

**Seleção de genótipos de soja
abundantes em pelos radiculares
– ano de 2016/2017**



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Soja
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 13

**Seleção de genótipos de
soja abundantes em pelos
radiculares – Ano de
2016/2017**

*Sergio Luiz Gonçalves
Wellington Bruno da Silva Nascimento
José Ubirajara Vieira Moreira
Antônio Eduardo Pípolo
Carlos Alberto Arrabal Arias*

Embrapa Soja
Londrina, PR
2017

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Soja

Rod. Carlos João Strass, s/n, Acesso Orlando Amaral, Distrito de Warta
Londrina, PR, Brasil
CEP 86001-970
Caixa Postal 231
Fone: (43) 3371 6000
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac/

Comitê Local de Publicações

Presidente: *Ricardo Vilela Abdelnoor*

Secretária-Executiva: *Regina Maria Villas Bôas de Campos Leite*

Membros: *Alvadi Antonio Balbinot Junior, Claudine Dinali Santos Seixas, Fernando Augusto Henning, José Marcos Gontijo Mandarino, Liliane Márcia Mertz-Henning, Maria Cristina Neves de Oliveira, Norman Neumaier e Osmar Conte*

Supervisão editorial: *Vanessa Fuzinatto Dall' Agnol*

Normalização bibliográfica: *Ademir Benedito Alves de Lima*

Editoração eletrônica e capa: *Marisa Yuri Horikawa*

Foto da capa: *Sergio Luiz Gonçalves*

1ª edição

PDF digitalizado (2017).

Todos os direitos reservados

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei no 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Soja

Seleção de genótipos de soja abundantes em em pelos radiculares – ano de 2016/2017 [recurso eletrônico]: / Sergio Luiz Gonçalves... [et al.] - Londrina: Embrapa Soja, 2017.

16 p. : il. ; - (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Soja, ISSN : 2178-1680 ; n. 13).

1.Soja-genótipo. 2.Soja-raiz. 3.Soja-pelo radicular. I.Gonçalves, Sergio Luiz. II.Nascimento, Wellington Bruno da Silva. III.Moreira, José Ubirajara Vieira. IV.Pípolo, Antônio Eduardo. V.Arias, Carlos Alberto Arrabal . VI.Título. VII.Série.

CDD: 633.347 (21.ed.)

Sumário

Resumo	5
Abstract.....	6
Introdução	7
Material e Métodos.....	8
Resultados e Discussão.....	10
Conclusões.....	14
Agradecimentos	14
Referências	14

Seleção de genótipos de soja abundantes em pelos radiculares – ano de 2016/2017

Sergio Luiz Gonçalves¹, Wellington Bruno da Silva Nascimento², José Ubirajara Vieira Moreira¹, Antônio Eduardo Pípolo¹, Carlos Alberto Arrabal Arias¹

Resumo

Neste trabalho foi feita uma seleção de genótipos de soja, baseada na densidade visual de pelos da raiz principal e das laterais e na medição do comprimento médio dos pelos radiculares de linhagens e cultivares. Foram avaliados 40 genótipos, no ano de 2016/2017, no laboratório de tecnologia de sementes da Embrapa Soja. A semeadura foi realizada em papel de germinação, umedecidos em solução nutritiva de sulfato de cálcio. Imagens de raízes foram obtidas de plântulas com sete dias de idade. Os dados foram tabelados e utilizados numa análise de agrupamento, separando-se semelhanças e diferenças entre os genótipos para as variáveis estudadas. De modo geral, tanto as densidades quanto o comprimento dos pelos mostraram valores médios. Porém, vários genótipos mostraram valores extremos, havendo altas e baixas densidades, sendo que os pelos mais curtos situaram-se na faixa de 0,30 mm e os mais longos entre 0,59 e 0,65 mm. A metodologia utilizada mostrou-se útil para a realização de avaliações iniciais, na busca de plantas com potencial de melhor adaptação a ambientes restritivos do ponto de vista hídrico e nutricional.

