

VARIAÇÕES GENÉTICAS NA QUALIDADE DO SISTEMA RADICULAR DE MUDAS DE CANDEIA (*Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish)¹

Ana Carolina da Silva², Sebastião Carlos da Silva Rosado², Natalino Calegario², Érica Alvarenga Crespo Rodrigues², Adelson Nascimento Oliveira² e Cenir Teodoro Vieira²

RESUMO – Com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos relativos às qualidades do sistema radicular de candeia, foram utilizadas mudas provenientes de 24 progênies de polinização livre do Parque Estadual Quedas do Rio Bonito em Lavras, MG. Dois meses após a germinação, as imagens das raízes de nove mudas de cada progênie, distribuídas em três classes de tamanho (grande, maiores mudas dentro de cada progênie, médio, mudas médias dentro da progênie e pequeno, mudas em torno de 5 cm), foram obtidas por *scanner* óptico. Posteriormente, as mesmas raízes foram coradas com corante azul de astra 0,1%, durante 15 min, e novamente analisadas. As leituras indicaram diferenças significativas entre material não-corado e corado, enfatizando o seu uso. Na análise de variância, houve diferenças significativas entre as progênies e entre os tamanhos analisados quanto aos caracteres de raízes: comprimento total, área da superfície, diâmetro médio e número de raízes finas. Os ganhos genéticos esperados com a seleção evidenciaram que esses caracteres devem ser estudados nas mudas grandes, pois apresentam os maiores valores esperados.

Palavras-chave: Melhoramento genético, medição de raízes e ganhos genéticos.

GENETIC VARIATIONS IN ROOT SYSTEM QUALITY OF CANDEIA SEEDLINGS (*Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish)

ABSTRACT – Seedlings derived from 24 open-pollinated progenies from Quedas do Rio Bonito State Park, Lavras, MG, were used to estimate the genetic parameters concerning the quality of candeia root system. Two months after germination, optical scanning images of new seedling roots were obtained for each progeny, distributed into three size classes (large, medium and small). These roots were stained with 0.1% astra blue for 15 min and then analyzed. The results showed significant differences between stained and non-stained root samples indicating the need for root staining before the analysis. The analysis of variance also showed significant differences among progenies and size classes, which were analyzed considering the following traits: total root length, root surface area, mean diameter and the number of fine roots. The expected genetic gain with selection showed that these traits must be studied in grown seedlings as they showed the largest expected gains.

Keywords: Genetic improvement, root measurement and genetic gain.

1. INTRODUÇÃO

Quando se trata da revegetação de áreas degradadas, é importante que a espécie escolhida possua crescimento vegetativo acelerado, pois o sucesso da recuperação está diretamente relacionado a um rápido recobrimento do solo (ROSADO, 2002). Para isso, é indicado o plantio

de mudas de sistema radicular com qualidade superior e eficaz no desempenho das funções de fixação e absorção de nutrientes e água. Segundo Bohm (1979), o comprimento radicular é um dos melhores parâmetros para se estimar a capacidade de absorção da raiz. A esse caráter acrescenta-se a quantidade de raízes finas,

¹ Recebido em 03.10.2006 e aceito para publicação em 29.03.2007

² Departamento de Ciências Florestais da Universidade Federal de Lavras (UFLA), Cx.P. 37, 37200-000 Lavras-MG, Brasil. E-mail: <carol.sil@zipmail.com.br> e <scrosado@ufla.br>.

que permitem maximizar o fenômeno da absorção e a quantidade de raízes mais espessas, que realizam a função de estruturação da planta e condução entre o sistema radicular e a parte aérea (MELLO, 1997). Os macronutrientes N, P e K podem ser absorvidos por todas as partes do sistema radicular, porém a maior parte do Ca é absorvida somente pelas raízes finas, responsáveis também pela maior absorção de água (RUSSEL, 1981). Além disso, as raízes finas são estruturas onde naturalmente ocorrem as colonizações por fungos micorrízicos, e a partir do crescimento micelial acontece a melhoria do processo de transferência de nutrientes e água para a planta hospedeira, aumentando, principalmente, a absorção de fósforo (SANNI Jr., 1976).

O comprimento das raízes, a sua distribuição no solo e a profundidade deste, além de dependerem de fatores ambientais como tipo de solo, grau de compactação e de interações entre o ambiente e a planta (FANTE JÚNIOR, 1997), dependem de características intrínsecas da planta, ou seja, do seu genótipo (MELLO, 1997). Assim, a caracterização da distribuição do sistema radicular e o conhecimento da variação genética dos caracteres que expressam a sua qualidade são fundamentais para a escolha do melhor material genético, ou seja, aqueles mais adaptados às condições de estresses ambientais.

