), number of vegetables per plant (NL) and number of grains per plant (NG) were evaluated. In the data analysis, the variance was partitioned to obtain the genotypic variance. Additionally, a trail analysis was performed to measure the direct and indirect effect between the characters evaluated on the COMP variable. The results of experiment 1 allowed us to observe that the populations Pérola\_M<sub>6</sub>' and IPR Uirapuru\_M<sub>7</sub>' , presented greater genotypic variation for almost all characters, with the exception of NL, in relation to the other populations. Therefore, the effect of recurrent mutation induction made it possible to increase the characteristics of agronomic interest in all studied generations. However, results with greater genotypic variation were observed in advanced generations. As a result, the best generation to resort to recurrent mutation induction was the M<sub>6</sub>' and M<sub>7</sub>' generations. Regarding the results of experiment 2, the results demonstrate that the genotypes have a low association between root and shoot. For the root character, only the BAF53\_MF genotype, did not express genotypic variation for any studied variable. And for the aerial part characters only the BAF53\_MF genotype, showed genotypic variation for the characters number of vegetables per plant and number of grains per plant. Thus, it is concluded that the physical mutation presented a greater increase in genetic variability, in relation to the other methods.

**Keywords:** mutation chemical, physical mutation, hybridization, genetic variability, root system, yield components.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1.** Esquema de obtenção das populações mutantes a partir da indução recorrente a mutação.....20
- Figura 2.** Esquema de obtenção das populações segregantes originadas a partir da mutação química, mutação física e hibridação..... 31

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Estimativas de variância genotípica em porcentagem para os caracteres estatura (EST); diâmetro do caule (DIC); inserção do primeiro legume (IPL); número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG), para as populações fixas e mutantes de feijão. UDESC – IMEGEM, Lages, SC, 2019/20. ....24
- Tabela 2.** Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos caracteres estatura da planta (EST), diâmetro do caule (DIC), inserção do primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NL), número de grãos por planta (NG), área projetada de raiz (APRO), área superficial de raiz (ASUP), relação comprimento volume de raiz (CMVL), número de pontas de raiz (PTS), sobre a variável comprimento radicular (COMP), em populações fixas e segregantes de feijão. UDESC – IMEGEM, Lages, SC, 2020..36
- Tabela 3.** Estimativas de variância genotípica em porcentagem para os caracteres do sistema radicular. Comprimento de raiz (COMP), área projetada de raiz (APRO), área superficial de raiz (ASUP), relação comprimento volume de raiz (CMVL) e número de pontas de raiz (PTS), para as populações fixas e segregantes de feijão. UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2020.....38
- Tabela 4.** Estimativas de variância genotípica em porcentagem para os caracteres de parte aérea de raiz. Estatura (EST); diâmetro do caule (DIC); inserção do primeiro legume (IPL); número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG), para as populações fixas e segregantes de feijão. UDESC – IMEGEM, Lages, SC, 2020..39

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL .....	12
1.1 HIPÓTESES .....	15
1.2 OBJETIVOS .....	15
1.2.1 Geral .....	15
1.2.3 Específicos .....	15
2. INDUÇÃO RECORRENTE A MUTAÇÃO E SEUS EFEITOS EM POPULAÇÕES COM DIFERENTES NÍVEIS DE HETEROZIGOSE.....	16
2.1. RESUMO .....	16
2.2 INTRODUÇÃO.....	16
2.3 MATERIAL E MÉTODOS.....	18
2.3.1 <i>Obtenção das constituições genéticas e delineamento experimental</i> .....	18
2.3.2 <i>Caracteres avaliados</i> .....	21
2.3.4 <i>Análise estatística</i> .....	21
2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	22
2.5 CONCLUSÃO.....	26
3. EFICIÊNCIA DOS MÉTODOS DE INDUÇÃO A VARIABILIDADE GENÉTICA PARA O SISTEMA RADICULAR E SUA ASSOCIAÇÃO COM O RENDIMENTO DE GRÃOS	27
3.1 RESUMO .....	27
3.2 INTRODUÇÃO.....	28
3.3 MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.3.1 <i>Obtenção das constituições genéticas</i> .....	29
3.3.1.1 <i>Mutação física</i> .....	29
3.3.1.2 <i>Mutação química</i> .....	29
3.3.1.3 <i>Hibridação</i> .....	30
3.3.1 <i>Condução e delineamento experimental</i> .....	32
3.3.2 <i>Caracteres avaliados</i> .....	32
3.3.3 <i>Análise estatística</i> .....	33

3.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	34
3.5	CONCLUSÃO.....	42
4.	REFERÊNCIAS .....	43

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

No Brasil, o cultivo de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma prática muito comum entre os agricultores familiares. Devido esse sistema de cultivo remeter uma excelente quantidade e qualidade de proteína encontrada nos grãos, apresentando uma soma de efeitos benéficos importantes. Sendo assim, o feijão é considerado alimento funcional, contendo em média em 100g de feijão, 22g de proteína, 61g de carboidrato, 4,3g de fibra, 1,6g de lipídeo, 86mg de cálcio, 247mg de fósforo, 7,6 mg de ferro, 2 µg de vitamina A, 0,54mg de vitamina B1 e 0,19mg de vitamina B2 (CAROVIC-STANKO et al., 2017). Contribui para o bem-estar humano, sendo uma importante espécie no âmbito econômico-social, por oferecer principalmente oportunidade através da contratação de mão-de-obra qualificada durante o ciclo da cultura. Alimentício, sendo considerado um alimento básico fornecendo grande aporte proteico em dietas. (REYES-MATAMOROS et al., 2014).

A cultura do feijão é caracterizada como uma cultura de subsistência e possui amplo cultivo em áreas marginais e com baixa tecnologia nos quais o retorno econômico é insuficiente para justificar a utilização de grandes quantidades de insumo bem como utilização de estruturas para atender a demanda hídrica. Além disso, a frequente ocorrência de intempéries climáticas afeta o desenvolvimento da cultura, que conforme a intensidade e o período fenológico em que ocorre, podem reduzir drasticamente a sua produtividade (REYNOLDS-HENNE et al., 2010; SEIDEL, et al., 2016). A disponibilidade de água durante o desenvolvimento da cultura é um dos principais fatores que afetam negativamente o crescimento de plantas e a produtividade de grãos da cultura do feijão (REYES-MATAMOROS et al., 2014).

Conforme descrito por Lynch (2007) o estudo dos componentes genéticos envolvidos na expressão e caráter do sistema radicular é uma das melhores estratégias para promover melhorias em programas de melhoramento visando a indução de resistência a plantas contra estresses abióticos, como a seca, devido o melhoramento dos componentes do sistema radicular poderem proporcionar para a cultura do feijão maior produtividade de grãos, através da absorção de água e nutrientes. O feijão apresenta um sistema radicular pouco desenvolvido em que a maior concentração de raiz está limitada a camada superficial do solo, geralmente de 0-20 centímetros, sendo este caráter bastante homogêneo nas populações de plantas. Sendo assim, é fundamental o uso de métodos para indução da variabilidade genética, para que os agentes de indução a variabilidade genética, venham contribuir para o desenvolvimento do sistema radicular, e diminuir a alta sensibilidade, atribuída a espécie, causada por estresse abiótico. A

seleção de genótipos que apresentem uma boa distribuição radicular em todas as camadas do solo pode propiciar benefícios às condições adversas imprevistas (ALMEIDA, 2011).

Existem inúmeros programas de melhoramento para a cultura do feijão, que já proporcionaram melhorias a cultura, com a inserção de resultados diretos ou indiretos para a produtividade de grãos e o sistema radicular. No entanto, diversos aspectos devem ser considerados, visando explorar a cultura, com o intuito de atingir resultados promissores. A maioria dos estudos possui ênfase na parte visível, acima do solo, correspondentes aos caracteres da parte aérea da planta. Os estudos relacionados ao sistema radicular obtiveram maior visibilidade, devido as melhorias que o melhoramento dos caracteres de raiz, podem influenciar diretamente no crescimento e desenvolvimento da parte aérea, e conseqüentemente no aumento da produtividade de grãos. Os maiores avanços obtidos para a parte radicular foram através de estudos realizados em ambientes controlados, entretanto há a necessidade de validação sob condições de campo (MIGUEL et al., 2013).

As cultivares de feijão disponíveis no mercado são definidas como uniformes por apresentarem mesmo padrão e aparência nos caracteres de importância agrônômica, tendo como exemplo: inserção do primeiro legume, ciclo, diâmetro do caule e estatura de planta, devido ao estreitamento da base genética entre as cultivares de feijão que reduz drasticamente a possibilidade de obter diferentes constituições genéticas (COIMBRA et al., 2004). Dessa forma, o melhoramento genético, através dos métodos de indução a variabilidade genética, tem contribuído de maneira expressiva para os parâmetros de ganho em rendimento de grãos e outras características de interesse agrônômico (ELIAS, 2007).

Por isso, é necessário a identificação de genótipos com caracteres superiores, por ser um fator essencial para os programas de melhoramento, uma vez que a ausência dessa identificação, é prejudicial para o progresso da criação de novos genótipos, originadas a partir da hibridação (COIMBRA et al., 2004). O uso da mutação induzida é caracterizado como uma ferramenta utilizada para aumentar a variabilidade genética e proporcionar incremento nos caracteres de interesse agrônômico, uma vez que as mutações espontâneas são raras e com baixa frequência (GAUL, 1964). Dessa forma, a utilização de agentes mutagênicos é de fundamental importância para a criação de genes ligados as características de interesse agrônômico (COIMBRA et al., 2005).

Conforme descrito por Ahloowalia et al., (2004), 2250 cultivares de diferentes espécies vegetais foram criadas a partir do uso de agentes mutagênicos, impactando significativamente

na economia mundial e na área cultivada. A estratégia predominante para o uso da mutação como uma das vertentes do melhoramento genético é a obtenção de ganho para uma ou duas características de elevado interesse, como por exemplo, rendimento de grãos e o desenvolvimento do sistema radicular. No que se refere a hibridação entre cultivares, é importante ressaltar que o método possibilita a recombinação da variabilidade existente, acarretando no desenvolvimento de cultivares adaptadas aos mais diversos ambientes. Entretanto, devido ao percentual elevado de genótipos disponíveis, a grande dificuldade está na escolha dos mais promissores para serem os genitores nos programas de melhoramento, permitindo a criação de populações segregantes potencialmente superiores (RAMAHO, 1993). Dessa forma, o papel dos melhoristas na identificação desses genótipos é imprescindível para promover a produtividade sem obrigatoriamente aumentar os custos de produção, selecionando os genótipos em condições de estresse abióticos, a fim de identificar e selecionar as características de raízes mais adaptáveis, tolerantes à seca e que apresentem eficiência na absorção de nutrientes para o crescimento das culturas de diferentes sistemas de cultivo (ROSADO, 2012).