¹ Pesquisador, Dr., Embrapa Soja, Londrina, PR

² Estagiário de Agronomia, Universidade Norte do Paraná (UNOPAR), Londrina, PR

Abstract

In this work, soybean genotypes were selected based on the visual root hair density in the main and in lateral roots and on the measurement of length of root hairs in lines and cultivars. We evaluated 40 genotypes at the Embrapa Soja seed technology laboratory, in 2016/2017. Seeds were germinated in germitest paper rolls wetted in calcium sulfate nutrient solution. Root images were taken of seven days old seedlings. Data were tabulated and submitted to cluster analysis, separating similarities and differences between genotypes for the studied variables. In general, both data on root hair densities and lengths showed intermediate values. However, various genotypes showed extreme values, having high and low densities. The shorter root hair length was 0.30 mm and the longer ranged from 0.59 to 0.65 mm. The methodology used was useful for conducting preliminary experiments, in search of plants with potential for better adaptation to restrictive environments from the water and nutritional points of view.

Introdução

O detalhamento do sistema radicular das espécies cultivadas ganha um espaço cada vez maior, por existir diferenças genótípicas em vários traços das raízes, entre eles a densidade e o comprimento dos pelos radiculares. Estes têm grande importância na adaptação das plantas às restrições hídricas e nutricionais, sendo uma importante evolução das plantas dos ambientes aquáticos para os ambientes terrestres (RAVEN & EDWARDS, 2001). O crescimento dos pelos radiculares requer um investimento mínimo em biomassa, aumentando significativamente o raio de ação da raiz (Segal et al. (2008); Bibikova & Gilroy (2003); Lynch (2007; 2013) e White et al. (2013). Segal et al (2008) estudando plantas de cevada concluíram que, em solo arenoso, pelos longos absorvem 55% mais água que plantas sem pelos. Do aspecto nutricional, são extremamente eficientes na absorção de nutrientes de baixa mobilidade, principalmente o fósforo (P) (Gahoonia et al. (2001); Lynch, 2007). Isto ocorre porque a pilosidade promove uma atividade ácida positiva, ajudando mobilização e absorção de P, após mineralização do fósforo orgânico (Po) no solo (Brown et al. (2013). Destaca-se também que os pelos radiculares são importantes no processo de fixação biológica do nitrogênio (FBN) em leguminosas como a soja, participando da troca de moléculas que possibilitam o estabelecimento da simbiose entre a planta e as bactérias fixadoras

de N (BRECHENMACHER et al., 2010). Em soja, Wang et al. (2004), destacaram que o comprimento do pelo é pouco influenciável pelo ambiente e possui alta herdabilidade. A densidade, por sua vez, é mais influenciável pelo ambiente possuindo menor herdabilidade. No entanto, a densidade dos pelos radiculares é importante para a absorção de P, com destaque maior nas raízes basais (laterais) em comparação com a raiz principal. As duas principais avaliações feitas nos pelos radiculares são o comprimento e a sua densidade por unidade de área. A medição dos pelos pode ser feita diretamente em imagens fotográficas, com escala graduada em milímetros (GONÇALVES & LYNCH, 2014b). O número de raízes laterais, sendo muito grande, impossibilita a medição direta do comprimento de todos os pelos nas mesmas. Nesse caso, uma escala de notas (Marques Júnior et al., 1997), para a densidade dos pelos possibilita a diferenciação de genótipos de forma visual. O objetivo deste trabalho foi a seleção de genótipos de soja abundantes em pelos radiculares, como parte do programa de melhoramento genético da Embrapa.

Material e Métodos

Foram utilizados 40 genótipos de soja do programa de melhoramento da Embrapa Soja. O experimento foi realizado no laboratório de sementes da Embrapa Soja, Londrina, PR – Brasil. Os 40 genótipos foram semeados no ano de 2016/2017, organizado em forma de rotina, onde foram feitas semeaduras e coletas de dados semanais. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. Ao final do experimento, os dados foram utilizados para uma classificação dos genótipos por análise de agrupamento, ou análise de “clusters” (STATISTICA, 1995). Utilizou-se para cada amostra, três folhas de papel de germinação, duas embaixo e uma em cima das sementes, tendo os papéis as dimensões de 25 × 19 cm, que foram previamente umedecidos com 2,5 × o peso do papel, com uma solução de sulfato de cálcio a 0.5mmol. Antes de cada semeadura, 5 sementes de cada genótipo foram desinfetadas à superfície por 3 a 5 minutos em 2-3% em solução de hipoclorito de sódio (GONÇALVES & LYNCH, 2014 a,

