

Seleção multivariada entre e dentro de populações mutantes de feijão

Multivariate selection of optimal genotypes within mutant populations of bean

Rodolfo Schmit, Rita Carolina de Melo*, Nicole Trevisani, Jefferson Luís Meirelles Coimbra & Altamir Frederico Guidolin

Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, SC, Brasil. * Autor para correspondência: rita_carol_mel@hotmail.com.

Submissão: 20/06/2017 | Aceite: 13/06/2018

RESUMO

A indução de mutação é estratégia amplamente utilizada nos programas de melhoramento de plantas, e proporciona a criação de variabilidade genética para muitos caracteres de importância agrônômica. O objetivo do presente trabalho foi selecionar entre e dentro de populações mutantes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) promissoras agronomicamente, nos anos agrícolas 2009/10 e 2010/11, em Lages, SC. Foram avaliadas 40 populações mutantes derivadas de radiação gama de ^{60}Co , nas doses de 100 e 200 Grays. Os genótipos submetidos à mutação induzida foram Pérola, Iapar_81, IPR Uirapuru e IPR Chopim. O delineamento utilizado foi em blocos ao acaso, com três repetições. Foi efetuada análise de variância multivariada e análise discriminante canônica para a exploração das hipóteses. Contrastes multivariados entre as populações mutantes e suas populações originais foram efetuados para testar as hipóteses. A análise de variância multivariada revelou efeito significativo das populações mutantes aninhado aos anos agrícolas. Foi detectada, também, variabilidade dentro das populações mutantes. Estes resultados evidenciam a eficiência do agente mutagênico na criação de variabilidade genética. As populações mutantes selecionadas foram PMP_100 e PMC_200 por apresentarem desempenho promissor em relação aos caracteres diâmetro do caule, massa de mil grãos e rendimentos de grãos. Dentro das populações mutantes selecionadas foi detectada variabilidade genética que pode contribuir para seleção efetiva. As populações PMP_100 e PMC_200 devem ser conduzidas e ainda selecionadas, planta a planta, para obtenção de genótipos promissores.

PALAVRAS-CHAVE: *Phaseolus vulgaris* L., coeficientes canônicos padronizados, mutação induzida.

ABSTRACT

Induction of mutation is a strategy widely used in plant breeding programs, providing the creation of genetic variability for many characteristics of agronomic importance. The aim of this study was to select promising genotypes within mutant populations of agronomically promising beans (*Phaseolus vulgaris* L.), in the agricultural year 2009/10 and 2010/11, in Lages, SC. Forty mutant bean populations derived from ^{60}Co gamma irradiation at doses of 100 and 200 Grays were evaluated. The genotypes subjected to induced mutation were Pérola, Iapar_81, IPR Uirapuru and IPR Chopim. This study used a randomized block design, with three replicates. Multivariate analysis of variance and canonical discriminant analysis were performed to explore the hypotheses. Multivariate contrasts between the mutant populations and their original populations were conducted to test the hypotheses. Multivariate analysis of variance showed significant effect of mutant populations according to crop year. Variability was also detected within the mutant population. These results show the efficiency of the mutagen in creating variability. The PMP_100 and PMC_200 mutant populations were selected due to showing a promising performance for the characteristics stem diameter, thousand-grain mass and grain yield. Within the selected mutant populations was detected genetic variability that can contribute to effective selection. The PMP_100 and PMC_200 populations must be conducted and further selected plant-by-plant to obtain promising genotypes.

KEYWORDS: *Phaseolus vulgaris* L., standardized canonical coefficients, induced mutation.

INTRODUÇÃO

A seleção de genótipos no melhoramento de plantas exige a consideração simultânea de múltiplos caracteres de importância agrônômica. Além de avaliar inúmeras características, a análise conjunta das

variáveis tem-se mostrado eficiente para explorar hipóteses a respeito de um fenômeno biológico (YEATER et al. 2015). Sendo assim, a análise de variância multivariada pode enriquecer as inferências obtidas em experimentos agrícolas e esclarecer tanto a relação quanto o efeito de cada variável resposta (BERTINI et al. 2010, CASTRO et al. 2013). A principal vantagem da análise de variância multivariada é a consideração da covariância existente entre as variáveis respostas (HAIR et al. 2009), que possibilita a seleção de genótipos que apresentem inúmeras características de interesse.

Na cultura do feijão, são vários os caracteres almejados na seleção, tanto relacionados ao rendimento de grãos quanto à arquitetura da planta. No início do programa de melhoramento de feijão procura-se explorar a variabilidade genética para se obter diferentes constituições genéticas, que podem estar representadas por distintos locos em heterozigose. No decorrer das gerações de autofecundação, conseqüentemente, a homozigose aumentará, haja vista a redução da heterozigose em 50%, a cada geração, até a formação de linhas puras. De acordo com a teoria proposta por JOHANNSEN (1911), a seleção dentro de uma linha pura é ineficiente para alterar o fenótipo do indivíduo, pois a variação dentro de uma linha pura é apenas devido a diferenças ambientais.