Seguindo a linha de planejamento dos programas de melhoramento genético, que visam o aumento de variabilidade genética, através da criação de genótipos superiores em relação as cultivares existentes no mercado e que superem o desempenho das mesmas, faz-se necessário a utilização dos mecanismos de indução a variabilidade genética, como mutação induzida e hibridação, como ferramenta para a obtenção de diferentes combinações genotípicas, auxiliando o melhorista a determinar a melhor estratégia de seleção de plantas (ALLARD, 1960). Através da avaliação de características associadas ao sistema radicular (comprimento de raiz, área projetada de raiz, área superficial de raiz, relação comprimento volume e número de pontas de raiz) e aos caracteres de parte aérea (estatura, diâmetro do caule, inserção do primeiro legume, número de legumes por planta e número de grãos por planta), que são de fundamental importância, para a seleção de plantas com sistema radicular mais desenvolvido associado ao rendimento de grãos, podendo resultar no desenvolvimento de genótipos com maior tolerância a fatores bióticos e abióticos. Uma vez que, ambas fontes de variabilidade genética possibilitam alterações nas constituições genotípicas, podendo ser benéficas e empregadas na seleção de caracteres desejáveis. Portanto, as mutações induzidas e a hibridação podem propiciar modificações em genótipos que apresentam características agronomicamente importantes e, desta forma, alterar os caracteres de interesse.

## 1.1 HIPÓTESES

As hipóteses desse trabalho são:

- a) A indução recorrente a mutação proporciona incremento significativo em populações mutantes de feijão.
- b) Os métodos de indução a variabilidade genética possuem incremento significativo em raiz associada com a parte aérea

## 1.2 OBJETIVOS

### 1.2.1 Geral

Avaliar a variabilidade morfológica de diferentes genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris*) submetidos a indução recorrente a mutação, mutação química, mutação física e hibridação.

### 1.2.3 Específicos

Os objetivos específicos desse trabalho são:

- a) determinar a melhor geração para recorrer ao novo ciclo de indução de mutação em populações mutantes de feijão.
- b) Desse modo, esse trabalho teve como objetivo, avaliar qual método de indução a variabilidade, mutação química, física e hibridação, proporciona incremento significativo na variabilidade genética para o sistema radicular e sua associação com o rendimento de grãos, e verificar a correlação entre as características do sistema radicular e os caracteres de parte aérea.

## 2. INDUÇÃO RECORRENTE A MUTAÇÃO E SEUS EFEITOS EM POPULAÇÕES COM DIFERENTES NÍVEIS DE HETEROZIGOSE

### 2.1. RESUMO

A indução recorrente a mutação consiste em submeter populações mutantes a uma nova indução a mutação, com o intuito de utilizar o efeito recorrente de sucessivas induções a mutação para gerar variabilidade genética. Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo determinar a melhor geração para recorrer ao novo ciclo de indução de mutação em populações mutantes de feijão. Para tanto, foram utilizadas populações mutantes dos genótipos Pérola e IPR Uirapuru nas gerações M<sub>1</sub>, M<sub>2</sub>, M<sub>4</sub>, M<sub>5</sub>, M<sub>6</sub> e M<sub>7</sub>; e populações mutantes dos genótipos BRS Supremo e BRS Horizonte, nas gerações M<sub>1</sub> e M<sub>2</sub>, que foram submetidas a uma nova indução a mutação física, originando novas populações mutantes. Com isso, os tratamentos conduzidos a campo foram, Pérola e IPR Uirapuru nas gerações M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' , M<sub>2</sub>' , M<sub>4</sub>' , M<sub>5</sub>' , M<sub>6</sub>' , M<sub>7</sub>' ; BRS Supremo e BRS Horizonte nas gerações M<sub>0</sub>, M<sub>1</sub>' e M<sub>2</sub>' , totalizando 20 tratamentos. Dessa forma, assim que as plantas atingiram o estágio de maturação R9, foram avaliadas 10 plantas de cada genótipo, levando em consideração a estatura (EST), diâmetro do caule (DIC), inserção do primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG). A discriminação das populações foi realizada por meio do parcelamento de variância. Os resultados permitiram observar que as populações mutantes, a partir da indução recorrente a mutação, apresentaram variação genotípica para algumas variáveis. Porém o genótipo Pérola\_M<sub>6</sub> obteve um desempenho significativo para os caracteres EST, DIC e IPL e o genótipo IPR Uirapuru\_M<sub>7</sub>, apresentou variação genotípica para os caracteres NL e NG. Dessa forma, o efeito da indução recorrente a mutação foi eficiente na criação e no aumento da variabilidade genética, proporcionando resultados promissores para as populações com maior índice de homozigose. Com isso, a melhor geração para recorrer a indução recorrente a mutação foram as gerações M<sub>6</sub> e M<sub>7</sub>.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L., rendimento de grãos, variabilidade genética.

### 2.2 INTRODUÇÃO

A cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) possui importância na agricultura e na culinária brasileira, e compõe a principal fonte proteica das populações de baixa renda

(MESQUITA et al., 2007). Contribui para o bem-estar humano, sendo uma importante espécie no âmbito econômico, alimentício, biológico e cultural, sendo considerado um alimento básico (REYES-MATAMOROS et al., 2014). Dessa forma, o feijão é considerado um alimento funcional. No Brasil, o cultivo de feijão é uma prática muito comum entre agricultores familiares (CAROVIC-STANKO et al., 2017). No decorrer dos anos agrícolas, a cultura do feijão passou por processos de seleção natural e artificial, ocasionando na manifestação de uniformidade em caracteres. Com isso, a fim de alavancar a produtividade, os programas de melhoramento fazem o uso de métodos de indução a variabilidade genética com o intuito de selecionarem genótipos promissores.

O estreitamento da base genética para características, como a estatura da planta, ciclo, diâmetro do caule e inserção do primeiro legume, reduz a possibilidade de obter diferentes constituições genéticas nas gerações segregantes (COIMBRA et al., 2004). Para enriquecer a variabilidade genética, podem ser utilizados métodos como a hibridação e a mutação. A mutação induzida tem sido relatada com sucesso para muitas culturas, incluindo o feijão (SJODIN, 1971). A eficiência da mutação induzida para gerar plantas altamente produtivas tem sido amplamente comprovada e documentada através da liberação oficial de 3.318 variedades mutantes, em diversas culturas e para diferentes caracteres de importância (AIEA, 2019). A mutação induzida no melhoramento é utilizada como estratégia para obter ganho de características de maior interesse, como o número de grãos por planta, com o objetivo de aumentar a produção (AHLOOWALIA et al., 2004).

Para a realização do melhoramento genético em caracteres controlados por vários genes, como por exemplo, o rendimento de grãos e o caráter raiz, geralmente são necessários sucessivas seleções para a obtenção de um genótipo promissor. Dessa forma, a utilização da indução recorrente a mutação vem como uma estratégia para ampliar a variabilidade genética das populações mutantes. Possibilitando o incremento em caracteres de interesse agrônomo, e dessa forma, aumentando a chance de obter indivíduos superiores, que apresentem uma alta inserção do primeiro legume e o aumento do diâmetro do caule, além de alta produtividade de grãos. Neste sentido, este estudo teve como objetivo determinar a melhor geração para recorrer ao novo ciclo de indução de mutação em populações mutantes de feijão.

## 2.3 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.3.1 *Obtenção das constituições genéticas e delineamento experimental*

No ano de 2006, as sementes dos genótipos Pérola e IPR Uirapuru foram submetidas a irradiação com fonte  $^{60}\text{Co}$ , na dose 200 Grays, utilizando o aparelho Eldorado-78 da Faculdade de Medicina da UFPel, dando origem às sementes  $M_1$ . As populações mutantes  $M_1$  foram semeadas para avanço de gerações ( $M_2$ ,  $M_4$ ,  $M_5$ ,  $M_6$  e  $M_7$ ). No ano de 2012, foram incluídos mais dois genótipos para indução de mutação, sendo BRS Supremo e BRS Horizonte. Igualmente, foi avançada a geração destes genótipos, dando origem as populações nas gerações  $M_2$ .

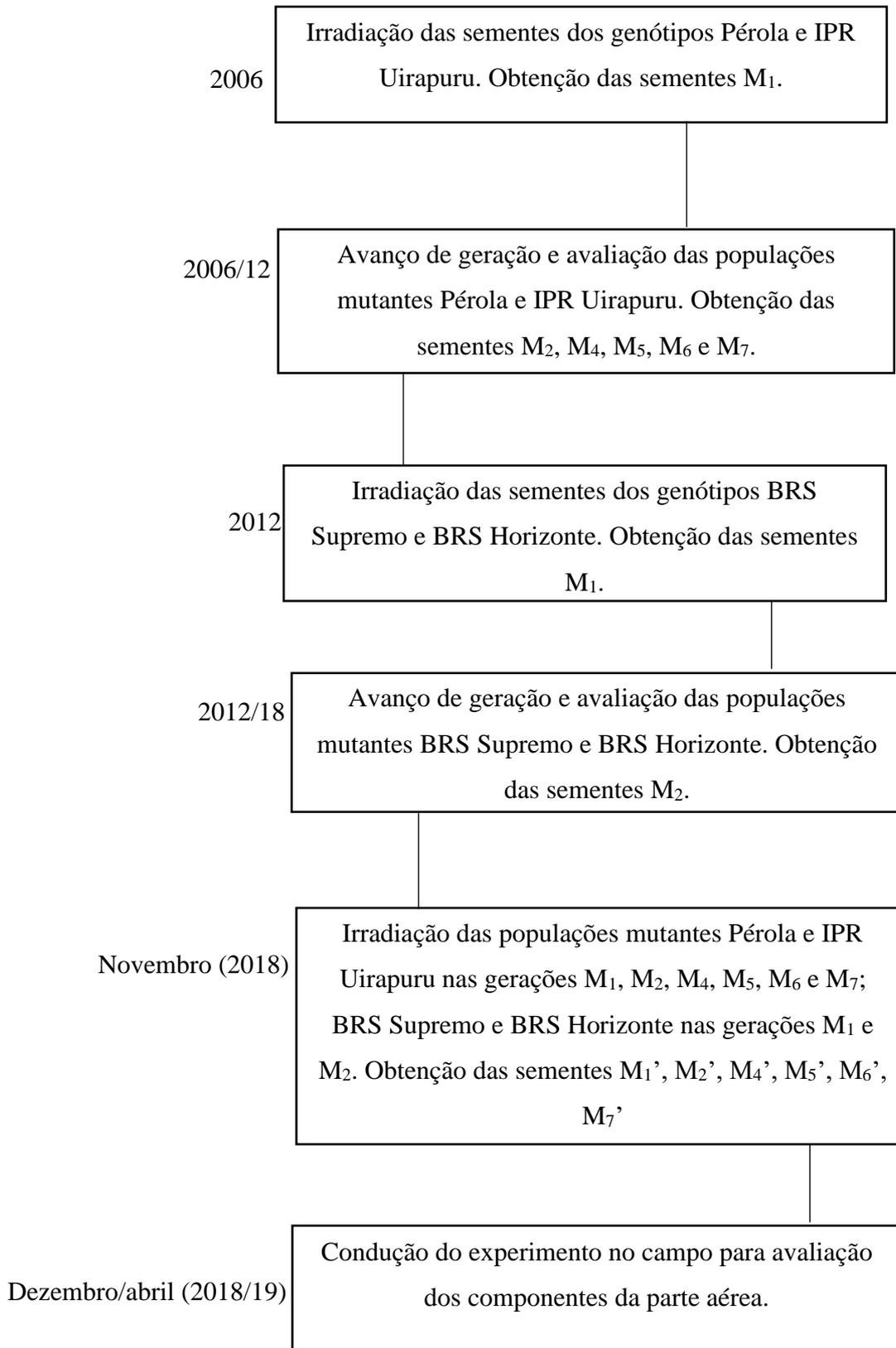
Em todas as gerações de avanço por autofecundação a campo, parte das sementes foram separadas, utilizando o método de bulk e armazenadas. Sendo assim, no ano de 2018 as quatro populações mutantes (Pérola, IPR Uirapuru, BRS Supremo e BRS Horizonte) em diferentes gerações ( $M_1$ ,  $M_2$ ,  $M_4$ ,  $M_5$ ,  $M_6$  e  $M_7$ ), foram novamente submetidas à irradiação por raios gama, provenientes da fonte de  $^{60}\text{Co}$ , utilizando o aparelho Eldorado-78 da Faculdade de Medicina da UFPel. O rendimento foi de 54,01 CGy para um campo de 30x30cm, com uma distância foco alvo de 80cm. A dose estabelecida foi de 200 grays (Gy), originando dezesseis populações mutantes recorrentes nas gerações  $M_1'$ ,  $M_2'$ ,  $M_4'$ ,  $M_5'$ ,  $M_6'$  e  $M_7'$ . O esquema de obtenção das constituições genéticas está apresentado na Figura 1.