b). As sementes foram colocadas na parte superior do papel, com o hilo voltado para baixo. Após isto as sementes foram enroladas no papel, sendo cada rolo identificado com o nome do genótipo. A cada conjunto de 5-8 rolos, foi utilizado um atilho de borracha na parte superior do conjunto e cobertos com um saco plástico, utilizando-se outro atilho na parte inferior para a manutenção da umidade do papel. As amostras foram colocadas num germinador a 26-28 °C, ao abrigo da luz, por 7 dias com uma inclinação máxima de cerca de 75°. No sétimo dia foram tomadas imagens para as avaliações da densidade e do comprimento dos pelos. Foi utilizado um microscópio digital portátil (microscópio digital Celestron 5MP) para a tomada dessas imagens digitais, juntamente com uma escala graduada em milímetros. Com a abertura dos rolos, foram escolhidas as três plântulas mais vigorosas. Estas, foram dispostas ao lado da régua, uma do lado da outra com uma etiqueta identificando a amostra para a captura de 2-4 imagens digitais. Em cada plântula foram feitas leituras na parte mais desenvolvida da raiz (a partir da primeira raiz secundária e até cerca de 5mm para baixo), focando os pelos e a escala. As imagens, em formato jpg, foram analisadas visualmente para a determinação da densidade de pelos tanto na raiz principal quanto nas laterais e também do comprimento médio dos pelos da raiz principal de cada genótipo. Foi usada uma de notas conforme Marques Junior et al.(1997) e Gonçalves et al. (2015), com notas em três níveis (do tipo alto, médio e baixo), onde foi dada a nota 3 quando o genótipo apresentava alta densidade de pelos no terço superior da raiz principal; nota 2 para uma densidade apenas média e nota 1 para baixa densidade. Da mesma forma, para a densidade de pelos nas raízes laterais, foi dada a nota 3 para alta densidade, nota 2 para média e nota 1 para poucos pelos ou quando eram ausentes. O passo seguinte foi a determinação do comprimento médio dos pelos radiculares da raiz principal a partir das imagens, com o uso de um software específico para isso (GONÇALVES & LYNCH, 2014b).

Para a determinação do comprimento dos pelos radiculares a imagem da escala foi utilizada como referência para calibração do software quanto ao número de pixels por milímetro. Em seguida foram feitas as

leituras do comprimento de cinco a oito pelos por imagem. Os arquivos das imagens foram salvos em planilhas eletrônicas e organizados em tabelas, contendo as médias das 4 repetições de cada genótipo. Por fim, as variáveis densidade visual de pelos na raiz principal, densidade visual de pelos nas raízes laterais e de medições de comprimentos de pelo da raiz principal, foram usadas para a realização da análise de agrupamento. Essa técnica evidencia relações multidimensionais entre um conjunto de observações, em um gráfico denominado dendograma ou fenograma (JOHNSON & WICHERN, 1988; FREITAS, 1998 e GONÇALVES, 2004). A medida de similaridade utilizada foi a distância euclidiana e o dendograma construído pelo método de Ward.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentados os resultados das avaliações nos genótipos de soja:

Tabela 1 – Densidade de pelos na raiz principal e nas raízes laterais e comprimento médio dos pelos radiculares (mm) da raiz principal, de 40 genótipos de soja, em plântulas germinadas por sete dias.