A candeia (*Eremanthus erythropappus*), da família Asteraceae, é uma espécie arbórea indicada para a recuperação de áreas degradadas, pois ocorre naturalmente em solos pobres, arenosos e pedregosos (RIZZINI, 1979). Sua madeira apresenta alta durabilidade natural, sendo amplamente utilizada nas áreas rurais como moirão de cerca (RIZZINI, 1979). Essa durabilidade se deve à presença do óleo essencial alfabisabolol, utilizado também na indústria farmacêutica por possuir propriedades anti-sépticas, anti-inflamatórias e cicatrizantes (CETEC, 1994). Mesmo sendo a candeia espécie com baixa exigência edáfica, para a recuperação de áreas degradadas com extrema escassez de nutrientes e água, pode haver a necessidade da seleção de genótipos de candeia que possuam um sistema radicular mais profundo, com maior quantidade de raízes, principalmente de raízes finas, que possam melhor nutrir a planta, promovendo, assim, maior capacidade de crescimento e desenvolvimento em sítios desfavoráveis.

Tradicionalmente, os estudos sobre o crescimento radicular são realizados utilizando métodos indiretos,

que avaliam os caracteres das raízes relacionadas à massa seca, ao comprimento de raiz, à sua área e ao volume de solo explorado por elas (BOHM, 1979). Esses métodos não permitem o conhecimento adequado do sistema radicular, como quantidade de raízes finas e diâmetro das raízes, importantes parâmetros para a determinação de sua qualidade. Recentemente, o uso de computadores e *softwares* específicos para análises de imagens, que podem ser obtidas por máquinas fotográficas digitais ou *scanner* óptico, tem melhorado as medições do sistema radicular e envolvido maior quantidade de caracteres avaliados, exatidão dos dados obtidos e redução do tempo na obtenção desses dados (COSTA et al., 2001, 2002). Estudos desta natureza, envolvendo raízes coradas ou não com azul de toluidina, foram realizados por Costa et al. (2000; 2001; 2002) em *Zea mays*, *Hordeum vulgare*, *Avena sativa*, *Glycine max*, *Triticum aestivum* e *Fragaria x ananassa* e, também, em espécies arbóreas como a *Gleditsia triacanthos*, *Celtis occidentalis*, *Acer saccharinum*, *Acer platanoides* e *Fraxinus pennsylvanica*. Outro estudo, realizado por Rodrigues et al. (2003) em raízes de *Eucalyptus* sp., utilizou o corante azul de astra para obter melhor visualização dessas raízes pelo *scanner* óptico. Esses avanços podem possibilitar a condução de estudos do sistema radicular de diferentes genótipos de plantas, para permitir a realização de seleções com o objetivo de obter plantas mais adaptadas às condições de estresses ambientais.

Dessa forma, os objetivos deste estudo foram: i) avaliar a necessidade da utilização de corante nas raízes de candeia para aumentar a acurácia na obtenção dos seguintes dados de raízes: comprimento total (CT), área da superfície (AS), diâmetro médio (DM) e número de raízes finas (RF); ii) avaliar os componentes de variâncias fenotípica, genotípica, ambiental e de herdabilidade em progênies de polinização livre de candeia para os caracteres mencionados; iii) avaliar a possibilidade de selecionar progênies de candeia com maior qualidade radicular para serem cultivadas em projetos de recuperação de áreas degradadas; e iv) avaliar as correlações entre os caracteres estudados do sistema radicular.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os materiais genéticos utilizados foram constituídos por mudas de progênies de polinização livre, procedentes de 24 árvores-matriz, distanciadas entre si em pelo menos

100 m. Essas árvores se encontram no Parque Florestal Quedas do Rio Bonito, localizado no Município de Lavras, no Estado de Minas Gerais. Lavras está localizada a 21°14'43" de latitude sul e 44°59'59" de longitude oeste, com altitude variando entre 822 e 1.259 m. O tipo climático da região é o Cwa, segundo a classificação de Köppen, com temperatura média de 19°C e precipitação anual média de 1.530 mm. Lavras está inserida no Planalto Sudeste, com relevo predominantemente ondulado e vegetação natural predominante de Cerrado.

As mudas de candeia foram produzidas no viveiro do Departamento de Ciências Florestais da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em Lavras Minas Gerais. As sementes coletadas foram semeadas a lanço em sementeiras com substrato constituído por uma mistura de 70 L de esterco de curral peneirado, 70 litros de palha de arroz carbonizada e 200 L de terra de barranco peneirada. Sessenta dias após a germinação das sementes, as mudas foram colhidas seguindo um delineamento experimental de parcela subdividida. A unidade de parcela inteira foi constituída pelas plantas das 24 progênies, e a unidade de parcela subdividida compreendeu as plantas de três alturas da parte área: grandes (mudas mais altas dentro da progênie, geralmente em torno de 15 cm), médias (altura média das mudas dentro da progênie, entre 5 cm e 15 cm) e pequenas (mudas com altura em torno de 5 cm), com três repetições. Em cada uma dessas mudas foram feitas cinco leituras com o *scanner* óptico e estimada a média das leituras para a análise. Após as leituras, as raízes foram coradas com o corante azul-de-azul na concentração de 0,1%, durante 15 min. Feita a coloração, as raízes foram novamente mensuradas cinco vezes e as médias, estimadas.