Entretanto, a seleção de indivíduos superiores pode somente ser obtida mediante a existência de variabilidade genética. Para tanto, o melhorista de plantas pode recorrer à variabilidade genética existente em bancos de germoplasma, recombinações gênicas (hibridações), transformações genéticas (como por exemplo, a transgenia) e mutações. Entre eles, a mutação é o principal mecanismo de evolução das espécies e o único capaz de criar variabilidade genética (KEIGHTLEY & HALLIGAN 2009). A mutação pode ocorrer espontaneamente, na natureza, ou ser induzida por agentes mutagênicos químicos ou físicos (WANG et al. 2011). A mutação induzida pode ser considerada ferramenta rápida e efetiva para o melhoramento de plantas, pois aumenta a frequência de alterações na constituição genética do indivíduo (KUMAR et al. 2009). Sabe-se que os caracteres de importância agrônômica que compõem o ideótipo de feijão podem ser melhorados a partir da utilização de mutação induzida, que permite a seleção de novas constituições genéticas superiores (THEERAWITAYA et al. 2011).

Acredita-se que as diferenças genotípicas após a mutação induzida não serão apenas entre as diferentes populações mutantes, mas também dentro de cada população (SHEHZAD et al. 2011). A segregação dos genótipos criados pela mutação no decorrer das autofecundações acarretará formação de linhas puras dentro e entre as populações mutantes. Dessa forma, para maximizar a seleção, a variabilidade entre e dentro das populações mutantes deve ser mensurada. O objetivo do trabalho foi efetuar seleção multivariada entre e dentro de populações mutantes de feijão promissoras agronomicamente.

MATERIAL E MÉTODOS

Condução do experimento

O trabalho foi conduzido nos anos agrícolas de 2009/10 e 2010/11, em condições de campo, no Instituto de Melhoramento e Genética Molecular da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) – Lages (27° 48' S e 50° 19' O, altitude 930 m). O delineamento utilizado foi em blocos casualizados, com três repetições por tratamento. A unidade experimental foi composta por quatro linhas com quatro metros de comprimento, espaçadas a 0,45 m e com densidade de 15 plantas por metro linear. A área útil foi composta pelas duas linhas centrais, com três metros de comprimento.

Obtenção das constituições genéticas

No ano de 2006, sementes de quatro cultivares comerciais de feijão (IPR Chopim, Iapar_81, IPR Uirapuru e Pérola) foram submetidas à irradiação por meio do agente mutagênico físico raios gama (provenientes de ⁶⁰Cobalto). As doses totais irradiadas e absorvidas foram 100 e 200 Grays (Gy), que originou oito populações mutantes na geração M₁. Para as irradiações foi utilizado o aparelho Eldorado-78 da Faculdade de Medicina da UFPel, com rendimento de 54,01 C_{Gy} para um campo de 30x30 cm, com distância entre foco e alvo de 80 cm. Conforme ROCHA et al. (2009), doses superiores de irradiação gama, como, por exemplo, 400 Gy, foram letais para a espécie, e impossibilitou a germinação de plântulas.

As gerações M₂, M₃, M₄ e M₅ foram obtidas no decorrer dos anos agrícolas, sendo M₂ (ano 2006/2007), M₃ (2008/2009), M₄ (2009/2010) e M₅ (2010/2011), e originou, assim, 40 populações mutantes, conduzidas pelo método de *Bulk*. Desta forma, a representação foi feita pela população original seguida de sua respectiva dose: i) Populações mutantes IPR Chopim: PMC_100 e PMC_200; ii) População mutante Iapar_81: PMI_100 e PMI_200; iii) População mutante IPR Uirapuru: PMU_100 e PMU_200 e; iv) População mutante Pérola: PMP_100 e PMP_200. As populações também foram representadas pela respectiva geração segregante.

Caracteres avaliados

Sete caracteres de interesse agrônômico foram avaliados: estatura de planta (ETP) em centímetros; diâmetro de caule (DMC) em milímetros; inserção de primeiro legume (IPL) em centímetros; número de legumes por planta (NLP); número de grãos por planta (NGP); massa de mil grãos (MMG) em gramas e rendimento de grãos (RDG) em kg ha⁻¹. As mensurações dos caracteres ETP, DMC, IPL, NLP e NGP foram efetuadas individualmente em cinco plantas dentro da área útil. Os caracteres MMG e RDG foram mensurados a partir de todas as plantas da área útil.

Análise estatística

O modelo matemático multivariado empregado considera informações entre e dentro das unidades experimentais, sendo:

$$Y_{ikj} = \mu + blc_k + ano_i + pop(ano)_{ji} + e_{ijk} + d_{ijk}.$$

Em que: Y_{ikj} é a k-ésima observação do conjunto dos caracteres agrônômicos mensurados no i-ésimo nível do fator ano agrícola hierarquizado sob j-ésimo nível do fator população mutante; μ é a média geral esperada; blc_k é o efeito devido ao k-ésimo nível do fator bloco; ano_i é o efeito devido ao i-ésimo nível do fator ano agrícola; $pop(ano)_{ji}$ é o efeito devido ao j-ésimo nível do fator população mutante hierarquizado sob o i-ésimo nível do fator ano agrícola; e_{ijk} é o efeito do erro entre as unidades experimentais; d_{ijk} é o efeito do erro entre as amostras dentro das unidades experimentais.