Identificação do Genótipo	Densidade de pelos na raiz principal ¹	Densidade de pelos nas raízes laterais ¹	Comprimento médio de pelos da raiz principal (mm) ¹
BMX Turbo RR	2,6	1,57	0,49
BMX Valente RR	2,8	2,20	0,39
BR10 50141	2,3	1,57	0,50
BR10 87465	2,4	1,10	0,38
BR10 59583	2,1	1,50	0,39
BRB11 01312	1,4	2,37	0,38
BRB11 01853	1,8	1,22	0,39
BRB11 02865	1,4	1,14	0,35
BRB11 04193	1,8	1,60	0,38
BRB11 7482	3,0	2,00	0,57
BRB11 8692	2,3	2,10	0,38
BRB12 20593	1,4	1,44	0,35

(continua)

(continuação)

BRB12 3060	1,3	1,00	0,46
BRB12 53050	2,4	1,60	0,55
BRB12 55626	2,3	1,88	0,53
BRB12 20628	2,2	1,66	0,47
BRR12 83021	1,4	1,75	0,34
BRZ13 20156	1,1	1,0	0,31
BRZ13 20409	1,3	1,25	0,36
BRZ13 23415	1,4	1,75	0,33
BRZ11 6426	1,7	2,33	0,45
BRZ11 31715 _{cv}	1,3	2,37	0,34
BRZ11 36939	1,3	1,8	0,42
BRZ11 39536	1,6	1,8	0,32
BRZ11 40208	1,9	2,62	0,35
BRR12 2511	2,3	1,12	0,48
BRR12 2507	1,8	2,50	0,48
BRR12 2526	1,6	1,60	0,53
BRR12 2577	2,0	2,40	0,65
BRR12 2497	2,0	1,33	0,48
BRZ14 10314	2,0	2,75	0,59
BRZ14 10323	1,9	2,57	0,30
BRZ14 10374	1,7	2,14	0,40
BRZ14 10430	1,5	2,37	0,40
BRZ14 10418	1,3	2,33	0,34
BRZ14 10443	1,4	2,22	0,32
BRZ14 10446	1,5	2,37	0,27
BRZ14 10453	1,1	2,28	0,31
DM 5859 Ipro	1,6	2,00	0,43
PF 11163	1,8	2,60	0,55

¹ Média de 4 repetições (3 a 5 plântulas por repetição)

A Figura 1 representa a análise de agrupamento feita pelo método de Ward, para os 40 genótipos de soja.

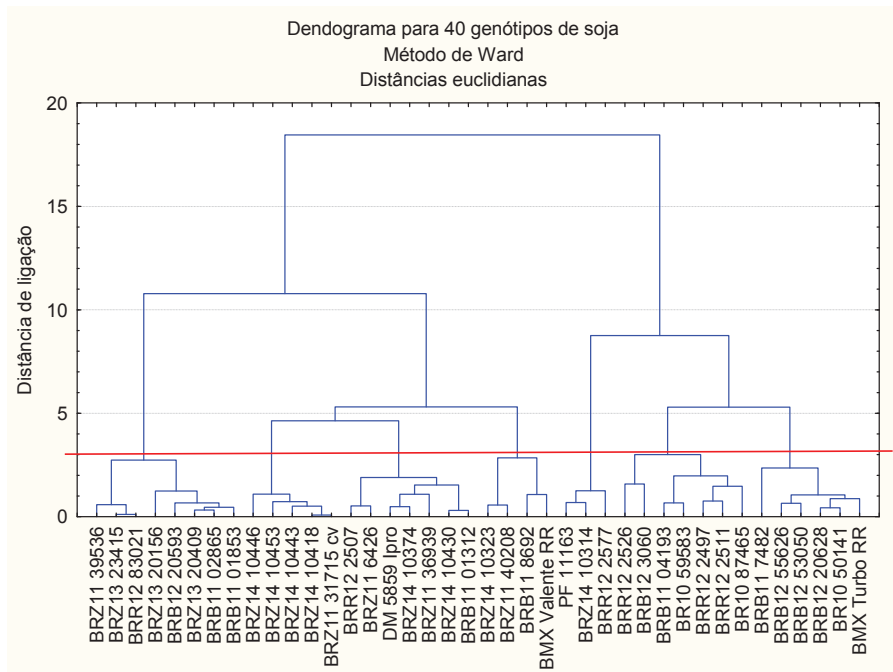


Figura 1. Dendrograma indicando a formação de sete grupos delineados pela linha de corte na distância de ligação 3,0.