Desse modo, cada população mutante foi representada seguida de sua respectiva geração de segregação, correspondentes as populações: 1) Pérola\_ $M_0$ ; 2) IPR Uirapuru\_ $M_0$ ; 3) BRS Supremo\_ $M_0$ ; 4) BRS Horizonte\_ $M_0$ ; 5) Pérola\_200 $M_1'$ ; 6) IPR Uirapuru\_200 $M_1'$ ; 7) Supremo\_200 $M_1'$ ; 8) BRS Horizonte\_200 $M_1'$ ; 9) Pérola\_200 $M_2'$ ; 10) IPR Uirapuru\_200 $M_2'$ ; 11) BRS Supremo\_200 $M_2'$ ; 12) BRS Horizonte\_200 $M_2'$ ; 13) Pérola\_200 $M_4'$ ; 14) IPR Uirapuru\_200 $M_4'$ ; 15) Pérola\_200 $M_5'$ ; 16) IPR Uirapuru\_200 $M_5'$ ; 17) Pérola\_200 $M_6'$ ; 18) IPR Uirapuru\_200 $M_6'$ ; 19) Pérola\_200 $M_7'$  e 20) IPR Uirapuru\_200 $M_7'$ .

O experimento foi realizado na Universidade do Estado de Santa Catarina, no centro de Ciências Agroveterinárias (UDESC/CAV), localizada na cidade de Lages-SC, cujas coordenadas geográficas são 27° 47' S de latitude e 50° 18' W de longitude, com altitude média de 950 m. Com clima classificado segundo Koppen como do tipo Cfb (clima temperado com verão fresco e mesotérmico úmido) e a temperatura média anual é por volta de 14,3° C, com

uma precipitação anual de 1500 mm. O solo no local de estudo é Cambissolo Húmico Alumínio Léptico, com textura argilosa e relevo ondulado.

Foi utilizado o delineamento de blocos casualizados com duas repetições por tratamento, cada um contendo 20 parcelas. Em cada parcela foram avaliadas 5 plantas, totalizando 10 plantas por tratamento. A parcela foi composta por quatro linhas, cada uma com dois metros de comprimento, espaçadas a 0,50 m. A densidade de plantas na linha foi 10 plantas por metro linear. A área útil foi constituída pelas duas linhas centrais. O trabalho foi conduzido na safra de 2018/19.



**Figura 1.** Esquema de obtenção das populações mutantes a partir da indução recorrente a mutação

### 2.3.2 Caracteres avaliados

Quando as plantas atingiram o estágio de maturação (R9), foram colhidas cinco plantas aleatórias de cada parcela, retiradas das linhas centrais, posteriormente foram levadas ao laboratório, onde foram avaliados cinco caracteres de interesse agrônômico: estatura de planta (EST) em centímetros; diâmetro de caule (DIC) em milímetros; inserção de primeiro legume (IPL) em centímetros; número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG). Vale ressaltar, que a avaliação foi determinada pelo ciclo fenológico de cada planta, assim que entraram no estágio de maturação.

### 2.3.4 Análise estatística

Os dados foram submetidos a análises por meio dos procedimentos PROC CORR, SORT e CHART, do programa estatístico SAS UNIVERSITY. Foram estimadas as pressuposições de variância, para todas as populações avaliadas para as populações avaliadas. Após a obtenção das estimativas de variância, foi realizado o parcelamento de variância para cada tratamento. Vale ressaltar que as populações fixas Pérola\_M<sub>0</sub>, IPR Uirapuru\_M<sub>0</sub>, BRS Supremo\_M<sub>0</sub> e BRS Horizonte\_M<sub>0</sub>, apresentam apenas variação ambiental, devido ao seu alto índice de homozigose. Sendo assim, a variância genotípica foi obtida da seguinte maneira:

$$VG : VP - VE$$

Sendo:

VG: Variação genotípica;

VE: Variação ambiental (valor atribuído as populações fixas na geração M<sub>0</sub>);

VP: Variação fenotípica (valor atribuído as populações mutantes).

Em seguida, o valor obtido da variação genotípica foi dividido pela variação fenotípica. Obtendo assim o valor final da variação genotípica.

$$VG/VP$$

Onde:

VG: Variação genotípica;

VP: Variação fenotípica.

Os valores de variação genotípica foram multiplicados por 100, para a obtenção dos valores genéticos em porcentagem (FALCONER e MACKAY, 1996).

## 2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados de variância genotípica para cada um dos tratamentos estão inseridos na Tabela 1. Os resultados permitem observar que a indução recorrente a mutação foi eficiente no ganho de variabilidade genética para alguns tratamentos que serão explanados a seguir. Vale ressaltar, que a geração  $M_0$  é composta por populações fixas, ou seja, populações não segregantes que possuem um alto índice de homozigose, e que não foram submetidas ao mutagênico físico raios gama –  $^{60}\text{Co}$ . Dessa forma, a variação encontrada nessa geração é considerada ambiental. A variação ambiental abrange toda variação de origem não genética, que por sua vez, tem como causas principais os fatores nutricionais e climáticos. De maneira geral, a variação ambiental reduz a precisão dos estudos genéticos, por ser considerada uma fonte de erro. Com isso, o objetivo do melhorista é reduzir a variação ambiental, o máximo possível, através de um manejo adequado e delineamento apropriado (FALCONER e MACKAY, 1996).

Um outro ponto que deve ser ressaltado, corresponde a variação fisiológica que ocorre apenas na geração  $M_1'$ . Com isso, é possível destacar que as respostas alcançadas nessa geração são atribuídas aos efeitos fisiológicos originados a partir da indução recorrente a mutação, e são pertencentes apenas a esta geração (BORÉM e MIRANDA, 2009). A variação detectada nas plantas  $M_1$  é proveniente apenas de mitoses das células que sofreram modificações nas estruturas genéticas (TEVINI & TERAMURA, 1989). A maioria dos efeitos fisiológicos observados na planta  $M_1'$  não são transmitidos para as plantas da geração  $M_2'$  (FILIPPETTI & PACE, 1984). Os gametas devem ser produzidos por células mutantes para serem transmitidos a progênie, originando uma planta diferente da geração  $M_0$ . Por isso, é necessário o avanço de gerações para que as características obtidas, através das alterações, sejam transmitidas para as gerações seguintes e com isso, obter a resposta se a indução recorrente a mutação foi eficiente no incremento dos caracteres desejados (CHEAH e LIM, 1982).

Dessa forma, a variância genotípica pode ser estimada a partir da geração  $M_2'$ . A população Pérola\_  $M_2'$ , apresentou 13% de variação genotípica para a variável estatura e 50 % para o caráter inserção do primeiro legume. Para os demais caracteres, não houve variação

genotípica. O genótipo IPR Uirapuru\_M2', não apresentou variação genotípica para nenhuma variável. O genótipo BRS Supremo\_M2', expressou 55% de variação genotípica para a variável inserção do primeiro legume e 64% para a variável número de grãos por planta. Em contrapartida, o genótipo BRS Horizonte M2' apresentou um aumento de 4% de variabilidade genética para os caracteres EST, 6% para a variável DIC e 31% para o caractere NL.

A partir da geração M4', os resultados são satisfatórios para o genótipo Pérola nas gerações M4', M5', M6' e M7', apenas para os caracteres estatura, diâmetro do caule e inserção do primeiro legume. O que significa que a indução recorrente a mutação foi eficiente para o aumento de variabilidade genética, expressando valores de variância genotípica equivalente a 14%, 57% e 45% para o caráter estatura, nas gerações M5', M6' e M7'. 32%, 86% e 36%, para a variável diâmetro do caule nas gerações M4', M6' e M7'. E 65%, 88%, 93% e 79% para a variável inserção do primeiro legume, nas gerações M4', M5', M6' e M7'. Contudo, ainda de acordo com o genótipo Pérola, observa-se que a geração M6', apresentou resultados satisfatórios em comparação as demais. Com isso, o genótipo Pérola\_M6', teve o maior índice de alteração efetiva na magnitude dos dados observados.

Sendo assim, os resultados obtidos para as variáveis estatura, diâmetro do caule e inserção do primeiro legume, indicam que a mutação recorrente possibilitou incremento para essas variáveis, tornando a planta resistente para um aumento na produção de grãos. Os resultados promissores observados para o genótipo Pérola, corrobora com os resultados encontrados por Rocha et al., (2009), que em um estudo avaliando doses do agente mutagênico físico em genótipos de feijão, descreveu que o genótipo Pérola apresentou expressivo desempenho para a variável inserção do primeiro legume, nas duas doses do agente mutagênico físico (raios gama- <sup>60</sup>Co), o que significa que mesmo em condições diferentes, com induções a mutação de forma distinta, esse genótipo apresenta bom desempenho quando submetido ao agente mutagênico físico. Esse caráter é de extrema importância na seleção de um genótipo ideal de feijão, pois quanto maior for a inserção do primeiro legume, maior será a facilidade na colheita, tanto manual quanto mecanizada, além da preservação das sementes por não estarem em contato com o solo.