Os dados foram submetidos a análise de variância multivariada pelo teste Lambda de Wilks, a 5% de probabilidade de erro. Em caso de variação multivariada significativa, a origem da variação e a contribuição dos caracteres agrônômicos foram detectados entre e dentro das populações mutantes por meio da análise discriminante canônica (HAIR et al. 2009). Para representação dos dados originais, foram utilizadas as funções discriminantes canônicas, significativas a 5% pelo teste F. As populações mutantes foram avaliadas pelos escores canônicos e a contribuição dos caracteres agrônômicos pelos coeficientes canônicos padronizados (CCP). A seleção das populações foi efetuada a partir dos contrastes multivariados entre a população mutante e a respectiva população original.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância multivariada evidenciou variação significativa para o fator população mutante aninhado ao ano agrícola, a 5% de probabilidade de erro (Tabela 1). As populações mutantes expressaram comportamento distinto conforme os anos agrícolas 2009/10 e 2010/11, considerando o conjunto de caracteres mensurados. Dentro das populações mutantes também foi detectada variação significativa, obtida pela razão entre as variâncias de erro entre sobre erro dentro das populações. Admite-se que a variação dentro de linhas puras seja oriunda apenas de σ_e^2 (variância ambiental). Assim, a irradiação promoveu variabilidade genética nas sementes irradiadas e conseqüentemente a ocorrência de segregação gênica distintamente dentro das populações no decorrer das gerações de autofecundação. Diante disso, é necessário avaliar individualmente as plantas para obter inferências fidedignas a respeito dos resultados biológicos.

As três primeiras funções discriminantes canônicas foram significativas pelo teste F, e captou 83% de variância acumulada (Tabela 2). Com o auxílio dos coeficientes canônicos padronizados foi possível constatar que os caracteres agrônômicos RDG e DMC foram os mais alterados pela mutação induzida, pois apresentaram maior peso na distinção entre os tratamentos, o que contribuiu para discriminar as populações mutantes. O caráter IPL aproxima as populações mutantes avaliadas, e evidencia baixa resposta a mutação induzida. Os coeficientes canônicos padronizados são interpretados da seguinte forma: i) valores positivos indicam efeito de separação entre as populações mutantes, onde caracteres com maiores valores de CCP apresentam maior peso na diferenciação; ii) valores negativos podem ser interpretados de maneira similar, porém com direção contrária do efeito, sendo que os valores negativos reduzem o efeito da variável resposta em questão.

A dispersão multivariada das populações mutantes foi detectada com uso dos escores canônicos médios, em cada ano agrícola, com o intuito de orientar as comparações entre os tratamentos. Notoriamente, as populações mutantes provenientes das sementes do genótipo IPR Uirapuru não expressaram diferenças fenotípicas significativas em relação à testemunha comercial (Figura 1). Essa afirmação pode ser elucidada pela representação gráfica dos escores canônicos nas três primeiras funções discriminantes canônicas e por todos os contrastes multivariados que não foram significativos. Possíveis explicações para esse resultado podem ser atribuídas a: i) mecanismos de reparo eficientes, que são dependentes da constituição genética do indivíduo (genótipo); ii) mutações em regiões do genoma que não pertencem ou pouco contribuem para os genes que governam os caracteres mensurados; iii) interação com

o efeito de ambiente que reprimiu a expressão da variabilidade criada nos anos agrícolas avaliados (SIGURBJÖRNSSON 1977), entre outros.

Tabela 1. Análise de variância multivariada pelo teste Lambda de Wilks (λ) para os caracteres estatura de planta (ETP), diâmetro de caule (DMC), inserção de primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NLP), número de grãos por planta (NGP), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (RDG). Análise para as causas de variação bloco, ano agrícola, população aninhado a ano agrícola e variação entre unidades experimentais. UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 e 2010/11.

Table 1. Multivariate analysis of variance through Wilks' Lambda test (λ) for the characteristics plant height (PH), stem diameter (SD), first pod insertion (FPI), number of pods per plant (NPP), number of grains per plant (NGP), thousand-grain mass (TGM) and grain yield (GY). Analysis for the causes of variation: block, agricultural year, population according to crop year, and variation between experimental units. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2009/10 and 2010/11.

Causa de Variação	Erro	λ	NGL	DGL
Bloco	Entre	0,71*	14	174
Ano	Entre	0,22*	7	87
População (ano)	Entre	0,01*	378	617,93
Entre	Dentro	0,01*	651	4161,60

*Significativo a 5% de probabilidade de erro. NGL: Graus de liberdade do numerador. DGL: Graus de liberdade do denominador.

A dispersão multivariada das populações mutantes foi detectada com uso dos escores canônicos médios, em cada ano agrícola, com o intuito de orientar as comparações entre os tratamentos. Notoriamente, as populações mutantes provenientes das sementes do genótipo IPR Uirapuru não expressaram diferenças fenotípicas significativas em relação à testemunha comercial (Figura 1). Essa afirmação pode ser elucidada pela representação gráfica dos escores canônicos nas três primeiras funções discriminantes canônicas e por todos os contrastes multivariados que não foram significativos. Possíveis explicações para esse resultado podem ser atribuídas a: i) mecanismos de reparo eficientes, que são dependentes da constituição genética do indivíduo (genótipo); ii) mutações em regiões do genoma que não pertencem ou pouco contribuem para os genes que governam os caracteres mensurados; iii) interação com o efeito de ambiente que reprimiu a expressão da variabilidade criada nos anos agrícolas avaliados (SIGURBJÖRNSSON 1977), entre outros.