A obtenção dessas imagens foi feita pelo *scanner* HP ScanJet 3c/T (Hewlett-Packard) com resolução de 1.600 dpi, e a avaliação da qualidade do sistema radicular foi realizada pelo programa WinRhizo versão 2002a (RÉGENT INSTRUMENT, 2001). Esse programa avaliou os caracteres comprimento total da raiz (cm), área da superfície (cm²), diâmetro médio das raízes (mm) e número de raízes finas, considerando-se como raízes finas aquelas com diâmetro menor que 0,5 mm.

Os dados desses caracteres foram submetidos à análise de variância, seguindo-se o procedimento de parcela subdividida, que foi realizado pelo programa

GENES – Genética Quantitativa e Estatística Experimental, v.5 (CRUZ, 2001), conforme o seguinte modelo biométrico: $Y_{ijk} = \mu + B_j + P_i + \epsilon_{ij} + S_k + PS_{ik} + \delta_{ijk}$, em que: Y_{ijk} : valor observado na $i^{\text{ésima}}$ progênie no $k^{\text{ésimo}}$ tamanho de mudas e no $j^{\text{ésimo}}$ bloco; μ : média geral observada; B_j : efeito do $j^{\text{ésimo}}$ bloco; P_i : efeito da $i^{\text{ésima}}$ progênie (efeito aleatório da parcela); ϵ_{ij} : erro a; S_k : efeito do $k^{\text{ésimo}}$ tamanho de mudas (efeito fixo da subparcela); PS_{ik} : efeito da interação da $i^{\text{ésima}}$ progênie com o $k^{\text{ésimo}}$ tamanho (efeito aleatório da interação); e δ_{ijk} : erro b. As esperanças dos quadrados médios desta análise, utilizadas na estimativa dos componentes de variância, encontram-se na Tabela 1.

Nas estimativas dos componentes de variância, dos valores de herdabilidade e dos coeficientes de correlação de Pearson, foram utilizadas as seguintes expressões, descritas por Cruz (2001): componente de variância da parcela: $\hat{\sigma}_p^2 = \frac{QMP - QMEa}{rs}$; componente quadrático da subparcela: $\hat{\phi}_s = \frac{QMS - QMPS}{rp}$; componente de variância da interação parcela-subparcela: $\hat{\sigma}_{ps}^2 = \frac{(QMPS - QMEb) \frac{s-1}{s}}{r}$; herdabilidade: $h^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{(QMP / sr)}$; coeficiente de variação genético: $CV_g = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\bar{x}}$; coeficiente de variação experimental da parcela: $CV_e = \frac{100\sqrt{QMEa}}{\bar{x}}$; coeficiente de variação experimental da subparcela: $CV_e = \frac{100\sqrt{QMEb}}{\bar{x}}$; correlação de Pearson: $r = \frac{Cov_{(x,y)}}{\sqrt{V_{(x)} \cdot V_{(y)}}}$, sendo $Cov_{(x,y)}$: co-variância entre dois caracteres (X e Y), $V_{(x)}$; e $V_{(y)}$: variâncias do caráter X e do caráter Y.

Para os caracteres em que a interação parcela subparcela foi significativa, procedeu-se a análises separadas por classe de tamanho das mudas. Nessas análises, utilizou-se o procedimento de blocos ao acaso, que foi realizado pelo programa GENES (CRUZ, 2001). O modelo biométrico utilizado foi: $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \epsilon_{ij}$, em que: Y_{ij} : valor observado no $i^{\text{ésimo}}$ genótipo do $j^{\text{ésimo}}$ bloco; μ : média geral observada; g_i : efeito do $i^{\text{ésimo}}$ genótipo (efeito aleatório); b_j : efeito do $j^{\text{ésimo}}$ bloco (aleatório); e ϵ_{ij} : erro experimental. A análise de variância e a esperança dos quadrados médios das estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais encontram-se na Tabela 2.