O ganho obtido para os caracteres de interesse agrônômico, diâmetro do caule e inserção do primeiro legume, é desejável para a constituição de um ideótipo de feijão, que por sua vez, busca associação entre as características referentes ao aumento de produtividade e a resistência a acamamento. Com isso, é necessária a associação entre os caracteres estatura, diâmetro do caule e inserção do primeiro legume, com as características de rendimento de grãos (número de

legumes por planta e número de grãos por planta). Dessa forma, com o aumento da produção de grãos, se faz necessária uma associação com as demais características secundárias, como por exemplo, o diâmetro do caule, para que a planta em questão possa suportar o aumento no número de legumes por planta (ROCHA et al., 2009).

Com relação ao genótipo IPR Uirapuru, a indução recorrente a mutação não expressou variância genotípica nas gerações M<sub>4</sub>' e M<sub>6</sub>'. Na geração M<sub>5</sub>', a população IPR Uirapuru, apresentou 8% de variância genotípica apenas para o caráter estatura. E 30%, 29% e 32% para os caracteres estatura, número de legumes por planta e número de grãos por planta, na geração M<sub>7</sub>'. Porém, o genótipo IPR Uirapuru\_M<sub>7</sub>', foi o único que expressou variância genotípica para as variáveis número de legumes por planta e número de grãos por planta.

**Tabela 1.** Estimativas de variância genotípica em porcentagem para os caracteres estatura (EST); diâmetro do caule (DIC); inserção do primeiro legume (IPL); número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG), para as populações fixas e mutantes de feijão. UDESC – IMEGEM, Lages, SC, 2019/20.

TRT	EST	DIC	IPL	NL	NG
	VARIÂNCIA GENOTÍPICA (%)				
01. PEM <sub>0</sub>	0	0	0	0	0
02. IUM <sub>0</sub>	0	0	0	0	0
03. BSM <sub>0</sub>	0	0	0	0	0
04. BHM <sub>0</sub>	0	0	0	0	0
05. PEM <sub>1</sub> '	49	66	80	0	0
06. IUM <sub>1</sub> '	0	16	0	38	9
07. BSM <sub>1</sub> '	19	0	51	0	0
08. BHM <sub>1</sub> '	0	78	0	1	0
09. PEM <sub>2</sub> '	13	0	50	0	0
10. IUM <sub>2</sub> '	0	0	0	0	0
11. BSM <sub>2</sub> '	0	0	55	64	0
12. BHM <sub>2</sub> '	4	6	0	31	0
13. PEM <sub>4</sub> '	0	32	65	0	0
14. IUM <sub>4</sub> '	0	0	0	0	0
15. PEM <sub>5</sub> '	14	0	88	0	0
16. IUM <sub>5</sub> '	8	0	0	0	0
17. PEM <sub>6</sub> '	57	86	93	0	0
18. IUM <sub>6</sub> '	0	0	0	0	0
19. PEM <sub>7</sub> '	45	36	79	0	0
20. IUM <sub>7</sub> '	30	0	0	29	32

TRT: Tratamento; 01. PEM<sub>0</sub>: Pérola\_M<sub>0</sub>; 02. IUM<sub>0</sub>: IPR Uirapuru\_M<sub>0</sub>; 03. BSM<sub>0</sub>: BRS Supremo\_M<sub>0</sub>; 04. BHM<sub>0</sub>: BRS Horizonte\_M<sub>0</sub>; 05. PEM<sub>1</sub>' : Pérola\_M<sub>1</sub>'; 06. IUM<sub>1</sub>' : IPR Uirapuru\_M<sub>1</sub>'; 07. BSM<sub>1</sub>' : BRS Supremo\_M<sub>1</sub>'; 08. BHM<sub>1</sub>' : BRS Horizonte\_M<sub>1</sub>'; 09. PEM<sub>2</sub>' : Pérola\_M<sub>2</sub>'; 10. IUM<sub>2</sub>' : IPR Uirapuru\_M<sub>2</sub>'; 11. BSM<sub>2</sub>' : BRS Supremo\_M<sub>2</sub>'; 12. BHM<sub>2</sub>' : BRS Horizonte\_M<sub>2</sub>'; 13. PEM<sub>4</sub>' : Pérola\_M<sub>4</sub>'; 14. IUM<sub>4</sub>' : IPR Uirapuru\_M<sub>4</sub>'; 15. PEM<sub>5</sub>' : Pérola\_M<sub>5</sub>'; 16. IUM<sub>5</sub>' : IPR Uirapuru\_M<sub>5</sub>'; 17. PEM<sub>6</sub>' : Pérola\_M<sub>6</sub>'; 18. IUM<sub>6</sub>' : IPR Uirapuru\_M<sub>6</sub>'; 19. PEM<sub>7</sub>' : Pérola\_M<sub>7</sub>'; 20. IUM<sub>7</sub>' : IPR Uirapuru\_M<sub>7</sub>'.

Dessa forma, o emprego da indução recorrente a mutação, evidenciou seu efeito com diferenças entre os quatro genótipos em gerações distintas, sendo eficiente na alteração da

magnitude da variabilidade genética. Independente da constituição genética, a indução recorrente a mutação ocasionou o aumento da variabilidade genética com maior ocorrência nas gerações avançadas. Nas gerações iniciais também ocorreu um aumento de variabilidade genética, porém inferior ao alcançado pelas gerações avançadas. Por exemplo, a população Pérola\_M<sub>2</sub>' apresentou variação genotípica para os caracteres estatura (13%) e inserção do primeiro legume (50%), já nas gerações avançadas, com destaque a geração M<sub>6</sub>', os mesmos caracteres apresentaram valores genotípicos superiores em comparação com a geração M<sub>2</sub>'. Desse modo, o agente mutagênico físico, por meio da indução recorrente a mutação possibilitou incremento de características de interesse agrônomo entre as populações e gerações avaliadas. No geral, nas populações com maior índice de homozigose, que correspondem as gerações avançadas, submetidas a uma nova indução a mutação, como por exemplo M<sub>6</sub>', M<sub>7</sub>', houve maior efeito para os caracteres estudados e conseqüentemente aumento de variabilidade genética, que pode ter sido causado por uma alteração em um grupo gênico de grande expressão, sendo denominada como macromutação. Já nos mesmos genótipos em gerações iniciais, que apresentam maior nível de heterozigose, a mutação recorrente não resultou em grandes alterações, o que significa que o efeito da mutação recorrente é expressado de forma promissora nas gerações avançadas (GREGORY, 1967; CHANDHANAMUTTA & FREY, 1974).

De modo geral, o presente estudo fez o uso da indução recorrente a mutação para agregar características de interesse nas populações mutantes, as gerações que obtiveram maior incremento nos caracteres avaliados, foram as gerações M<sub>5</sub>', M<sub>6</sub>' e M<sub>7</sub>', indicando que a indução recorrente a mutação foi eficaz em populações com maior índice de homozigose. Segundo Fehr (1987), existe uma alta proporção de locos heterozigotos nas populações mutantes que acarretam no estabelecimento de variabilidade genética no decorrer das gerações. Desse modo, ao iniciar um programa de melhoramento para populações induzidas a mutação, deve-se reduzir a intensidade de seleção.

Dessa maneira, o uso da indução recorrente a mutação, elucida a ocorrência de diferenças significativas entre suas populações com níveis de homozigose, apresentando resultados promissores nas gerações avançadas. Segundo Melo (2017), a seleção apresenta variação em decorrência da variabilidade genética empregada no início do programa de melhoramento. Contudo, as alterações ocasionadas pela indução recorrente a mutação recorrente, indicam a possibilidade de obtenção de variabilidade genética pelo emprego de agentes mutagênicos, tornando possível a alteração de uma ou mais características desejáveis,

com o intuito de melhorar as cultivares existentes e desenvolver novos genótipos (MALUSZYNSKI et al., 1998).

## 2.5 CONCLUSÃO

O efeito da indução recorrente a mutação, possibilitou o incremento das características de interesse agrônômico em todas as gerações estudadas. Porém, para os caracteres estatura, diâmetro do caule e inserção do primeiro legume, a variação genotípica foi maior na geração  $M_6'$ , para o genótipo Pérola. Já para a variável número de grãos por planta, o genótipo IPR Uirapuru na geração  $M_7'$  foi o único que expressou variância genotípica para esse caráter. Com isso, a melhor geração para recorrer a indução recorrente a mutação foram as gerações  $M_6'$  e  $M_7'$ .

### **3. EFICIÊNCIA DOS MÉTODOS DE INDUÇÃO A VARIABILIDADE GENÉTICA PARA O SISTEMA RADICULAR E SUA ASSOCIAÇÃO COM O RENDIMENTO DE GRÃOS**

#### **3.1 RESUMO**

Caracteres da parte aérea e do sistema radicular do feijão são importantes para a seleção de genótipos de feijão mais produtivos, estáveis e resistente à seca. Com isso, métodos como a mutação induzida e a hibridação artificial, podem ser usados visando a criação de variabilidade genética em programas de melhoramento. O objetivo do trabalho foi comparar os métodos de criação de variabilidade genética por indução de mutação química, física e hibridação artificial para o sistema radicular e caracteres da parte aérea do feijão. Para tanto, foram utilizadas sete populações de feijão, sendo duas fixas, duas submetidas ao agente mutagênico químico (EMS), duas expostas ao agente mutagênico físico (raios gama -  $^{60}\text{Co}$ ) e uma originada da hibridação entre as populações fixas. A discriminação das populações foi realizada por meio do parcelamento de variância para cada um dos tratamentos. Adicionalmente foi realizada a análise de trilha, para medir o efeito direto e indireto dos caracteres avaliados sobre o comprimento radicular. Os resultados demonstraram que os genótipos possuem baixa associação entre raiz e parte aérea. Os caracteres que apresentaram maior efeito direto sobre a variável COMP, foram área projetada de raiz, número de pontas de raiz e estatura da planta. Para o caráter raiz, somente o genótipo BAF53\_MF, não expressou variação genotípica para nenhuma variável estudada. Para os caracteres de parte aérea somente o genótipo BAF53\_MF, apresentou variação genotípica para os caracteres número de legumes por planta e número de grãos por planta. Sendo assim, a mutação física apresentou maior incremento de variabilidade genética para o sistema radicular e caracteres de parte aérea, em relação aos demais métodos avaliados.

**Palavras-chave:** etilmetanosulfonato, raios gama -  $^{60}\text{Co}$ , hibridação.

### 3.2 INTRODUÇÃO

A seleção bem sucedida de genótipos superiores, está intimamente associada a ocorrência de variabilidade genética e almeja o melhoramento de características como o rendimento de grãos e arquitetura radicular da planta (ALARD, 1960). Com isso, grande parte dos melhoristas estão com seus trabalhos voltados em manipular geneticamente o sistema radicular das plantas, visando aperfeiçoar a capacidade de absorção de água e nutrientes, como forma de minimizar os efeitos abióticos sobre a produtividade de grãos (DORLODOT et al., 2007). Dessa forma, o desenvolvimento de genótipos de feijão mais adaptados as adversidades abióticas, pode reduzir a oscilação na produtividade de grãos (ROCHA, 2011).