Assumiu-se, neste trabalho que, são curtos, os pelos de até 0,35 mm, médios os de 0,36 a 0,45 mm e longos, os de 0,46 mm de comprimento ou mais, conforme descrito por Gonçalves et al. (2015). Na Figura 1 foram formados 7 diferentes grupos que, juntamente com os dados da Tabela 1, possibilitou a seguinte interpretação dos resultados, observando-se sempre, da esquerda para a direita: O grupo 1, formado pelos genótipos BRZ11 39536, BRZ13 23415, BRR12 83021, BRZ13 20156, BRB12 20593, BRZ13 20409, BRB11 02865 e BRB11 01853 apresentaram densidade de média a baixa na raiz principal e nas laterais. Todos os genótipos do grupo 1 tiveram o comprimento de pelos classificados como curtos, com exceção de BRB11 01853 com a classificação de médio; o grupo 2, formado pelos genótipos BRZ11 31715

cv, BRZ14 10418, BRZ14 10443, BRZ14 10446 e BRZ14 10453, que apresentaram média a baixa densidade na raiz principal e média a alta nas laterais, todos com pelos curtos; o grupo 3, formado por BRR12 2507, BRZ11 6426, DM 5859 IPRO, BRZ14 10374, BRZ11 36939, BRZ14 10430 e BRB11 01312, que mostraram densidade média a baixa na raiz principal e média a alta nas laterais (exceções para BRZ11 36939, com densidade média a baixa e DM 5859 IPRO, com densidade média), com pelos médios (exceto BRR12 2507, com pelos longos). O grupo 4 foi formado por BRZ14 10323, BRZ11 40208, BRB11 8692 e BMX Valente RR, que apresentaram densidade média a alta na raiz principal em BMX Valente RR e BRB11 8692 e densidade média a baixa na raiz principal em BRZ11 40208 e BRZ14 10323), densidade média a alta nas laterais e pelos curtos, com exceção de BMX Valente RR, com pelos médios. O grupo 5, por sua vez, foi formado por PF 11 163, BRZ14 10314 e BRR12 2577, que apresentaram média densidade na raiz principal (exceto PF 11 163, com densidade média a baixa) e média a alta nas laterais e longos pelos. O grupo 6, incluiu os genótipos BRR12 2526, BRB12 3060, BRB11 04193, BR10 59583, BRR12 2497, BRR12 2511 e BR10 87465, que mostraram densidade de média a baixa a média a alta de pelos na raiz principal e média a baixa nas laterais, além de médio comprimento de pelos, com exceção de BRB12 3060, BRR12 2526 e BRR12 2497, com pelos longos; e, por último, o grupo 7; formado pelos genótipos BRB11 7482, BRB12 55626, BRB12 53050, BRB12 20628, BR10 50141 e BMX Turbo RR, que mostraram densidade de média a alta na raiz principal, média a baixa nas laterais e longos pelos.

A importância dos pelos radiculares e sua disposição na arquitetura da raiz foi destacada por LYNCH (2007) e MIGUEL et al. (2013). Por sua vez, Gonçalves et al. (2015) destacaram que, em raízes de soja, a boa densidade de pelos radiculares laterais, aumenta significativamente a área de absorção de água e nutrientes pelo sistema radicular como um todo, uma vez que a raiz principal tende a ser insignificante diante do volume das raízes laterais.

Conclusões

No dendograma da Figura 1, foi possível formar 7 grupos, na distância de ligação de aproximadamente 3,0, com destaques:

- para os grupos que mostraram genótipos com densidade média a alta nas raízes laterais, como os grupos 2, 4 e 5;
- para os grupos que apresentaram genótipos com pelos longos, como os grupos 3, 5, 6 e 7.

Agradecimentos

Aos funcionários do laboratório de tecnologia de sementes da Embrapa Soja pela contribuição e cuidados no manuseio dos genótipos avaliados.

Referências

BIBIKOVA, T.; GILROY, S. Root hair development. **Journal of Plant Growth Regulation**, v.21, p.383-415, 2003.