Tabela 2. Análise pelo teste *F* das três primeiras funções canônicas discriminantes (FCD) com as respectivas variâncias acumuladas (VA). Coeficientes canônicos padronizados, obtidos pela variação total das populações mutantes, para os caracteres estatura de planta (ETP), diâmetro de caule (DMC), inserção de primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NLP), número de grãos por planta (NGP), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (RDG). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 e 2010/11.

Table 2. Analysis of the three first discriminant canonical functions (DCF) with the respective accumulated variances (AV) by *F* test. Standardized canonical coefficients, obtained by total variation of the mutant populations, for the characteristics plant height (PH), stem diameter (SD), first pod insertion (FPI), number of pods per plant (NPP), number of grains per plant (NGP), thousand-grain mass (TGM) and grain yield (GY). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 and 2010/11.

FCD	VA (%)	<i>F</i>	ETP	DMC	IPL	NLP	NGP	MMG	RDG
1 ^a	40	6,35*	-0,22	0,18	-0,12	-0,15	0,30	-0,72	0,80
2 ^a	66	4,70*	0,56	0,01	-0,14	0,42	-0,55	0,62	0,54
3 ^a	82	0,79*	-0,87	0,16	-0,08	0,07	0,21	0,35	0,22

*Significativo a 5% de probabilidade de erro.

A seleção multivariada restringiu-se às populações oriundas dos genótipos: i) Pérola na dose de 100 Gy e ii) IPR Chopim na dose 200 Gy. A seleção foi efetuada pela análise gráfica dos escores canônicos nas três primeiras funções discriminantes canônicas que sugerem maiores possibilidades de hipóteses promissoras devido a maior dispersão observada na Figura 1. Além disso, 83% dos contrastes multivariados foram significativos em comparação às testemunhas comerciais (Tabela 3). A resposta da população

mutante é dependente da interação complexa entre o agente mutagênico e a constituição genética do indivíduo (AHLOOWALIA & MALUSZYNSKI 2001). Essa resposta ainda é influenciada pelo número de autofecundações e pelo efeito de ambiente proporcionado por cada ano agrícola. A mutação tem o poder de criar novos alelos e, muitas vezes, alelos com caráter recessivo e deletério, que podem resultar em diferenças nos níveis de heterozigose entre e dentro de genótipos. Assim, com o aumento da homozigose, alelos que estavam ocultos pelos efeitos de dominância e sobredominância podem manifestar as diferenças (CHARLESWORTH & WILLIS 2009).