Contudo, o sistema radicular pode ser definido como uma estrutura complexa da planta, sendo resultante da expressão e associação de diferentes componentes. Adicionalmente o caráter possui alta influência ambiental, com isso é necessário conhecer os efeitos que interagem no comportamento do caráter para obter maior eficiência na seleção (KUREK et al., 2001). Por isso, é necessário a obtenção de genótipos capazes de responder as variações edafoclimáticas atribuídas ao sistema radicular e conseqüentemente a sua associação com os componentes do rendimento. Para tanto, os programas de melhoramento fazem o uso de métodos de indução a variabilidade genética, com o intuito de criar e ampliar a variabilidade genética proporcionando a incorporação de características desejadas.

As mutações induzidas são caracterizadas como alterações herdáveis de ordem qualitativa e quantitativa de DNA. A frequência de alelos novos não é significativa pois a taxa de mutações espontâneas é baixa, sendo necessário a indução de mutações, tanto por agentes mutagênicos físicos, como as radiações ionizantes, quanto por agentes mutagênicos químicos, como por exemplo, o produto etilmetanosulfonato (TULMANN NETO; LATADO, 1997). O uso da mutação no melhoramento é utilizado como estratégia para obter ganho de características de maior interesse, com o objetivo de aumentar a produção, preservando características de importância agrônômica como, por exemplo, rendimento de grãos (AHLOOWALIA et al., 2004).

Ao contrário de mutações que causam principalmente alterações na estrutura gênica, que resultam na criação de variabilidade, a hibridação implica em combinações favoráveis de diferentes pais (AHLOOWALIA; MALUSZYNSKI, 2001). É por isso que este método tem sido amplamente utilizado em programas de melhoramento de plantas (DOROSHKOV et al.,

2016; MELO et al., 2016). No entanto, o processo de hibridação é demorado quando aplicado a cultura do feijão. Numerosos indivíduos devem ser hibridados para alcançar o número de sementes necessárias para conduzir as populações segregantes e selecionar recombinantes superiores.

Desse modo, o objetivo desse trabalho foi comparar os métodos de criação de variabilidade genética por indução de mutação química, física e hibridação artificial para o sistema radicular e caracteres de parte aérea de feijão.

### 3.3 MATERIAL E MÉTODOS

#### *3.3.1 Obtenção das constituições genéticas*

No ano de 2018, as sementes dos genótipos BAF53 e BAF07, pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da UDESC, foram separadas para dar início ao experimento. Inicialmente, as sementes desses genótipos foram submetidas a diferentes formas de criação e ampliação da variabilidade genética, mutação física, mutação química e hibridação.

##### **3.3.1.1 Mutação física**

Para a indução a mutação física, foram separadas um total de 100 sementes de cada genótipo. As sementes foram irradiadas com <sup>60</sup>Cobalto, utilizando o aparelho Eldorado-78 da Faculdade de Medicina da UFPel, com rendimento de 54,01 CGy para um campo de 30x30cm, com uma distância foco alvo de 80cm na dose de 200 grays, dando origem às sementes M1. Em seguida foram implantadas na Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), para o avanço de geração M<sub>2</sub>.

##### **3.3.1.2 Mutação química**

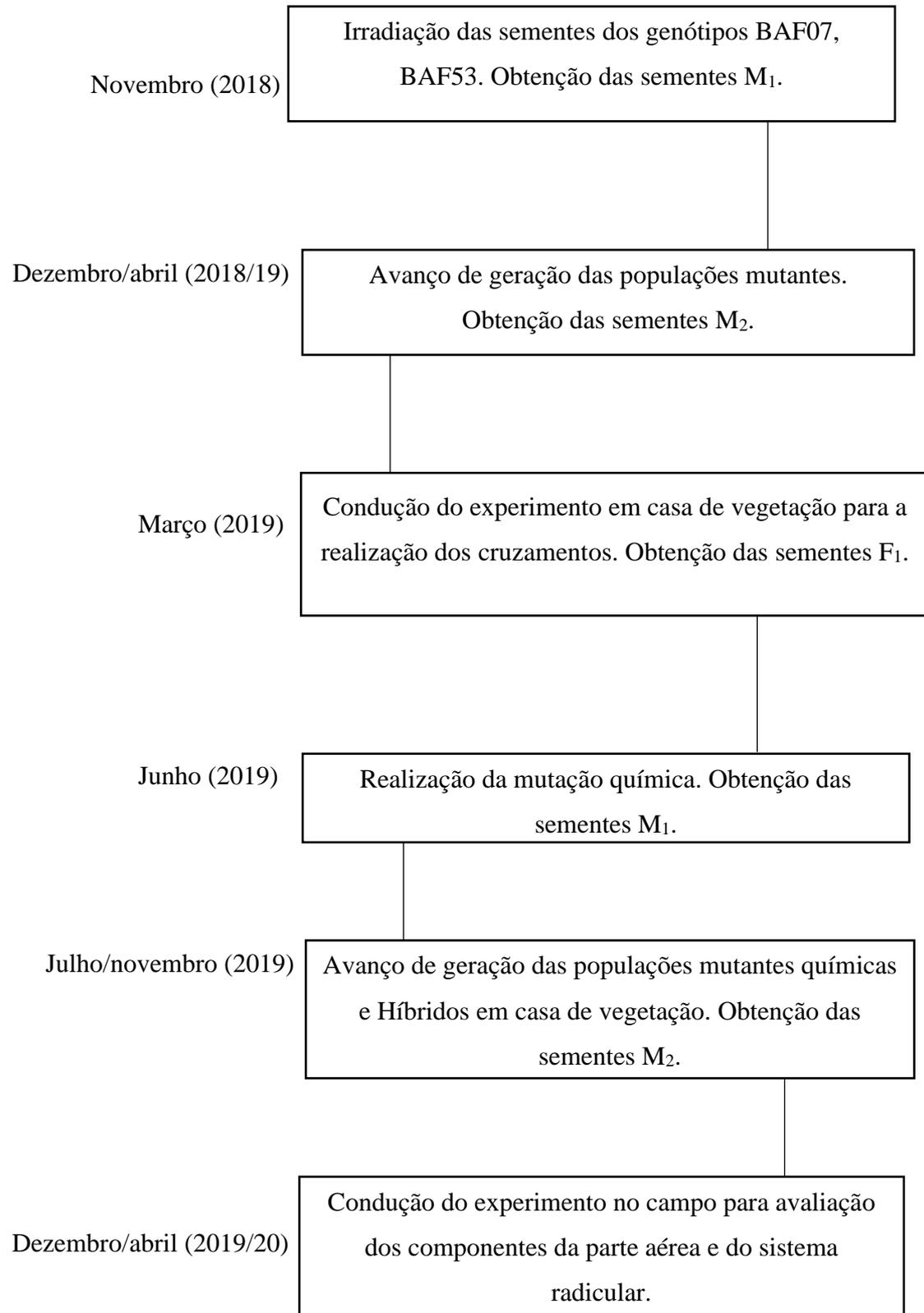
Para a mutação química, foram utilizadas 300 sementes de cada genótipo (BAF53 e BAF07), que inicialmente foram submetidas à assepsia com uma solução de hipoclorito de

sódio a 0,5%. Em seguida foram separadas em sacos de tule para dar início ao processo de embebição, que contou com dois béqueres cada um contendo 1 litro de água destilada, onde permaneceram por duas horas. Durante esse intervalo realizou-se o preparo da solução, que contou com a dose de 0,04L do agente mutagênico químico etilmetanosulfonato misturados a 0,96L de água, totalizando 1L, que é o estabelecido para o feijão segundo o IAEA (Internacional Atomic Energy Agency). A solução foi dividida em dois béqueres, cada um contendo 0,5 L.

Após o período de embebição os sacos contendo as sementes foram transpostos para os béqueres que comportavam a solução trabalho, onde permaneceram por 8 horas. Após o processo, as sementes foram embebidas por duas horas em água destilada e em seguida mais duas horas em água corrente. Com isso, foram obtidas as sementes M1, que em seguida foram semeadas em casa de vegetação, com umidade e temperatura controladas, pertencente ao grupo IMEGEM – Instituto de Melhoramento Genético e Molecular na Universidade do Estado de Santa Catarina, em vasos com capacidade de cinco litros preenchidos com substrato, para a obtenção das populações M2.

### **3.3.1.3 Híbridação**

Os genótipos (BAF07 e BAF53) foram hibridados, para obtenção das sementes híbridas. Os cruzamentos foram realizados em casa de vegetação, com umidade e temperatura controladas na Universidade do Estado de Santa Catarina. Os vasos foram alocados em abril de 2019, com capacidade de cinco litros preenchidos com substrato. Os cruzamentos foram efetuados de acordo com a metodologia descrita por VIEIRA (1967), com a emasculação do botão floral. Foram obtidas a população  $F_1$  do genótipo híbrido BAF07\_BAF53. Após a obtenção das sementes  $F_1$ , estas foram semeadas novamente em casa de vegetação para o avanço de geração  $F_2$ .



**Figura 2.** Esquema de obtenção das populações segregantes originadas a partir da mutação química, mutação física e hibridação.

### 3.3.1 *Condução e delineamento experimental*

Com a obtenção das populações mutantes (BAF53\_MF, BAF07\_MF, BAF53\_MQ, BAF07\_MQ), e do híbrido BAF07\_BAF53, juntamente com os genitores BAF 07 e BAF 53, o experimento foi conduzido em condição de campo, na Universidade do Estado de Santa Catarina, no centro de Ciências Agroveterinárias (UDESC/CAV), localizada na cidade de Lages-SC, cujas coordenadas geográficas são 27° 47' S de latitude 50° 18' W de longitude, com altitude média de 950 m. Com clima classificado segundo Koppen como do tipo Cfb (clima temperado com verão fresco e mesotérmico úmido) e a temperatura média anual é por volta de 14,3°C, com uma precipitação média anual de 1500 mm. O solo no local de estudo é Cambissolo Húmico Alumínio Léptico, com textura argilosa e relevo ondulado. Foi utilizado o delineamento de blocos casualizado com quatro repetições por tratamento. A parcela experimental foi composta por quatro linhas, cada uma com dois metros de comprimento espaçadas a 0,50 m. A densidade de plantas na linha foi 10 plantas por metro linear nas linhas centrais e 5 plantas por metro linear nas linhas externas. A área útil foi constituída pelas duas linhas centrais. Foram avaliadas dez plantas de cada parcela, sendo cinco para as análises do caráter raiz e cinco para os componentes da parte aérea, totalizando 40 plantas por tratamento. O experimento foi conduzido na safra de 2019/20.

### 3.3.2 *Caracteres avaliados*

Quando as plantas atingiram o estágio de maturação (R9), foram colhidas cinco plantas aleatórias de cada parcela, retiradas das linhas centrais. Posteriormente foram transportadas ao laboratório. As características avaliadas foram: estatura de planta (EST) em centímetros; diâmetro de caule (DIC) em milímetros; inserção de primeiro legume (IPL) em centímetros; número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG).