BRECHENMACHER, L.; LEI, Z.; LIBAULT, M.; FINDLEY, S.; SUGAWARA, M.; SADOWSKY, M.J.; SUMNER, L.W. & STACEY. Soybean metabolites regulated in root hairs in response to the symbiotic bacterium *Bradyrhizobium japonicum*. **Plant Physiology**, v.153, p.1808-1822, 2010. Disponível em: < <http://www.plantphysiol.org/content/153/4/1808>>. Acesso em : 03 set. 2017.

BROWN, L.K.; GEORGE, T.S.; DUPUY, L.X.; WHITE, P.J. A conceptual model of root hair ideotypes for future agricultural environments: what combination of traits should be targeted to cope with limited P availability? **Annals of Botany** , v.112, p. 317-330, 2013. Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3698376/>> . Acesso em: 10 out. 2017

FREITAS, E.D. **Variabilidade sazonal da precipitação no Estado do Paraná. São Paulo, 1998.** 125f. Dissertação (Mestrado) – Instituto Astronômico e Geofísico, Universidade de São Paulo, São Paulo.

GAHOONIA, T.S.; NIELSEN, N.E.; JOSHI, P.A.; JAHOR, A. A root hairless barley mutant for elucidating genetic of root hairs and phosphorus uptake. **Plant and Soil**, v.235, p.211-219, 2001.

GONÇALVES, S.L. **Riscos de deficiência hídrica e épocas de semeadura de milho (*Zea mays* L.) na região dos Campos Gerais do Paraná.** 2004. 87f. Tese (Doutorado) UEM , Maringá.

GONÇALVES, S. L.; LYNCH, J. P. **Raízes de plantas anuais: tolerância a estresses ambientais, eficiência na absorção de nutrientes e métodos para seleção de genótipos.** Londrina: Embrapa Soja, 2014. 67p. (Embrapa Soja. Documentos, 357).

GONÇALVES, S. L.; LYNCH, J. P. (b) **Pelos radiculares: seleção de genótipos em soja, girassol e trigo.** Londrina: Embrapa Soja, 2014. 24 p. (Embrapa Soja. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 7).

JOHNSON, A. R.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis.** 2. ed. New Jersey: [s.n.], 1988. 607p.

LYNCH, J.P. Roots of second green revolution. **Australian Journal of Botany**, v.55, p. 493-512, 2007. Disponível em: < https://www.researchgate.net/publication/267880944_Roots_of_the_Second_Green_Revolution > . Acesso em: 15 ago. 2017.

MARQUES JÚNIOR, O.G.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. Viabilidade do emprego de notas na avaliação de alguns caracteres do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, v.44, n.254, p.411-420, 1997.

MIGUEL, A.; WIDRIG, A.; VIEIRA, R.F.; BROWN, K.M.; LYNCH, J.P. Basal root whorl number: a modulator of phosphorus acquisition in common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Annals of Botany**, p. 1-10; 2013. Disponível em: <[https://academic.oup.com/aob/search-results?page=1&q=%20Basal%20root%20whorl%20number%3A%20a%20modulator%20of%20phosphorus%20acquisition%20in%20common%20bean%20\(Phaseolus%20vulgaris\).%20&fl_SiteID=5260&allJournals=1&SearchSourceType=1](https://academic.oup.com/aob/search-results?page=1&q=%20Basal%20root%20whorl%20number%3A%20a%20modulator%20of%20phosphorus%20acquisition%20in%20common%20bean%20(Phaseolus%20vulgaris).%20&fl_SiteID=5260&allJournals=1&SearchSourceType=1)>. Acesso em : 17 set. 2017.

RAVEN, J.A.; EDWARDS, D. Roots: evolutionary origins and biogeochemical significance. **Journal of Experimental Botany**, v.52, p.381-401, 2001.

SEGAL, E.; KUSHNIR, T.; MUALEM, Y.; SHANI, U. Water uptake and hydraulics of the root hair rhizosphere. **Vadose Zone Journal**, v. 7, N.3, p.1027-1034, 2008.

WANG, L.; LIAO, H.; YAN, X.; ZHUANG, B.; DONG, Y. Genetic variability for root hairs traits as related to phosphorus status in soybean. **Plant and Soil**, v.261, p.77-84, 2004.

Embrapa

Soja

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA, PECUÁRIA
E ABASTECIMENTO



CGPE 14142