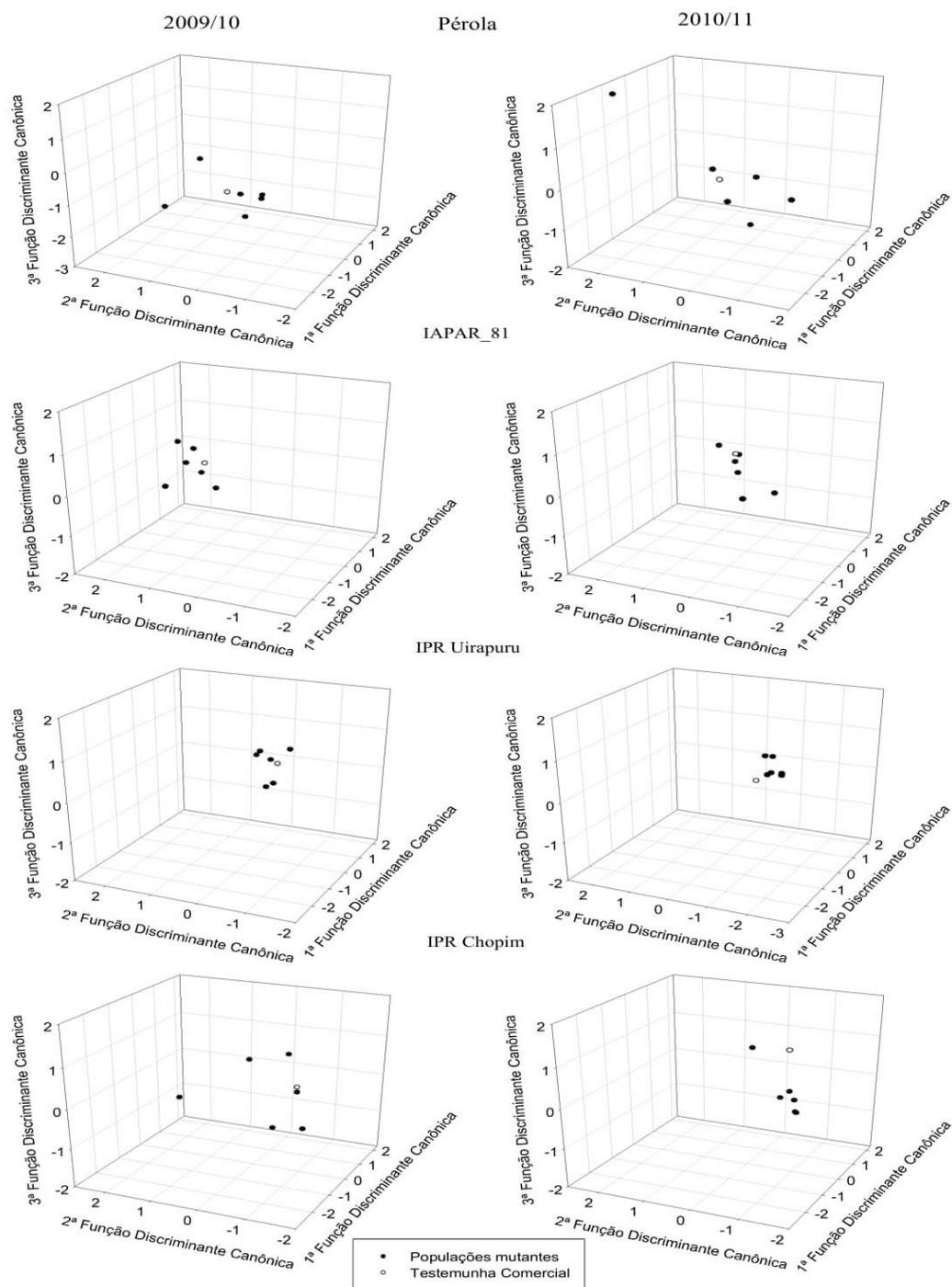


Figura 1. Dispersão multivariada dos escores canônicos das populações mutantes de feijão e testemunhas comerciais. Escores canônicos obtidos pelos caracteres agrônômicos: estatura de planta (ETP), diâmetro de caule (DMC), inserção de primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NLP), número de grãos por planta (NGP), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (RDG). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 e 2010/11.

Figure 1. Multivariate dispersion of canonical scores of mutant bean populations and commercial controls. Canonical scores obtained by the characteristics plant height (PH), stem diameter (SD), first pod insertion (FPI), number of pods per plant (NPP), number of grains per plant (NGP), thousand-grain mass (TGM) and grain yield (GY). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 and 2010/11.

O desempenho das populações mutantes PMP_100 foi significativo em todas as gerações de autofecundações. Estas populações mutantes diferenciam-se da testemunha comercial Pérola a partir da contribuição dos caracteres DMC e MMG (Tabela 3). De fato, maior diâmetro do caule promove resistência a planta contra tombamento e está associado a um porte mais ereto (BARILI et al. 2011). Além disso, a população mutante possui acréscimo na MMG que corresponde a um componente primário do rendimento de grãos e altamente associado à qualidade do alimento.

Tabela 3. Contrastes multivariados entre as populações segregantes e seus respectivos genitores pelo teste Lambda de Wilks (λ). Valores dos coeficientes canônicos padronizados, obtidos pela variação específica do contraste, para os caracteres agrônômicos: estatura de planta (ETP), diâmetro de caule (DMC), inserção de primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NLP), número de grãos por planta (NGP), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (RDG). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 e 2010/11.

Table 3. Multivariate contrasts between segregating populations and their respective parents through Wilks' Lambda test (λ). Standardized canonical coefficient values, obtained through specific variation of the contrast, for the characteristics plant height (PH), stem diameter (SD), first pod insertion (FPI), number of pods per plant (NPP), number of grains per plant (NGP), thousand-grain mass (TGM) and grain yield (GY). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 and 2010/11.

Ano	Contrastes	λ	ETP	DMC	IPL	NLP	NGP	MMG	RDG
2009/10	PMP_100 M ₁ vs Pérola	0,96 *	0,89	0,25	-0,52	0,18	-0,43	0,79	-0,15
	PMP_100 M ₃ vs Pérola	0,93 *	-0,27	0,20	0,22	-0,15	0,22	1,07	-0,96
	PMP_100 M ₄ vs Pérola	0,98 *	-0,33	0,24	-0,04	0,39	-0,52	0,57	1,07
	PMC_200 M ₁ vs Chopim	0,91 *	0,70	0,15	0,04	0,21	-0,81	1,14	0,08
	PMC_200 M ₃ vs Chopim	0,96 *	0,08	0,05	0,05	0,40	-0,96	0,55	1,02
	PMC_200 M ₄ vs Chopim	0,95 *	-0,88	0,35	-0,26	-0,31	0,88	0,26	-0,48
2010/11	PMP_100 M ₂ vs Pérola	0,98 *	0,24	0,17	-0,04	0,01	0,21	-0,31	1,30
	PMP_100 M ₄ vs Pérola	0,91 *	0,10	-0,04	-0,01	0,42	-0,28	0,62	1,13
	PMP_100 M ₅ vs Pérola	0,99 ns	0,40	-0,75	0,17	0,08	0,38	1,03	-0,25
	PMC_200 M ₂ vs Chopim	0,99 ns	0,61	0,19	0,44	-0,11	-0,13	-0,88	0,23
	PMC_200 M ₄ vs Chopim	0,98 *	-0,10	0,18	-0,07	0,23	-0,22	0,33	1,30
	PMC_200 M ₅ vs Chopim	0,98 *	0,32	0,19	0,44	-0,30	0,04	-0,64	1,02

*Significativo a 5% de probabilidade de erro.