Tabela 1 – Estrutura da análise de variância de parcela subdividida para as estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais

Table 1 – Split-plot analysis of variance for the estimation of phenotypic, genotypic and environmental parameters

Fonte de Variação	QM	E(QM)	F
Blocos	QMB	$\hat{\sigma}_{ab}^2 + s\hat{\sigma}_{ea}^2 + ps\hat{\sigma}_b^2$	-
Parcela (P): progênies	QMP	$\hat{\sigma}_{eb}^2 + s\hat{\sigma}_{ea}^2 + rs\hat{\sigma}_p^2$	QMP/QMEa
Erro a	QMEa	$\hat{\sigma}_{eb}^2 + s\hat{\sigma}_{ea}^2$	-
Subparcela (S): tamanho	QMS	$\hat{\sigma}_{eb}^2 + r\frac{s}{s-1}\hat{\sigma}_{ps}^2 + rp\hat{\phi}_s$	QMS/QMPS
Interação P x S	QMPS	$\hat{\sigma}_{eb}^2 + r\frac{s}{s-1}\hat{\sigma}_{ps}^2$	QMPS/QMEb
Erro b	QMEb	$\hat{\sigma}_{eb}^2$	-

$\hat{\sigma}_b^2$: variância entre blocos; $\hat{\sigma}_p^2$: variância de parcela; $\hat{\sigma}_{ps}^2$: variância da interação parcela subparcela; $\hat{\sigma}_{ea}^2$: variância do erro a; $\hat{\phi}_s$: variância do erro b; $\hat{\sigma}_{eb}^2$: componente quadrático da subparcela; e p, s e r referem-se, respectivamente, ao número de progênies, tamanhos das mudas e repetições.

Tabela 2 – Estrutura da análise de variância das estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais

Table 2 – Analysis of variance for the estimation of phenotypic, genotypic and environmental parameters

Fonte de Variação	QM	E(QM)	F
Blocos	QMB	$\hat{\sigma}^2 + g\hat{\sigma}_b^2$	-
Genótipos (G)	QMG	$\hat{\sigma}^2 + b\hat{\sigma}_g^2$	QMG/QMR
Resíduo (Pc)	QMR	$\hat{\sigma}^2$	-

$\hat{\sigma}^2$: variância residual; $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_b^2$: variância entre blocos; g: número de genótipos (g = 24); e b: número de blocos (b = 3).

Nas estimativas dos componentes de variância, dos valores de herdabilidades e dos coeficientes de variação foram utilizadas as seguintes expressões, descritas por Cruz (2001): variância fenotípica média: $\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{b}$; variância ambiental média: $\hat{\sigma}_c^2 = \frac{QMR}{b}$; variância genotípica média: $\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMR}{b}$; herdabilidade para seleção baseada na média de família: $h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$; correlação intraclasse: $\hat{\rho} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_c^2}$; coeficiente de variação genético: $CV_g\% = \frac{(100\sqrt{\hat{\sigma}_g^2})}{\bar{x}}$; e razão $CV_g / CV = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}}$.

Os ganhos esperados dos caracteres de qualidade do sistema radicular foram estimados a partir das

herdabilidades e dos desvios-padrão genéticos calculados pela análise de blocos casualizados, segundo a expressão descrita por Cruz (2001): $GS_i = i\hat{\sigma}_{gi}h_i$, em que: i: índice de seleção em unidades de desvio-padrão; $\hat{\sigma}_{gi}$: desvio-padrão genético; e h_i : raiz quadrada da herdabilidade média de família.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias das progênies dos caracteres do sistema radicular, do comprimento total (CT), da área da superfície (AS), do diâmetro médio (DM) e número de raízes finas (RF) evidenciaram diferenças significativas pelo teste t de Student (p < 0,05) entre a utilização ou não do corante azul-de-astra (Tabela 3), mostrando a necessidade de seu uso para a medição de raízes de mudas de candeia aos dois meses de idade. Alguns estudos semelhantes também apontaram a necessidade de se proceder à coloração das raízes para melhorar a qualidade das imagens capturadas pelo scanner óptico. Dentre esses estudos, destaca-se o de Costa et al. (2001), que verificaram, em raízes de espécies lenhosas e herbáceas, que a maioria das espécies por eles estudadas apresentou diferenças significativas na coloração com azul de toluidina, e o de Rodrigues et al. (2003), que também verificaram, em *Eucalyptus* sp., diferenças significativas entre o uso ou não do corante azul de astra.

Na Tabela 4, encontra-se o resumo das análises de variância dos caracteres CT, AS, DM e RF. Nesses caracteres houve variações significativas entre as progênies e entre os tamanhos das plantas estudados (pequeno, médio e grande), sendo, portanto, possível selecionar melhores progênies de candeia. Essas variações nos caracteres do sistema radicular podem ter relação com o crescimento e desenvolvimento das mudas, que também apresentam diferenças significativas quanto aos caracteres altura e diâmetro entre progênies (SILVA et al., 2002). Um sistema radicular mais desenvolvido, com maiores quantidades de raízes, principalmente de raízes finas, pode resultar mudas mais vigorosas e com mais chances de sobrevivência em ambientes degradados.

