

## **CARÁTER DISTRIBUIÇÃO RADICULAR E SUA IMPLICAÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS**

Rita Carolina de Melo<sup>1</sup>, Altamir Frederico Guidolin<sup>2</sup>, Arthur Zanferari<sup>3</sup>, João Pedro Fossa Bernardy<sup>3</sup>,  
Tatiane da Rocha Cardoso<sup>3</sup>, Paulo Henrique Cerutti<sup>3</sup>, Jefferson Luís Meirelles Coimbra<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Acadêmica do Curso de Agronomia - CAV – bolsista PIBIC/CNPq.

<sup>2</sup>Professor Participante do Departamento de Agronomia – CAV.

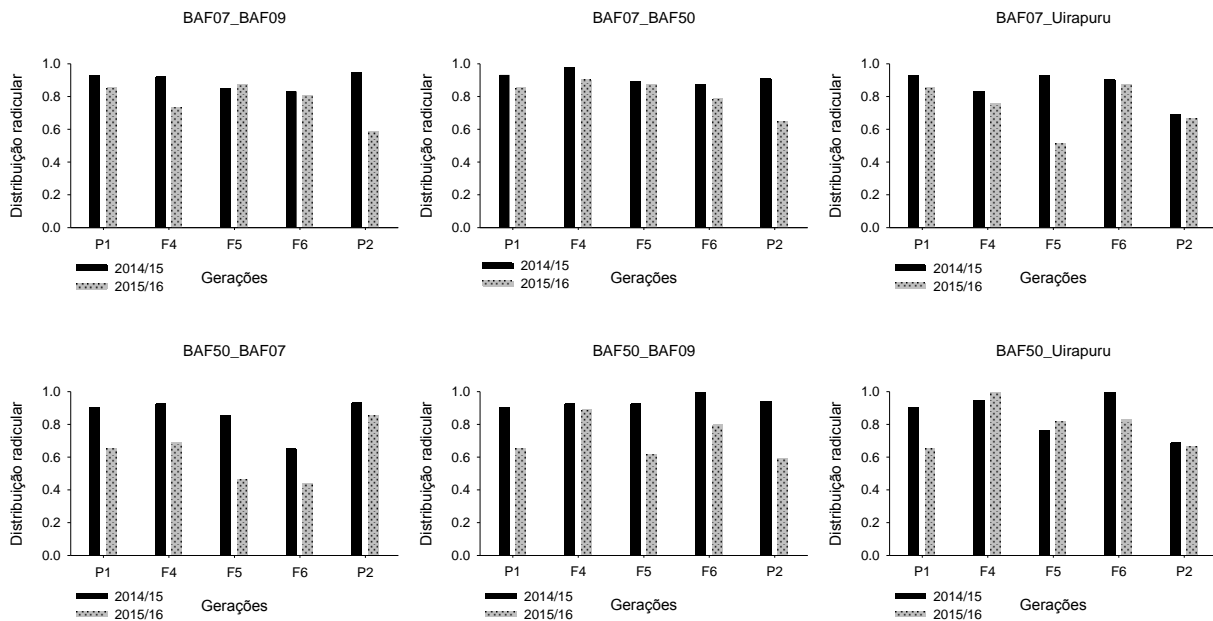
<sup>3</sup>Acadêmico do Curso de Agronomia – CAV.

<sup>4</sup>Orientador, Departamento de Agronomia - CAV – coimbrajefferson@gmail.com.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Aditividade. Endogamia.

Os enormes ganhos no rendimento de grãos das culturas vistos ao longo do século XX foram impulsionados pelo uso de fertilizantes e pelo melhoramento genético da parte aérea da planta. Para atender a demanda de alimentos do século XXI, os pesquisadores devem voltar sua atenção abaixo da superfície do solo. Portanto, o sucesso de um programa de melhoramento depende da avaliação do sistema radicular das plantas, buscando genótipos com sistema radicular profundo e bem distribuído. O interesse pelo estudo do caráter distribuição radicular como critério de seleção para a adaptação a estresses abióticos aumentou substancialmente nos últimos anos. Variabilidade genética em características de raízes entre genótipos de diferentes culturas tem sido relatada, quanto ao número de raízes basais, variação no comprimento e número de raízes adventícias. Porém, o caráter distribuição radicular deve ser um caráter herdável. Assim, ao longo das gerações segregantes, pode ser fixado como consequência dos efeitos da endogamia, formando uma linha pura e com suas respectivas implicações em termos de melhoramento de plantas. Sendo a compreensão dos mecanismos de herança genética necessária para auxiliar no entendimento dos métodos de melhoramento genético e determinar a melhor estratégia de seleção de plantas. O objetivo deste trabalho foi compreender os mecanismos de herança genética que predominam no caráter distribuição radicular em feijão. Para tanto, um experimento envolvendo 40 constituições genéticas, sendo 12 populações segregantes nas gerações F<sub>4</sub>, F<sub>5</sub> e F<sub>6</sub> e 4 populações fixas (genitores) foi desenvolvido durante os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16. Os tratamentos foram dispostos em blocos aumentados de Federer com 3 repetições. As parcelas foram compostas de 4 linhas de 4 metros espaçadas a 0,5 m. Nas linhas externas, a densidade de semeadura foi de 2 plantas por metro linear, para permitir a visualização do sistema radicular. Quando as constituições genéticas 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. 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). Para análise estatística foi utilizado o procedimento *Glimmix* do SAS 9.3. O modelo matemático utilizado para

explicar o comportamento da distribuição radicular foi  $Y_{ijklm} = \mu + \text{bloco}_i + \text{profundidade}(\text{população} * \text{geração} * \text{ano})_{j(klm)} + e_{ijklm}$ . Para testar as hipóteses, foram utilizados os contrastes de médias não ortogonais. As progênies  $F_4$  não apresentaram diferença em relação ao caráter distribuição radicular quando comparadas aos seus genitores. As progênies ( $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$ ) quando comparadas também não apresentam diferenças significativas. Tanto progênies quanto genitores apresentam comportamento semelhante entre os anos de avaliação, 2014/15 e 2015/16 (Fig. 1). Independente do grupo comercial, preto ou carioca, as progênies apresentam comportamento similar. Ao longo das gerações segregantes, a manutenção das populações por autofecundação e conseqüentemente o aumento dos locos em homozigose proporcionaram a máxima expressão da endogamia. Possivelmente os genitores envolvidos na hibridação possuem certo grau de parentesco originando progênies que possuem alelos idênticos por ascendência. Assim, visto a predominância da variância genética aditiva e visando a formação de uma linha pura, recomenda-se que o caráter distribuição radicular em feijão seja avaliado apenas nas últimas gerações de autofecundação.



**Fig. 1** Distribuição radicular em feijão para populações fixas (genitores) e populações segregantes ( $F_4$ ,  $F_5$  e  $F_6$ ) durante os anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16.