No ano agrícola 2010/11, a população mutante PMP_100 também apresentou diferença significativa para a testemunha comercial Pérola nas gerações M₂ e M₄. Os caracteres agrônômicos que contribuíram para essa diferença em M₂ e M₄, respectivamente, foram: ETP (0,24 e 0,10), NLP (0,01 e 0,42) e RDG (1,30 e 1,13). De fato, a população mutante revelou superioridade quanto ao rendimento de grãos. O objetivo principal dos programas de melhoramento é desenvolver constituições genéticas com alto potencial produtivo. Diante disso, foi possível detectar populações mutantes promissoras de feijão, em poucas gerações de autofecundação.

Entretanto, não houve diferença significativa na geração M₅. Desta forma, o avanço das autofecundações e o conseqüente aumento da proporção de locos em homozigose podem estar reduzindo o desempenho promissor observado. Por outro lado, a variabilidade genética é exclusiva para cada semente que gera a população mutante. As populações promissoras detectadas em M₄ não necessariamente vão apresentar o desempenho reduzido como observado na atual geração M₅ (TANAKA et al. 2010). Diferentemente do que é observado nas hibridações, a variabilidade de cada mutação induzida é independente, aleatória e desconhecida. Enquanto que nas hibridações, a segregação é proveniente dos locos contrastantes do cruzamento e apresenta modelo adequadamente preciso e previsto.

No ano agrícola 2009/10 foi detectada diferença significativa entre a testemunha comercial IPR Chopim e as populações mutantes, para todas as gerações de autofecundação. Entretanto, no ano de 2010/11, não foi observada diferença significativa na geração M₂. A população mutante apresentou desempenho superior e constante para os dois anos agrícolas que pode ser evidenciada pela contribuição

dos caracteres DMC e RDG (Tabela 3). O comportamento constante da PMC_200 possibilita maior segurança na seleção deste genótipo. Como se objetiva a formação de uma linha pura, a homogeneidade representada pela homozigose confere maior garantia de que o desempenho venha a se repetir nos próximos anos agrícolas. Conforme salientado, esse comportamento estável decorre da não segregação dos locos em homozigose para determinados caracteres, que são fixados com a homozigose (endogamia).

Ainda de acordo com a análise de variância multivariada, também foi detectada variabilidade genética dentro das populações mutantes (Tabela 1). Os coeficientes canônicos padronizados calculados pela variação dentro das populações mutantes permitem realizar inferências do comportamento dos caracteres agronômicos. O caráter DMC não discrimina a PMP_100 nas gerações M₁, M₂, M₃ e M₄ (Tabela 4).

Tabela 4. Coeficientes canônicos padronizados, obtidos pela variação dentro das populações mutantes selecionadas, para os caracteres estatura de planta (ETP), diâmetro de caule (DMC), inserção de primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NLP), número de grãos por planta (NGP), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (RDG). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 e 2010/11.

Table 4. Standardized canonical coefficients, obtained through variation within the mutant populations selected, for the characteristics plant height (PH), stem diameter (SD), first pod insertion (FPI), number of pods per plant (NPP), number of grains per plant (NGP), thousand-grain mass (TGM) and grain yield (GY). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 and 2010/11.

População mutante	ETP	DMC	IPL	NLP	NGP	MMG	RDG
PMP_100 M ₁	1,57	-0,02	-0,92	0,09	-0,05	0,66	-0,54
PMP_100 M ₂	-0,62	-0,54	0,30	-0,60	-0,66	1,03	-1,65
PMP_100 M ₃	1,15	-0,83	-0,36	-0,42	-0,49	-1,24	0,41
PMP_100 M ₄	0,12	-0,17	0,19	0,09	-0,02	1,32	0,68
PMP_100 M ₅	-0,48	0,28	0,25	-0,27	-0,34	0,33	-0,87
PMC_200 M ₁	1,03	0,33	0,16	0,09	0,12	0,71	0,72
PMC_200 M ₂	0,20	0,27	0,64	-0,08	0,01	-0,83	-0,15
PMC_200 M ₃	0,11	0,03	0,22	-0,01	0,10	-0,21	1,36
PMC_200 M ₄	0,51	-0,10	0,46	-0,05	0,03	-0,68	0,79
PMC_200 M ₅	0,03	0,30	0,76	-0,19	-0,01	-0,77	0,35

De fato, o comportamento dos demais caracteres agronômicos no decorrer das gerações de autofecundações não seguiu comportamento padrão. Isso ocorre, pois a mutação induzida por raios gama afeta regiões aleatórias do genoma do indivíduo (SHIKAZONO et al. 2005). A variação detectada nas plantas M₁ é proveniente apenas de mitoses das células que sofreram modificações nas estruturas genéticas (TEVINI & TERAMURA 1989). A maioria dos efeitos fisiológicos observados na planta M₁ não é transmitida para as plantas da geração M₂ (FILIPPETTI & PACE 1986). Os gametas devem ser produzidos por células mutantes para serem transmitidos a progênie e, assim, originar uma planta diferente da semente M₀. Isto explica a variação dentro das populações e o possível comportamento sem padrão dos caracteres agronômicos no decorrer das autofecundações.