Observam-se também, na Tabela 4, interações progênie x tamanho das plantas em todos os caracteres avaliados, exceto diâmetro médio de raízes. Essas interações significativas indicam respostas diferenciadas das progênies de acordo com o grau de desenvolvimento das mudas. Por isso, procedeu-se as análises de variância

e estimativas dos parâmetros genéticos separadamente, para os grupos de mudas grandes, médias e pequenas (Tabela 5). Essas análises apontaram, para os caracteres comprimento de raízes, área da superfície e número de raízes finas, diferenças significativas entre progênies nas mudas de tamanhos grande e médio, que expressaram a variação que existe no comprimento radicular, e diferenças não-significativas nas mudas de tamanho pequeno, que não expressaram essa variação, que irá provavelmente se expressar quando as mudas atingirem os tamanhos médio e grande. Portanto, para estudos de melhoramento genético do comprimento total de raízes de candeia é necessário que eles sejam conduzidos em mudas com parte aérea maior que 5 cm de altura.

Para o comprimento total de raízes, as variâncias genéticas e a herdabilidade indicaram valores de 5.261,63 e 78,81% para as mudas grandes e 890,66 e 62,92% para mudas médias. Esse maior valor de herdabilidade, associado ao mais elevado coeficiente de variação genética (43,06%) registrado no lote de mudas maiores, evidencia a possibilidade de obtenção de maiores ganhos genéticos em seleções quando conduzidas no referido lote. A maior relação CV_g/CV_e no lote de mudas grandes (1,11), comparativamente ao lote de mudas médias (0,75), também revelou que a seleção deve, prioritariamente, ser processada em estudos com mudas em torno de 15 cm de altura. Segundo Vencovsky e Barriga (1992), quando os valores dessa razão são superiores a 1, há indicação de que ganhos expressivos podem ser alcançados pela seleção. As análises de variância realizadas dos caracteres AS e RF mostraram resultados similares ao da análise realizada do CT, com valores de variância genética, coeficiente de variação genético, herdabilidade e razão CV_g/CV_e superiores nas mudas grandes, indicando, novamente, que o uso de mudas grandes é mais promissor para a obtenção de ganhos genéticos por seleção. Os componentes de variância

experimental não influenciaram negativamente a razão CV_g/CV_e , que obtiveram valores superiores a 1, nas mudas grandes (1,08 para AS e 1,10 para RF).

A estimativa dos ganhos genéticos das mudas grandes e médias pela seleção de uma progênie entre as 24 deste estudo, encontra-se na Tabela 6. Foi estimado o ganho para seleção de apenas uma progênie porque uma delas destaca muito das demais (a de número 12, Tabela 7). Esta progênie pode ser utilizada na formação de clones, mantendo, assim, sua qualidade radicular. Observa-se na Tabela 6 que, em todos os caracteres avaliados (CT, AS, DM e RF), houve maior ganho genético esperado com a seleção realizada em mudas grandes. Para o caráter CT houve um ganho de 137,55 cm no comprimento médio das raízes das mudas grandes quando se seleciona a melhor progênie (de número 12, CT = 442,9 cm, Tabela 7). Esse ganho esperado é de 81,65% em relação à média. Quando se seleciona a melhor progênie das mudas médias, o valor desse ganho é a metade, 50,57 cm, e em porcentagem, 46,27% em relação à média.

Os caracteres AS, DM e RF mostraram comportamento semelhante nos ganhos genéticos. Para o caráter AS, a seleção da progênie 12 das mudas grandes (AS = 124 cm², Tabela 7) resultou ganho genético esperado de 37,84 cm² ou 79,64% (Tabela 6). Se a seleção for realizada em mudas médias, o ganho genético esperado será de apenas 12,93 cm², ou 43,33%. Quanto ao caráter DM, houve ganho esperado pela seleção de 0,06 m para mudas grandes (7,17%) e 0,03 mm para mudas médias (3,97%). Para o caráter RF, houve um ganho genético esperado de 148,21 raízes finas (76,59%), quando se selecionaram mudas de tamanho maior; e 78,42 raízes finas (56,43%), quando se escolheram mudas de tamanho médio. Nas mudas grandes, a progênie selecionada foi também a de número 12, que apresentou média de 457 raízes finas (Tabela 7).

Tabela 3 – Valores médios dos caracteres comprimento total de raízes (CT), área da superfície de raízes (AS), diâmetro médio de raízes (DM) e número de raízes finas (RF) obtidas em raízes coradas (C) e não coradas (NC), para 24 progênies de polinização livre de *Eremanthus erythropappus*

Table 3 – Mean values for the following traits: total root length (CT), surface root area (AS), mean root diameter (DM) and total number of fine roots (RF) obtained from stained root (C) and non-stained root (NC), considering 24 open-pollinated progenies to *Eremanthus erythropappus*

CT (cm)		AS (cm ²)		DM (mm)		RF+	
C	NC	C	NC	C	NC	C	NC
117,51**	115,69	32,38*	32,21	0,874**	0,884	145,23**	135,25

* e ** Diferenças entre médias significativas pelo teste de t a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente. Comparações entre médias transformadas em \log_{10} RF.