Para a avaliação do sistema radicular, as raízes foram escavadas a 20 cm do colo da planta, com uma profundidade de 30 cm. Após a retirada das raízes, o excesso de solo foi removido. Em seguida foi feita a imersão das raízes em um recipiente com água contendo aproximadamente 0,5% de detergente, e enxaguado apenas com água até a limpeza total das raízes. Após o processo de higienização, as raízes foram acondicionadas em sacos plásticos contendo uma solução de 50% de álcool e 50% de água. Todo o sistema radicular das plantas foi escaneado na impressora Epson Expression 10000 XL e avaliadas com auxílio do programa

WinRhizo Pro (2009). Para o escaneamento, as raízes foram removidas do etanol 50% e imersas em água em uma bandeja transparente fornecida pela Regent Instruments. Os dados foram coletados em cada repetição para as seguintes variáveis: comprimento de raiz (COMP) em centímetros, área projetada de raiz (APRO) em centímetros cúbicos, área superficial de raiz (ASUP) em centímetros cúbicos, relação comprimento/volume (CMVL) em centímetros/metro quadrado e número de pontas (PTS). As análises do sistema radicular foram realizadas em cinco plantas por parcela, retiradas das linhas externas.

### 3.3.3 Análise estatística

Os dados foram submetidos a análises por meio dos procedimentos PROC CORR, SORT e CHART, do programa estatístico SAS UNIVERSITY. Foram estimadas as pressuposições de variância, para todas as populações avaliadas para as populações avaliadas (BAF53, BAF07, BAF53\_MQ, BAF53\_MF, BAF07\_MQ, BAF07\_MF e BAF07\_BAF53). Após a obtenção das estimativas de variância, foi realizado o parcelamento de variância para cada tratamento. Vale ressaltar que as populações fixas BAF53 e BAF07, apresentam apenas variação ambiental, devido ao seu alto índice de homozigose. Sendo assim, a variância genotípica foi obtida da seguinte maneira:

$$VG : VP - VE$$

Sendo:

VG: Variação genotípica;

VE: Variação ambiental (valor atribuído as populações fixas);

VP: Variação fenotípica (valor atribuído as populações segregantes).

Em seguida, o valor obtido da variação genotípica foi dividido pela variação fenotípica. Obtendo assim o valor final da variação genotípica.

$$VG/VP$$

Onde:

VG: Variação genotípica;

VP: Variação fenotípica.

Os valores de variação genotípica foram multiplicados por 100, para a obtenção dos valores genéticos em porcentagem (FALCONER e MACKAY, 1996).

Os dados também foram submetidos à análise de correlação de Pearson, onde foi obtido o grau da associação para cada duas variáveis, através do programa GENES (CRUZ 2001). As correlações fenotípicas foram estimadas pelo método proposto por STEEL & TORRIE (1980), sendo posteriormente analisadas por meio dos efeitos diretos e indiretos através da análise de trilha (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

### 3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As pressuposições obtidas através da análise de trilha dos efeitos diretos e indiretos dos caracteres e suas influências sobre a variável comprimento (COMP), são expressadas na Tabela 2. De acordo com Severino et al. (2002), a identificação entre as características que apresentam alta e baixa correlação com a variável principal, tem como importância averiguar os efeitos direto e indireto que cada variável vai ter em relação a variável básica, para que a seleção indireta seja eficiente.

Os caracteres APRO, PTS, EST, IPL e NG, apresentaram maiores valores de efeito direto para a variável COMP. Porém, as variáveis APRO, ASUP, CMVL e PTS, obtiveram os maiores coeficientes de correlação com a variável básica COMP.

As variáveis ASUP e CMVL, apresentaram efeito direto negativo (-0,92; -0,76, respectivamente) sobre o COMP. Porém, apresentaram altos e positivos valores de correlação e muito próximos a um (0,95; 0,99, respectivamente). As variáveis que influenciaram nesses coeficientes de correlação para a ASUP foram, APRO (2,49), PTS (0,29) e IPL (0,006). Para o CMVL foram, APRO (2,31), PTS (0,30), EST (0,002) e IPL (0,005), o que significa que a seleção pautada nos caracteres ASUP e CMVL, não colaboram com ganhos satisfatórios para a variável COMP. Sendo assim, é indicado como estratégia, a seleção das variáveis que estão ligadas a efeitos indiretos significativos, ou seja, a seleção combinada (COIMBRA et al., 1999; OLIVEIRA et al., 2010).

Com relação ao efeito direto das variáveis relacionadas a parte aérea, o caráter DIC apresentou valor negativo (-0,16) sobre o COMP, porém expressou efeito de correlação positivo (0,014). Embora o valor de correlação tenha sido baixo, as variáveis que contribuíram para esse resultado foram APRO (0,08), PTS (0,03), EST (0,02), NL (0,001) e NG (0,08). Subbarao et al. (1995), em um trabalho sobre deficiência hídrica, verificou correlação negativa entre a raiz e parte aérea. O que pode ser dado a ocorrência de estresse hídrico em que as plantas estavam acometidas, com isso, tendem a reservar fotoassimilados no sistema radicular, causando uma redução da parte aérea. Nessas circunstâncias, as plantas desenvolvem o sistema radicular como

um recurso para a adaptação com o intuito de melhorar a absorção de água (SCALON et al., 2011; GONÇALVES, 2013).

Em contrapartida, alguns dos caracteres apresentaram efeitos diretos e coeficientes de correlações positivos, são eles, APRO (2,49), PTS (0,40), EST (0,80) e IPL (0,07), evidenciando que essas variáveis estão no mesmo sentido com o comprimento, indicando que esses caracteres estão associados entre si. Sendo assim, é necessário levar em consideração essas variáveis para o aumento do comprimento radicular. Por outro lado, as variáveis NL e NG, revelaram efeito direto positivo (0,002; 0,16, respectivamente), e correlação negativa (-0,09, -0,02), com isso, essas variáveis também estão no mesmo sentido que a variável comprimento. Velho (2016), trabalhando com análise de trilha em feijão, observou que as variáveis da parte aérea se correlacionaram positivamente com a distribuição radicular. Corroborando com os resultados encontrados por Toaldo (2012), que em um estudo sobre correlação da distribuição radicular com a parte aérea, constatou que a variável estatura apresentou maior efeito direto sobre a distribuição radicular.

**Tabela 2.** Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos caracteres estatura da planta (EST), diâmetro do caule (DIC), inserção do primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NL), número de grãos por planta (NG), área projetada de raiz (APRO), área superficial de raiz (ASUP), relação comprimento volume de raiz (CMVL), número de pontas de raiz (PTS), sobre a variável comprimento radicular (COMP), em populações fixas e segregantes de feijão. UDESC – IMEGEM, Lages, SC, 2020.

VARIÁVEL	E. DIRETO	E. INDIRETO		E. CORR
		RAIZ	P. AÉREA	
APRO	2,49967	ASUP (-0,92532) CMVL (-0,7105) PTS (0,29233)	EST (-0,0044) DIC (-0,0055) IPL (0,0065) NL (-0,0004) NG (-0,0127)	0,92532
ASUP	-0,92532	APRO (2,4996) CMVL (-0,7105) PTS (0,29233)	EST (-0,0044) DIC (-0,0055) IPL (0,0065) NL (-0,0004) NG (-0,0127)	0,92532
CMVL	-0,76787	APRO (2,3131) ASUP (-0,8562) PTS (0,3090)	EST (0,0026) DIC (-0,0026) IPL (0,0059) NL (-0,0002) NG (-0,0043)	0,99945
PTS	0,40465	APRO (1,8058) ASUP (-0,6684) CMVL (-0,5865)	EST (0,0092) DIC (-0,0140) IPL (0,0014) NL (-0,0002) NG (-0,0112)	0,76374
EST	0,80624	APRO (-0,1368) ASUP (0,0506) CMVL (-0,0255) PTS (0,0463)	DIC (-0,0446) IPL (-0,0224) NL (0,0015) NG (0,0875)	0,02956
DIC	-0,16116	APRO (0,0860) ASUP (-0,0318) CMVL (-0,0128) PTS (0,0352)	EST (0,0223) IPL (-0,0121) NL (0,0017) NG (0,0875)	0,01489
IPL	0,07188	APRO (0,2280) ASUP (-0,0844) CMVL (-0,0640) PTS (0,0079)	EST (-0,0251) DIC (0,0273) NL (-0,0009) NG (0,1457)	0,08319
NL	0,00291	APRO (-0,3484) ASUP (0,1289) CMVL (0,0677) PTS (-0,0298)	EST (0,0427) DIC (-0,0967) IPL (-0,0253) NG (0,1457)	-0,09067
NG	0,16449	APRO (-0,1932) ASUP (0,0715) CMVL (0,0202) PTS (-0,0277)	EST (0,0428) DIC (-0,0895) IPL (-0,0253) NL (0,0025)	-0,02815
COEFICIENTE DE DETERMINAÇÃO				0,9994
EFEITO RESIDUAL				0,0233

Fonte: Elaborado pelo autor, 2020.  $H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_x$   $H_a: \mu_1 \neq \mu_2 \neq \dots \neq \mu_x$ .

E. DIRETO: Efeito direto, E. INDIRETO: Efeito indireto, E. CORR: Efeito de correlação.

Os valores de variância genotípica para os caracteres do sistema radicular estão inseridos na Tabela 3. As populações BAF53 e BAF07, são consideradas fixas, por não segregarem, devido a sucessivas autofecundações, apresentando um índice de homozigose elevado. Portanto, essas populações expressam, somente variação ambiental. Com isso, os valores de variância genotípico podem ser quantificados para as quatro populações mutantes e para a população híbrida.

Dessa forma, o genótipo BAF 53\_MQ, apresentou valores de variância genotípicos para todos os caracteres do caráter raiz, 28% de variação genética para a variável comprimento de raiz; 45% para área projetada de raiz, 45% para área superficial de raiz, 29% para relação comprimento volume e 6% para número de pontas de raiz. Em contrapartida, o genótipo BAF53\_MF, não apresentou variação genotípica para nenhuma variável do sistema radicular. O que significa que a mutação química possibilitou aumento de variabilidade genética para genótipo BAF53 para todos os caracteres do caráter raiz, diferindo da indução a mutação física.

Os genótipos BAF07\_MQ e BAF07\_MF, expressaram resultados promissores de acordo com a variância genotípica. Porém, o genótipo BAF07\_MF, destaca-se por apresentar valores de variância genotípica para todas as variáveis, apresentando 48% de variância genotípica para a variável comprimento de raiz, 51% para as variáveis área projetada de raiz e área superficial de raiz, 48% para relação comprimento volume e 72% de variação genética para número de pontas de raiz. O genótipo BAF07\_MQ também apresentou variância genotípica para todos os caracteres, com exceção da variável CMVL. Porém, observa-se que a indução a mutação física para o genótipo BAF07, apresentou um aumento de variabilidade genética para o caráter raiz, em relação ao genótipo BAF07\_MQ, que apesar de ter apresentado resultados promissores para as variáveis, com 79% de variação genotípica para o comprimento de raiz, 6% para área projetada, 5% para área superficial e 34% para número de pontas de raiz, esses, com exceção do caractere comprimento de raiz, foram mais baixos do que os valores atribuídos ao genótipo BAF07\_MF.