A variação dentro da PMC_200 apresenta nitidamente a contribuição dos caracteres agronômicos ETP, IPL e DMC para discriminar as unidades experimentais, contrariamente ao observado na PMP_100, em que os caracteres que apresentaram a maior contribuição foram ETP, IPL e MMG. A seleção dentro da PMP_200 pode apresentar genótipos promissores com estatura reduzida, porte ereto, diâmetro do caule resistente ao tombamento e inserção do primeiro legume elevada para facilitar a colheita mecanizada (ROCHA et al. 2009).

A exploração da variabilidade multivariada dentro das populações mutantes foi observada, semelhantemente a variabilidade entre as populações mutantes, a partir dos escores canônicos médios em cada ano agrícola. Nota-se que a dispersão entre as repetições da testemunha comercial é resultado apenas do efeito de ambiente, sendo visualmente inferior às populações mutantes (Figura 2). Esse resultado pode evidenciar a natureza genética da variação entre as plantas induzidas por mutação. Por exemplo, as PMP_100 M₄ e PMC_200 M₃ no ano agrícola 2009/10 ilustram o desempenho diferenciado das outras populações avaliadas. Esse desempenho pode ser apenas devido ao efeito do bloco, ou aponta variabilidade genética dentro da população com resultados promissores para seleção.

A variação dentro das populações mutantes foi igualmente observada no ano agrícola 2010/11, em que nos diferentes blocos foi evidenciado comportamento discrepante das populações mutantes comparativamente as populações originais (Figura 2). Dessa forma, a seleção dentro das populações mutantes pode ser uma alternativa promissora para obtenção de novos genótipos superiores. As populações mutantes PMP_100 e PMC_200 devem ser conduzidas diferentemente nas próximas gerações de forma que seja experimentalmente possível a seleção planta a planta. A seleção planta a planta pode contribuir para a obtenção de genótipos agronomicamente promissores. Neste caso, recomenda-se a não continuidade do método de condução populacional nos próximos anos agrícolas e a adoção da seleção dentro das populações com realização de teste de progênie.