Tabela 4 – Análises de variância dos caracteres comprimento total de raízes (CT), área da superfície (AS), diâmetro médio (DM) e número de raízes finas (RF), realizadas nas raízes coradas, e estimativas dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais em progênies de polinização livre de *Eremanthus erythropappus*

Table 4 – Analysis of variance for total root length (CT), surface root area (AS), mean root diameter (DM) and the number of fine roots (RF) from stained root, and estimates of phenotypic, genotypic and environmental parameters for open-pollinated progenies of *Eremanthus erythropappus*

Fonte de Variação	Graus de Liberdade	Quadrados Médios			
		CT	AS	DM	RF
Blocos	2	416,9	50,7	0,0003	2793,4
Progênies (P)	23	14172,3**	1065,9**	0,0075**	21869,5**
Erro a	46	2136,9	166,5	0,0021	3322,3
Tamanho (S)	2	161566,2**	14194,4**	0,0649**	148991,4**
Interação P x S	46	5735,3**	447,7**	0,0026	6941,5*
Erro b	96	2543,3	199,8	0,0019	4061,9
Média	-	117,5 (cm)	32,4 (cm ²)	0,8738 (mm)	145,22
$\hat{\sigma}_p^2$	-	-	-	0,000606	-
$\hat{\phi}_s$	-	-	-	0,000866	-
$\hat{\sigma}_{ps}^2$	-	-	-	0,000141	-
h ² (%)	-	-	-	72,49	-
CVg (%)	-	-	-	2,82	-
CVep (%)	-	-	-	5,21	-
CVes (%)	-	-	-	5,03	-

** e * significativo pelo teste de F (p<0,01) e (p<0,05), respectivamente. $\hat{\sigma}_p^2$: variância entre progênie (parcela), $\hat{\phi}_s$: componente quadrático de tamanho da muda (subparcela), $\hat{\sigma}_{ps}^2$: variância da interação progênie/tamanho, h²: herdabilidade média de família (%), CVg: coeficiente de variação genética (%), CVep: coeficiente de variação experimental da parcela (%) e CVes: coeficiente de variação experimental da subparcela (%).

Tabela 5 – Análises de variância dos caracteres estudados, considerando-se o tamanho das mudas (grande – G, médio – M e pequeno – P), realizadas nas raízes coradas, e estimativa dos parâmetros fenotípicos, genotípicos e ambientais em progênies de polinização livre de *Eremanthus erythropappus*

Table 5 – Analysis of variance for the studied traits, considering the seedling sizes (large – G, medium – M and small – P), obtained from stained root, and estimates of phenotypic, genotypic and environmental parameters for open-pollinated progenies of *Eremanthus erythropappus*

FV	GL	QM para CT			QM para AS			QM para RF		
		G	M	P	G	M	P	G	M	P
Bl	2	3394,9	323,4	928,7	303,8	16,43	73,81	8046,7	988,4	150,0
G	23	20028**	4247**	1369	1558**	307,3**	95,85	23457**	8926**	3369
R	46	4242,9	1574,7	1443,1	346,98	123,58	97,91	5050,8	2918,1	3552,6
M	-	169cm	109cm	75cm	48cm ²	30cm ²	20cm ²	193,5	139,0	103,2
$\hat{\sigma}_f^2$	-	6675,9	1415,6	456,2	519,3	102,45	31,95	7819,1	2975,4	1123,0
$\hat{\sigma}_e^2$	-	1414,3	524,9	481,0	115,7	41,19	32,64	1683,6	972,7	1184,2
$\hat{\sigma}_g^2$	-	5261,6	890,7	0	403,7	61,25	0	6135,5	2002,7	0
h ²	-	78,81	62,92	0	77,7	59,79	0	78,47	67,31	0
CV _g	-	43,06	27,31	0	42,29	26,23	0	40,48	32,20	0
CV _e	-	38,67	36,31	50,79	39,20	37,26	50,03	36,73	38,87	57,77
CV _g /CV _e	-	1,11	0,75	0	1,08	0,70	0	1,10	0,83	0

** e * significativo pelo teste de F (p<0,01) e (p<0,05), respectivamente. Bl: blocos, G: genótipos, R: resíduos, M: média, $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica, $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental, $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica, h²: herdabilidade média (%), CV_g: coeficiente de variação genética (%), CV_e: coeficiente de variação experimental (%) e CV_g/CV_e: razão entre os coeficientes de variação genética e experimental.