No que se refere ao híbrido BAF07\_BAF53, é possível afirmar que esse genótipo apresentou 52% de variação genotípica para as variáveis comprimento de raiz e relação comprimento volume de raiz e 49% de variação genotípica para os caracteres área projetada de raiz e área superficial de raiz. Apenas para a variável número de pontas de raiz, que o genótipo BAF07\_BAF53, não apresentou variação genotípica. Dessa forma, observa-se que para o caráter raiz, os genótipos responderam de maneira distinta aos métodos de indução a variabilidade genética. Porém, todas as fontes de indução a variabilidade genética foram eficientes na incrementação de características de interesse, com exceção da mutação física para

o genótipo BAF53, que não apresentou variação genética para nenhuma característica do sistema radicular.

**Tabela 3.** Estimativas de variância genotípica em porcentagem para os caracteres do sistema radicular. Comprimento de raiz (COMP), área projetada de raiz (APRO), área superficial de raiz (ASUP), relação comprimento volume de raiz (CMVL) e número de pontas de raiz (PTS), para as populações fixas e segregantes de feijão. UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2020.

Tratamento	COMP	APRO	ASUP	CMVL	PTS
	VARIÂNCIA GENOTÍPICA (%)				
01. BAF53	0	0	0	0	0
02. BAF07	0	0	0	0	0
03. BAF53_MQ	28	45	45	29	6
04. BAF53_MF	0	0	0	0	0
05. BAF07_MQ	79	6	5	0	34
06. BAF07_MF	48	51	51	48	72
07. BAF07_BAF53	52	49	49	52	0

Fonte: elaborado pela autora, 2020. MQ: mutação química; MF: mutação física.

Com relação aos caracteres da parte aérea, estatura (EST), diâmetro do caule (DIC), inserção do primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG), (Tabela 4), os resultados reafirmam a eficiência das fontes de indução a variabilidade genética no incremento dos caracteres de interesse agrônomico. Como mencionado anteriormente, as populações fixas exibem apenas variação ambiental.

Ao contrário dos resultados atribuídos para o caráter raiz, os componentes da parte aérea, diferiram do que foi analisado anteriormente. O genótipo BAF53\_MQ, apresentou 5% de variação genotípica para o caráter raiz, os demais caracteres não apresentaram variação genotípica. Porém, o genótipo BAF53\_MF, expressou variação genotípica para as variáveis, estatura com 90% de variação genética, 64% para inserção do primeiro legume, 87% para número de legumes por planta e 5% para número de grãos por planta. Os genótipos BAF07\_MQ e BAF07\_MF, apresentaram variação genotípica para os caracteres, estatura (61% e 60%, respectivamente) e inserção do primeiro legume (2% e 34%, respectivamente). Para a variável diâmetro do caule, apenas o genótipo BAF07\_MF, apresentou variação genotípica, correspondente a 17%. Para os demais caracteres (número de legumes por planta e número de grãos por planta), ambos genótipos apresentaram variação genética. O híbrido BAF07\_BAF53, apresentou variação genotípica apenas para as variáveis estatura e inserção do primeiro legume, correspondentes a 68% e 27%, respectivamente.

Os resultados inseridos na Tabela 4, a partir das estimativas de variação genotípica, pode-se observar que as alterações causadas pelos métodos de indução a variabilidade genética não coincidem com os resultados inseridos na Tabela 3. A mutação química para o genótipo BAF53, expressou um incremento significativo para as variáveis do sistema radicular, porém só apresentou variação genética a variável número de legumes por planta, os demais componentes de parte aérea não apresentaram variação genotípica. A mutação física para o genótipo BAF53, não expressou variação genética para nenhum dos caracteres do sistema radicular, porém apresentou um incremento expressivo para as variáveis de parte aérea. O mesmo aconteceu para os genótipos BAF07 a partir da mutação química, física e hibridação, que apresentou ganhos satisfatórios de variabilidade genética para apenas para o caráter raiz. No que se refere aos caracteres de parte aérea, algumas variáveis apresentaram variação genética, porém, o incremento de variabilidade genética foi superior para o caráter raiz.

**Tabela 4.** Estimativas de variância genotípica em porcentagem para os caracteres de parte aérea de raiz. Estatura (EST); diâmetro do caule (DIC); inserção do primeiro legume (IPL); número de legumes por planta (NL) e número de grãos por planta (NG), para as populações fixas e segregantes de feijão. UDESC – IMEGEM, Lages, SC, 2020.

Tratamento	EST	DIC	IPL	NL	NG
	VARIÂNCIA GENOTÍPICA (%)				
01. BAF53	0	0	0	0	0
02. BAF07	0	0	0	0	0
03. BAF53_MQ	0	0	0	5	0
04. BAF53_MF	90	0	64	87	5
05. BAF07_MQ	61	0	2	0	0
06. BAF07_MF	60	17	34	0	0
07. BAF07_BAF53	68	0	27	0	0

Fonte: elaborado pela autora, 2020. MQ: mutação química; MF: mutação física.

As análises de dados realizadas a partir das Tabelas 3 e 4, permitem ressaltar que a indução aos agentes mutagênicos foi eficaz na ampliação da variabilidade genética para a maioria dos caracteres estudados, variando de acordo com a resposta fisiológica de cada genótipo avaliado, sendo assim, a indução a mutação pode ser vista com um método efetivo para o incremento de características do sistema radicular e dos componentes do rendimento. (TANAKA et al. 2010).

É possível destacar que os genótipos BAF07\_MF e BAF53\_MQ, obtiveram resultados satisfatórios na maioria das variáveis observadas para o caráter raiz, comprovando a eficiência

dos agentes mutagênicos físico e químico na criação de novos alelos a partir da indução a mutação, proporcionando variação para as características do sistema radicular e de parte aérea. Cada população mutante responde de uma maneira, que depende da interação complexa entre a constituição genética e o agente mutagênico (AHLOOWALIA & MALUSZYNSKI 2001).

Muitos fatores influenciam a resposta da população mutante, como por exemplo o número de autofecundações e o efeito do ambiente disponibilizado em cada ano agrícola. A mutação é uma fonte de variabilidade genética que pode criar alelos, podendo ser de caráter recessivo e deletérios, que resultam em níveis diferentes de heterozigose entre e dentro dos genótipos. Desse modo, as diferenças de alelos em homozigose podem ser ocultadas pelos efeitos de dominância e sobredominância (CHARLESWORTH & WILLIS 2009).

Rocha (2011) e Almeida (2011), em estudos sobre distribuição radicular, afirmaram que o uso de mutação gera perspectivas positivas para o caráter raiz, evidenciando um possível sucesso no incremento radicular nas camadas de solo, e conseqüentemente obtêm-se um genótipo capaz de responder a condições edafoclimáticas. É interessante destacar que o desenvolvimento radicular é uma das características primordial para o desenvolvimento das plantas, contribuindo diretamente no aumento da produção de diversas culturas (HERDER et al., 2010).

Outro fator de grande interesse nos programas de melhoramento é a ampliação da variabilidade para os caracteres adaptativos, como por exemplo, aumento no diâmetro do caule para que a planta consiga suportar a produtividade dos legumes e na inserção do primeiro legume para facilitar o processo de colheita mecanizada. Por isso, é necessário um equilíbrio entre as características que compõe um genótipo promissor, para alavancar a produtividade de grão, levando em consideração os caracteres adaptativos e o sistema radicular, ou seja todas as características associadas (BAENZIGER et al., 2006); (CECCARELLI, 2015); (ROCHA et al., 2009). Dessa maneira, a atuação do melhorista é imprescindível para seleção e criação de genótipos que exibem características favoráveis para a cultura do feijão. Tendo em vista que a variabilidade genética é indispensável em programas de melhoramento, o uso da mutação induzida é apontado como uma alternativa de incremento na ampliação da variabilidade, assim como a hibridação (BROCK, 1971).

No que se refere ao híbrido BAF07\_BAF53, é importante ressaltar que a escolha dos pais não foi por acaso. Grigolo (2018), realizou um estudo sobre a presença de heterose no sistema radicular, e constatou que o cruzamento entre pais contrastantes ocasionaria em um

genótipo promissor. Na literatura é destacado que para a espécie *Phaseolus vulgaris L.*, o isolamento geográfico, combinado com diferentes solos, fatores bióticos e abióticos correlacionados com distintas condições climáticas, ocasionaram na distinção do desenvolvimento de dois grupos gênicos diferentes, Andino e Mesoamericano, que apresentam divergências em características estudadas. Com isso a escolha de genitores apresentando características distintas propicia uma junção de caracteres abrangendo dois grupos distintos com a intenção de desenvolver um genótipo promissor (SCHMUTZ et al., 2014).

É possível observar que o desempenho do híbrido estudado BAF07\_BAF53, apresentou variação genotípica para a maioria das variáveis. Porém, a hibridação alcançou resultados promissores para o sistema radicular, diferindo das variáveis correspondentes a parte aérea, o que significa, que nem sempre um genótipo que apresente maior variabilidade genética para o caráter raiz, vai apresentar maior produtividade. O contraste entre em genitores foi de grande importância para a ampliação dessas características. De acordo com Shull (1908), a disparidade genética é um fator de grande importância a ser utilizado na hibridação, podendo resultar na expressão da heterose para os caracteres avaliados. Porém, nem todas as combinações contrastantes para um híbrido apresentam heterose, devido ao baixo índice de locos heterozigotos. Por sua vez, a heterose tem como base genética as teorias da dominância e sobredominância, que correspondem a presença de alelos divergentes em um mesmo loco como resultado da hibridação entre grupos contrastantes (DAVENPORT, 1908); (BRUCE, 1910); (KEEBLE E PELLEW 1910).

De maneira geral, a partir dos resultados denotados nas Tabelas 3 e 4, pode-se perceber que os métodos de indução a variabilidade genética, utilizando a indução química de mutação, a indução física de mutação e hibridação, aumentaram a ocorrência de locos heterozigotos e consequentemente expressaram variabilidade genética para as populações estudadas. Resultados que corroboram com Coimbra et al., (2005), que em um estudo com aveia, afirmou que a utilização do agente mutagênico foi eficaz nas alterações de frequências alélicas e genotípicas. Já Barbosa Neto, Canci, Carvalho (1997), afirmaram que o uso da hibridação proporcionou ampliação da variabilidade genética associada as variáveis estudadas. Vale ressaltar a importância do uso dos agentes mutagênicos e da hibridação como forma de incrementar as características que precisam ser melhoradas geneticamente. Rocha et al., (2009), afirmou que o uso do agente mutagênico pode ampliar os caracteres de interesse agrônomo, facilitando ou acelerando o processo de seleção e o lançamento de uma cultivar.