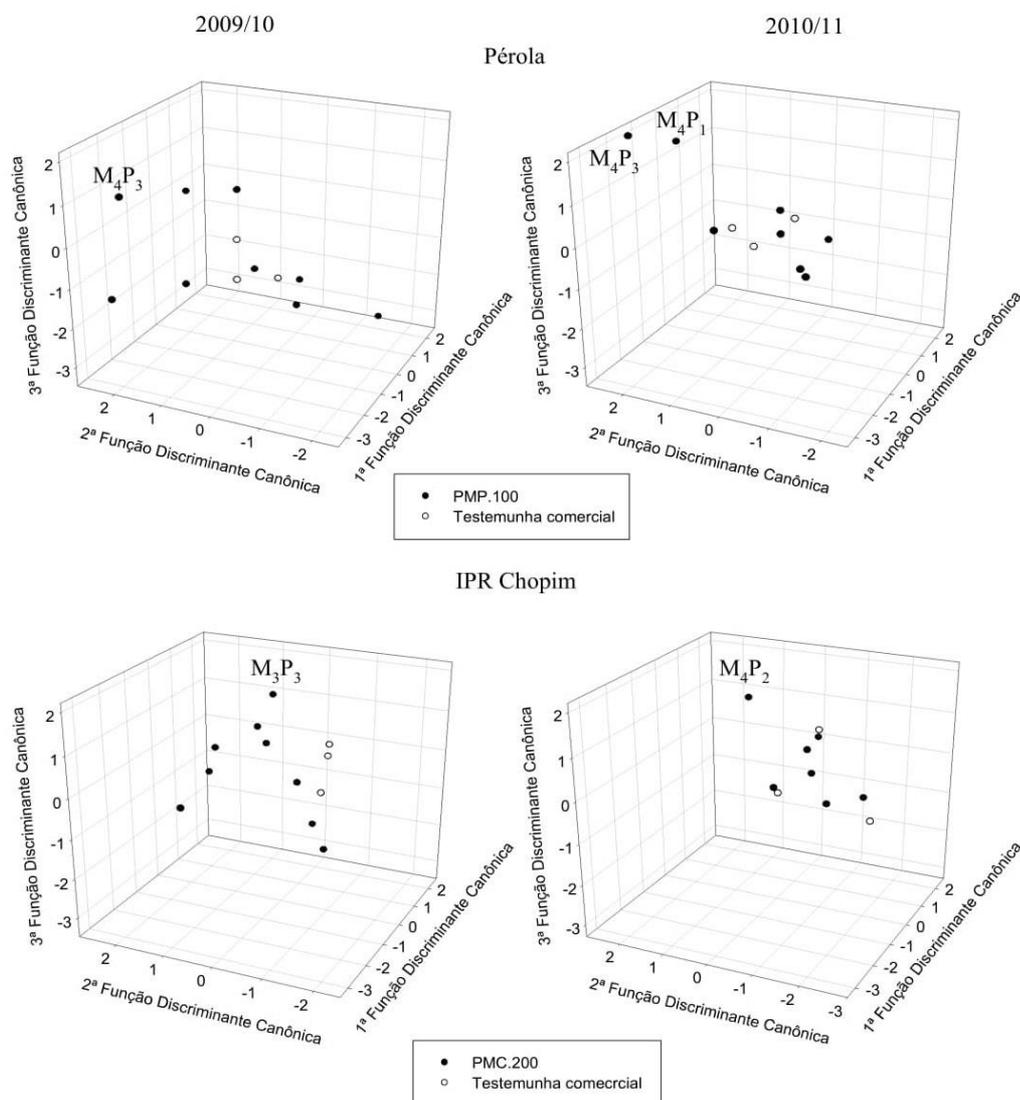


Figura 2. Dispersão multivariada dos escores canônicos das unidades experimentais das populações mutantes de feijão e testemunhas comerciais. Escores canônicos obtidos pelos caracteres estatura de planta (ETP), diâmetro de caule (DMC), inserção de primeiro legume (IPL), número de legumes por planta (NLP), número de grãos por planta (NGP), massa de mil grãos (MMG) e rendimento de grãos (RDG). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 e 2010/11.

Figure 2. Multivariate dispersion of canonical scores from the experimental units of bean mutant populations and commercial witnesses. Canonical scores obtained by characteristics plant height (PH), stem diameter (SD), first pod insertion (FPI), number of pods per plant (NPP), number of grains per plant (NGP), thousand-grain mass (TGM) and grain yield (GY). UDESC-IMEGEM, Lages, SC, 2009/10 and 2010/11.

CONCLUSÃO

Existe variabilidade genética entre e dentro das populações mutantes que pode contribuir para a seleção. A seleção e a condução de populações mutantes devem ser realizadas planta a planta.

AGRADECIMENTOS

À Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Apoio à Pesquisa Científica e Tecnológica do Estado de Santa Catarina (FAPESC) pelo apoio no desenvolvimento deste trabalho.

REFERÊNCIAS

- AHLOOWALIA BS & MALUSZYNSKI M. 2001. Induced mutation: a new paradigm plant breeding. *Euphytica* 118: 167-173.
- BARILI LD et al. 2011. Correlação fenotípica entre componentes do rendimento de grãos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Semina: Ciências Agrárias* 32: 1263-1274.
- BERTINI CHCM et al. 2010. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. *Acta Scientiarum. Agronomy* 32: 613-619.
- CASTRO AFNM et al. 2013. Análise multivariada para seleção de clones de eucalipto destinados à produção de carvão vegetal. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 48: 627-635.
- CHARLESWORTH D & WILLIS JH. 2009. The genetics of inbreeding depression. *Nature Reviews Genetics* 10: 783-796.
- FILIPPETTI A & PACE E. 1986. Improvement of seed yield in *Vicia faba* L. by using experimental mutagenesis. II. Comparison of gamma-radiation and Ethil-metane Sulphonate (EMS) in production of morphological mutants. *Euphytica* 35: 49-56.
- HAIR JFJ et al. 2009. Análise multivariada de dados. 6.ed. Porto Alegre: Bookman. 688p.
- JOHANNSEN W. 1911. The Genotype Conception of Heredity. *The American Naturalist* 45: 129-159.
- KEIGHTLEY PD & HALLIGAN DL. 2009. Analysis and implications of mutational variation. *Genetica* 136: 359-369.
- KUMAR V et al. 2009. Characterization of Pre-breeding Genetic Stocks of Urdbean (*Vigna mungo* L. Hepper) Induced Through Mutagenesis. In: SHU QY. *Induced Plant Mutations in the Genomics Era*. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations 103: 391-394.
- ROCHA F et al. 2009. Seleção em populações mutantes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para caracteres adaptativos. *Revista Biotemas* 22: 19-27.
- SIGURBJÖRNSSON B. 1977. Mutations in plant programmes. In: International Atomic Energy Agency: *Manual on Mutation Breeding*. 2.ed. Vienna: IAEA. p.1- 6.
- SHEHZAD T et al. 2011. Agronomic and molecular evaluation of induced mutant rice (*Oryza sativa* L.) lines in Egypt. *Pakistan Journal of Botany* 43: 1183-1194.
- SHIKAZONO N et al. 2005. Analysis of mutations induced by carbon ions in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Experimental Botany* 56: 587-596.
- 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 ME & TERAMURA AH. 1989. UV-B effects on terrestrial plants. *Photochemistry and Photobiology* 50: 479-487.
- THEERAWITAYA C et al. 2011. Genetic variations associated with salt tolerance detected in mutants of KDML105 (*Oryza sativa* L. spp. *indica*) rice. *Australian Journal of Crop Science* 5: 1475-1480.
- YEATER KM et al. 2015. Multivariate Analysis: Greater Insights into Complex Systems. *Agronomy Journal* 107: 799-810.
- WANG HH et al. 2011. Comparisons of α -amylase inhibitors from seeds of common bean mutants extracted through three phase partitioning. *Food Chemistry* 128: 1066-1071.