Tabela 6 – Ganhos genéticos diretos esperados (em porcentagem), de seleção de uma progênie considerando-se os caracteres do sistema radícula: comprimento total (CT), área da superfície (AS), diâmetro médio (DM) e número de raízes finas (RF) das progênies (considerando os tamanhos: grande (G) e médio (M))

Table 6 – Expected genetic gains from selection of a progeny (percentage) for total root length (CT), surface area (AS), mean diameter (DM) and number of fine roots (RF) traits. (considering the progeny sizes large (G) and medium (M))

Caracteres	Tamanhos	$\hat{\sigma}_{gi}$	h_i	Média	G_i	$G_i\%$
CT	G	72,54cm	0,89	168,45cm	137,55cm	81,65
	M	29,84cm	0,79	109,28cm	50,57cm	46,27
AS	G	20,09cm ²	0,88	47,51cm ²	37,84cm ²	79,64
	M	7,83cm ²	0,77	29,83cm ²	12,93cm ²	43,33
DM	G	0,04mm	0,75	0,9055mm	0,06mm	7,17
	M	0,02mm	0,74	0,8701mm	0,03mm	3,97
RF	G	78,33	0,89	193,51	148,21	76,59
	M	44,75	0,82	138,97	78,42	56,43

i: índice de seleção em unidades de desvio-padrão (i = 2,136 para a seleção de uma progênie em 24); $\hat{\sigma}_{gi}$: desvio-padrão genético do caráter i; h_i : raiz quadrada da herdabilidade genotípica para o i^{ésimo} caráter; G_i : ganho genético na unidade de medida dos caracteres; e $G_i\%$: ganho genético esperado, em porcentagem.

Tabela 7 – Valores médios de progênies dos caracteres de comprimento total de raízes (CT), área da superfície radicular (AS), diâmetro médio de raízes (DM) e número de raízes finas (RF), estimadas no lote de mudas grandes

Table 7 – Mean progenies values for total root length (CT), surface root area (AS), mean root diameter (DM) and the number of fine roots (RF), estimated for the large seedling lot

Progênies	Caracteres			
	CT (cm)	AS (cm ²)	DM (mm)	RF
1	93,52	27,83	0,95	102
2	93,07	27,13	0,92	109
3	66,11	20,67	1,08	67
4	69,09	18,25	0,84	91
5	108,02	30,23	0,88	142
6	150,72	42,76	0,93	191
7	130,10	35,33	0,87	136
8	131,09	39,37	0,96	134
9	88,80	25,53	0,92	116
10	190,78	51,45	0,84	204
11	131,75	36,30	0,88	183
12	442,90	124,31	0,89	457
13	233,22	65,78	0,90	243
14	157,68	47,03	0,94	161
15	177,27	50,30	0,90	145
16	127,61	36,46	0,91	119
17	179,63	48,55	0,86	222
18	238,78	70,04	0,93	266
19	261,33	74,81	0,90	296
20	172,30	49,68	0,93	240
21	149,98	44,31	0,95	205
22	257,53	71,70	0,89	287
23	227,53	60,25	0,84	307
24	164,07	42,26	0,82	223

Na Tabela 7 são apresentados os valores médios dos caracteres da qualidade do sistema radicular de progênies de candeia em mudas grandes, avaliados em raízes coradas com azul-de-astro. É possível observar que a progênie de número 12 se destacou, apresentando os maiores valores de CT (442,9 cm), AS (124,31 cm²) e RF (457). Esses caracteres contêm alta herdabilidade ($h^2_{CT} = 78,81\%$, $h^2_{AS} = 77,73\%$ e $h^2_{RF} = 78,47\%$, Tabela 5), sendo possível seu cruzamento com outras progênies com qualidade superior do sistema radicular, como as de números 13, 18, 19, 22 e 23 (Tabela 7).

As correlações de Pearson entre os caracteres CT, AS, DM e RF estão representadas na Tabela 8. As correlações entre CT, AS e RF foram altas, positivas e altamente significativas, mostrando que, se a seleção for praticada para qualquer um dos caracteres citados, ela influenciará positivamente os outros dois. Entre os caracteres DM e AS, a correlação foi positiva, porém menor e significativa somente a 5%. As correlações entre o DM e os caracteres CT e RF não foram significativas, indicando que não há correlações lineares entre eles.

O sistema radicular, responsável pela absorção de nutrientes e água pela planta e, assim, pela sua melhor nutrição e desenvolvimento, possui os caracteres de comprimento da raiz, diâmetro médio, área da superfície e quantidade de raízes finas que,



mensurados, auxiliam a escolha de progênies com maior capacidade de absorção e adaptação a solos com pouca disponibilidade de nutrientes e água. As leituras dos valores destes caracteres mensurados mostraram diferenças significativas entre material não-corado e corado com azul-de-astra, sendo necessário o uso do corante. Pela avaliação dos componentes de variância e herdabilidade, é possível inferir que esses caracteres são variáveis nas progênies testadas e são herdáveis, sendo possível utilizá-los em programas de melhoramento genético, obtendo progênies de candeia com maior qualidade radicular para serem cultivadas em projetos de recuperação de áreas degradadas. Além disso, a maioria dos caracteres avaliados está correlacionada, sendo possível a otimização do trabalho através da seleção do caráter mais viável de ser mensurado.