### 3.5 CONCLUSÃO

Dentre os resultados obtidos, a partir dos métodos de criação de variabilidade genética, a mutação física apresentou maior incremento de variabilidade genética para o sistema radicular e caracteres de parte aérea, em relação aos demais métodos avaliados.

#### 4. REFERÊNCIAS

AHLOOWALIA , B.S.; MALUSZINSKY, M. Induced mutations: a new paradigm in plant breeding. **Euphytica**, v.119, n.2, p.67-173, 2001.

AHLOOWALIA, B. S.; Maluszynski, M.; Nichterlein, K. 2004. Global impact of mutation-derived varieties. **Euphytica**, 135 (2): 187- 204.

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 3. ed. Nova York: J. Wiley, 1960. 485p, 1960.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. 2.ed. New York: J. Wiley, 1999. 254p.

ALMEIDA, Carmelice Boff. **Distribuição radicular e tempo de cocção em populações mutantes de feijão**. 2011. 47 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Lages, SC. 2011.

BAENZIGER, P. S. et al. Improving lives: 50 years of crop breeding, genetics, and cytology (C-1). **Crop Science**, v. 46, p. 2230-2244, 2006.

BORÉM, A. MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Editora UFV, 5 ed. 2009.

BROCK, R.D. The role of induced mutations in plant improvement. **Radiation Botany**, v. 11, n. 3, p. 181-196, 1971.

BRUCE, A. B. The mendelian theory of heredity and the argumentation of vigour. **Science**, Washington, v.32, p.627-628, nov. 1910.

CANCI, PC; BARBOSA NETO, JF; CARVALHO, FIF de. Implementação da seleção recorrente no melhoramento de plantas autógamas através da esterilidade macho. **Ciência Rural** , v. 27, n. 3, p.505-512, 1997.

CAROVIC-STANKO, K. et al. Genetic Diversity of Croatian Common Bean Landraces. **Frontiers in Plant Science**, v. 8. n, april, p. 1-8, 2017.

CECCARELLI, S. Efficiency of plant breeding. **Crop Science**, v. 55, p. 87-97, 2015.

CHANDHANAMUTTA, P.; Frey, K. J. 1974. Spontaneous and induced mutation rates in di-, tetra-, and hexaploid oats (*Avena* sp.). **Radiation Botany**, 15: 279-289.

CHARLESWORTH D & WILLIS JH. 2009. The genetics of inbreeding depression. **Nature Reviews Genetics** 10: 783-796.

CHEAH, Ch; LIM, ES **Mutagênese aplicada ao melhoramento de *Phaseolus vulgaris* como leguminosa de grãos na Malásia** . 1982.

CHEN, Z.J. Genomic and epigenetic insights into the molecular bases of heterosis. **Nature Review Genetic**, London, v. 14, p. 471–482, jun. 2013.

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

COIMBRA, J. L. M. 2004. **Fundamentos do SAS aplicados a experimentação agrícola**. UFPel, Pelotas, Brasil, 246pp.

COIMBRA, J. L. M. et al. Doses de raio gama na cultura da aveia: estatura de planta. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 11, n. 3, p. 305-308, 2005.

COIMBRA, J. L. M. et al. Doses de raio gama na cultura da aveia: estatura de planta. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 11, n. 3, p. 305-308, 2005.

CRUZ, C.D. Programa GENES – Versão Windows, aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: **UFV**, 2001. 648p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 4ª ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v. 1, p. 179-181, 2012.

DAVENPORT, C.G. Degeneration, albinism and inbreeding. **Science**, v.28, p.454- 455, 1908.

DORLODOT, S.; FORSTER, B.; PAGÈS, L.; PRICE, A.; TUBEROSA, R.; DRAYE, X. Root system architecture: opportunities and constraints for genetic improvement of crops. **Plant Science**, v.12, n.10, p.474-481, 2007.

DOROSHKOV, A. V. *et al.* Interactions between leaf pubescence genes in bread wheat as assessed by high throughput phenotyping. **Euphytica**, v. 207, p. 491-500, 2016.

ELIAS, H.T. **Caracterização da variabilidade genética em germoplasma tradicional de Feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) coletado em Santa Catarina**. 2007. 141p. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

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

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

FILIPPETTI, A.; PACE, C. de. Genetic parameters and selection in *Vicia faba* L. 7: Variability in *Vicia faba* minor x *Vicia faba* major progenies. **Genetica Agraria (Italy)**, 1984.

GAUL, H. Mutations in plant breeding. **Radiation Botany**, v. 4, n. 3, p. 155-158, 1964.

GREGORY, W. C. Mutation breeding. In: FREY, K. J. **Plant breeding**. Ame, USA: Iowa State University, 1967. p.189-217.

GONÇALVES, J.G.R. **Identificação de linhagens de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) tolerantes à seca**. 2013. Tese (Doutorado em Agricultura Tropical e Subtropical) – Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 2013.

GRIGOLO, Sibila. **Heterose no caráter distribuição radicular em feijão**. 2018. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal). Universidade do Estado de Santa Catarina, Programa Pós-graduação em Ciências Agrárias, Lages, 2018.

HERDER, G.D.; ISTERDAEL, G.V.; BEECKMAN, T.; De SMET, I. The roots of a new green revolution. *Trends in Plant Science*, v. 15, n. 11, p. 600-607, 2010.

KEEBLE, F. & PELLEW, C. The mode of inheritance of stature and time of flowering in peas. *Genetics*, Austin, v.1, p.47-56, nov. 1910.

KUREK A. J. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. *Revista Brasileira de Agrociência*, v.7, p.29-32, 2001.

LYNCH, J.P. Roots of the Second Green Revolution. *Australian Journal of Botany*, v.55, p. 493–512, 2007.

MALUSZYNSKI, M. Crop realce de germoplasma através de técnicas de mutação. In: **Proceedings of the International Symposium on Rice Germplasm Evaluation and Enhancement**. AAES Special Reports, Arkansas, EUA . 1998. p. 74-82.

MELO, R. C. et al. Heterozygosity level and its relationship with genetic variability mechanisms in beans. *Revista Ciência Agrônômica*, v. 48, n. 3, p. 480-486, 2017.

MELO, R. C. et al. Heterozygosity level and its relationship with genetic variability mechanisms in beans. *Revista Ciência Agrônômica*, v. 48, n. 3, p. 480-486, 2017.

MELO, R. C. *et al.*, Genetic variation in the trait root distribution over segregating generations of common bean. *Euphytica*, v. 207, p. 665-674, 2016.

MESQUITA, F. R.; CORRÊA, A. D.; ABREU, C. M. P.; LIMA, R. A. Z.; ABREU, A. F. B. Linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.): composição química e digestibilidade protéica. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, n. 4, p. 1114-1121, 2007.

MIGUEL A., et al. Basal root whorl number: a modulator of phosphorus acquisition in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Annals of Botany**, p. 1-10, 2013.

OLIVEIRA, E.J. et al. Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 45, n. 8, p. 855- 862, 2010.

RAMALHO, M.A.P. et al. **Genética Quantitativa em Plantas Autógamas: Aplicações ao Melhoramento do Feijoeiro**. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 1993. 271p.

REYES-MATAMOROS, J. et al. Efecto del estrés hídrico en plantas de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en condiciones de invernadero. **Revista Iberoamericana de Ciencias**, v. 1, n. 2, p. 193–203, 2014.

REYES-MATAMOROS, J. et al. Efecto del estrés hídrico en plantas de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en condiciones de invernadero. **Revista Iberoamericana de Ciencias**, v. 1, n. 2, p. 193–203, 2014.

REYNOLDS-HENNE, C., et al. Interactions between temperature, drought and stomatal opening in legumes. **Environmental and experimental botany**, v. 68, n. 1, p. 37-43, 2010.

ROCHA, F. et al. Seleção em populações mutantes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para caracteres adaptativos. **Biotemas**, v. 22, n. 2, p. 19-27, 2009.

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.

ROSADO, R.D.S.. **Caracterização do sistema radical do feijoeiro e seu uso no melhoramento genético**.2012. 92 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT**: user's guide version 9.2. Cary: SAS Institute, 2009.

SCALON, Silvana de Paula Quintão et al. Estresse hídrico no metabolismo e crescimento inicial de mudas de mutambo (*Guazuma ulmifolia* Lam.). **Ciência Florestal**, v. 21, n. 4, p. 655-662, 2011.

SCHMUTZ, J. et al. A reference genome for common bean and genomw-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, New York, v. 46, p. 707-713, jul.2014.

SEIDEL, S.J., et al. Modeeling the impact of drought and heat stress on common bean with two different photosynthesis model approaches. **Environmental and experimental botany**, v. 81, p. 111-121, 2016.

SEVERINO, L.S. et al. Associação da produtividade com outras características agronômicas de café (*Coffea arabica* L. "Catimor"). **Acta Scientiarum Agronomy**, v.24, p.1467-1471, 2002.

SHULL, G.H. The composition of a field of maize. **Journal Heredity**, Cary, v.4, p.296-301, jan.1908.

SJÖDIN, J. A. N. Induced morphological variation in *Vicia faba* L. **Hereditas**, v. 67, n. 2, p. 155-179, 1971.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and producers of statistics: a biometrical approach**. 2. ed. New York: McGraw-Hill, p. 631, 1980.

SUBBARAO, GV et al. Estratégias para melhorar a resistência à seca em leguminosas de grão. **Revisões críticas em ciências de plantas** , v. 14, n. 6, pág. 469-523, 1995.

TANAKA A et al. 2010. Studies on biological effects of ion beams on lethality, molecular nature of mutation, mutation rate, and spectrum of mutation phenotype for mutation breeding in higher plants. **Journal of Radiation Research** 51: 223–233.

TEVINI, Manfred; TERAMURA, Alan H. UV-B effects on terrestrial plants. **Photochemistry and Photobiology**, v. 50, n. 4, p. 479-487, 1989.

TOALDO, Diego. **Melhoramento do sistema radicular do feijão visando tolerância a deficiência hídrica**. 2012. 59 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Lages, SC.2012.

TULMANN NETO, A.; LATADO, R.R. Indução de mutação *in vivo* no melhoramento de crisântemo (*Dendranthema grandiflora* Tzvelev) cv. ‘Repin Rosa’. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, n.11, p.1153-1158, 1997.

VELHO, Luis Paulo Saraiva. **Variabilidade genética para os componentes da parte aérea associados com ampla distribuição radicular na cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2016. 65 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Lages, SC, 2016.

VIEIRA, C. O Feijoeiro comum: cultura, doenças e melhoramento. **Imprensa universitária, UFV**, Viçosa, 1967 220 p.

VIEIRA, R. F.; CARNEIRO, J.E.S.; LYNCH, J.P. Root traits of common bean genotypes used in breeding programs for disease resistance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 6, p. 707-712, jun. 2008.