Neste estudo, a progênie 12 se destacou das demais, podendo ser selecionada para a formação de clones. Ou podem ser pré-selecionadas mais progênies, como as de números 12, 13, 18, 19, 22 e 23 na fase de viveiro, também progênies superiores, de acordo com os caracteres avaliados, para a realização do plantio no campo e posteriores seleções e cruzamentos. Os ganhos genéticos esperados com a seleção indicaram que esses caracteres devem ser estudados nas mudas grandes, pois apresentaram os maiores valores esperados.

Tabela 8 – Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres comprimento total de raízes (CT), área da superfície radicular (AS), diâmetro médio de raízes (DM) e número de raízes finas (RF)

Table 8 – *Pearson's correlation estimates between the traits: total root length (CT), root surface area (AS), mean root diameter (DM) and the number of fine roots (RF)*

Variáveis	$\sigma^2_{(x)}$	$\sigma^2_{(y)}$	$Cov_{(x,y)}$	\hat{r} (correlação)
CT x AS	5842,83	467,13	1645,52	0,996**
CT x DM	5842,83	0,0033	0,4026	0,0921
CT x RF	5842,83	7761,15	6381,05	0,9476**
AS x DM	467,13	0,0033	0,2005	0,1622*
AS x RF	467,13	7761,15	1771,09	0,9302**
DM x RF	0,0033	7761,15	-0,1741	-0,0346

** e * significativos pelo teste t ($p < 0,01$) e ($p < 0,05$), respectivamente.

4. AGRADECIMENTOS

Ao CNPq, pelo financiamento do projeto; e ao professor Evaristo Mauro de Castro, pelo fornecimento do corante azul de astra.

5. REFERÊNCIAS

BOHM, W. **Methods of studying root systems**. New York: Springer-Verlag, 1979. 188p.

CENTRO TECNOLÓGICO DE MINAS GERAIS - CETEC. **Ecofisiologia da candeia**. Belo Horizonte: SAT/CETEC, 1994. 104p. (Relatório técnico).

COSTA, C. et al. Sampling method for measurement of large root systems with scanner-based image analysis. **Agronomy Journal**, v.92, n.4, p.621-627, 2000.

COSTA, C. et al. Root contrast enhancement for measurement with optical scanner-based image analysis. **Canadian Journal of Botany**, v.79, n.1, p.23-29, 2001.

COSTA, C. et al. Root morphology of contrasting maize genotypes. **Agronomy Journal**, v.94, n.1, p.96-101, 2002.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Versão Windows**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 648p.

FANTE JÚNIOR, L. **Sistema radicular de aveia forrageira avaliado por diferentes métodos, incluindo processamento de imagens digitais**. 1997. 119f. Tese (Doutorado em Energia Nuclear na Agricultura) – Centro de Energia Nuclear na Agricultura, Piracicaba, 1997

MELLO, S. L. M. **Características do sistema radicular de povoamentos de eucaliptos propagados por sementes e estacas**. 1997. 79f. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1997.

REGENT INSTRUMENTS INC. **Programa WinRhizo versão 2002a**. Québec: 2001.

RIZZINI, C. T. **Árvores e madeiras úteis do Brasil: manual de dendrologia brasileira**. São Paulo: Edgard Blücher, 1979. 296p.

RODRIGUES, E. A. C. et al. Qualidade morfológica de mudas de *Eucalyptus* avaliada em imagens obtidas por scanner óptico. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 8., 2003, São Paulo. **Anais...** São Paulo: Monferrer Produções, 2003. p.163.

ROSADO, S. C. S. Revegetação de dunas degradadas no litoral norte da Paraíba. In: SIMPÓSIO NACIONAL SOBRE RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS, 5., 2002, Belo Horizonte. **Palestras...** Lavras: SOBRADE, 2002. p.105-122.

RUSSEL, R. S. Plant root systems – their function and interaction with the soil methods. In: SYMPOSIUM ON THE SOIL/ROOT SYSTEM, 1981, Londrina. **Proceedings...** Londrina: Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR, 1981. p.3-20.

SANNI Jr., R. L. Vesicular-arbuscular mycorrhiza in some Nigerian soils: the effect of *Gigaspora gigantea* on the growth of rice. **The New Phytologist**, v.7, n.3, p.763-774, 1976.

SILVA, A. C.; ROSADO, S. C. S.; VIEIRA, C. T. Variação genética entre e dentro de procedências de candeia (*Eremanthus erythropappus*) para a resposta à inoculação com fungos micorrízicos arbusculares. In: SIMPÓSIO NACIONAL SOBRE RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS, 5., 2002, Belo Horizonte. **Trabalhos Voluntários...** Lavras: SOBRADE, 2002. p. 277-279.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

