

THAYSE CRISTINE VIEIRA PEREIRA

**SUBSÍDIOS PARA APLICAÇÃO DO MELHORAMENTO
VEGETAL NA ARQUITETURA DE RAÍZES DO FEIJÃO:
PARÂMETROS GENÉTICOS E DIVERSIDADE ENTRE
LINHAGENS ELITE.**

Dissertação apresentada ao curso de Mestrado em Produção Vegetal, da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Vegetal.

Orientador: Jefferson Luís Meirelles Coimbra
Co-orientadora: Ana Carolina da Costa Lara Fioreze

**LAGES, SC
2016**

Pereira, Thaysse Cristine Vieira
Subsídios Para Aplicação Do Melhoramento Vegetal
Na Arquitetura De Raízes Do Feijão: Parâmetros
Genéticos E Diversidade Entre Linhagens Elite. /
Thaysse Cristine Vieira Pereira. Lages - 2016.
68 p.

Orientador: Jefferson Luís Meirelles Coimbra
Co-orientador: Ana Carolina da Costa Lara
Fioreze
Dissertação (Mestrado) - Universidade do Estado
de Santa Catarina, Centro de Ciências
Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em
Produção Vegetal, Lages, 2016.

1. Seleção de Genitores. 2. Phaseolus vulgaris L
. 3. Raiz . 4. Herança. I. Coimbra, Jefferson Lu?s
Meirelles. II. Fioreze, Ana Carolina da Costa Lara
. , .III. Universidade do Estado de Santa
Catarina, Centro de Ciências Agroveterinárias,
Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal. IV.
Titulo.

Ficha catalográfica elaborada pelo autor, com auxílio do
programa de geração automática da Biblioteca Setorial do
CAV/UDESC.

THAYSE CRISTINE VIEIRA PEREIRA

**SUBSÍDIOS PARA APLICAÇÃO DO MELHORAMENTO
VEGETAL NA ARQUITETURA DE RAÍZES DO FEIJÃO:
PARÂMETROS GENÉTICOS E DIVERSIDADE ENTRE
LINHAGENS ELITE.**

Dissertação apresentada ao curso de Mestrado em Produção Vegetal, da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Vegetal.


Banca Examinadora

Orientador: _____
Prof. Dr. JEFFERSON LUÍS MEIRELLES COIMBRA

Professor do Departamento de Agronomia do Centro de Ciências
Agroveterinárias – CAV/UDESC

Membro Interno: _____
Prof. Dr. ALTAMIR FREDERICO GUIDOLIN

Professor do Departamento de Agronomia do Centro de Ciências
Agroveterinárias – CAV/UDESC

Membro Externo: _____ 
Prof. Dr.: Samuel Luiz Fioreze

Professor do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de
Santa Catarina – UFSC/Curitibanos

Lages - SC, 15/07/2016

Aos meus filhos, Carlos
Eduardo e Valentina,
dedico...

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, primeiramente. A Universidade do Estado de Santa Catarina/UEDESC, em especial ao Centro de Ciências Agroveterinárias/CAV, pela estrutura excepcional que possui para a formação do aluno. A minha mãe agradeço eternamente por estar sempre ao meu lado, e propiciar que eu exercesse a maternidade com qualidade durante todo o curso. Aos meus filhos Carlos Eduardo e Valentina pela motivação incondicional, capaz de nunca me deixar desistir. Aos colegas do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular da UDESC - IMEGEM pela convivência, aprendizado e todo trabalho realizado.

“Sobrevive aquele que se adapta às
mudanças”.

Autor desconhecido

RESUMO

PEREIRA, Thayse Cristine Vieira. **Subsídios para aplicação do melhoramento vegetal na arquitetura de raízes do feijão: Parâmetros genéticos e diversidade entre linhagens elite**. 2016. 62 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Lages, 2016.

Os fatores abióticos mais importantes que afetam o rendimento da cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) são a baixa fertilidade do solo, a deficiência hídrica e as altas temperaturas. De acordo com os modelos climáticos recentes, a disponibilidade de água pode ficar ainda mais restrita, de modo que a agricultura de baixa entrada passa a ter cada vez maior relevância. As características mais promissoras para melhorar a tolerância/resistência ao déficit hídrico e otimizar a absorção de nutrientes descritas na literatura estão relacionadas ao sistema de raízes. O objetivo foi fornecer subsídios para aplicação do melhoramento vegetal na arquitetura de raízes do feijão, determinando os parâmetros genéticos do caráter e a diversidade entre linhagens elite. Para tantos dois experimentos foram conduzidos. No primeiro foi avaliada a arquitetura de raízes do feijão em populações fixas e segregantes comparativamente, determinando a herdabilidade do caráter e a distribuição da variação genética aditiva e não aditiva ao longo das gerações segregantes (F₃, F₄, F₅ e F₆). No segundo experimento foram avaliados 20 genótipos elite quanto a oito caracteres de importância agrônômica, incluindo a arquitetura das raízes, com os objetivos de prever a divergência genética entre linhagens elite e selecionar genitores para compor blocos de cruzamentos. Os resultados obtidos no primeiro experimento permitem inferir que a seleção para raízes no

feijão deve ser realizada em gerações avançadas. Com o segundo experimento ficou constatado a divergência genética significativa entre linhagens elite para a arquitetura de raízes. Fato que possibilita um avanço genético inicial para o melhoramento de raízes, não necessitando a busca a priori de alelos favoráveis em genótipos crioulos. Situação que tornaria o desenvolvimento de uma cultivar eficiente muito mais dispendioso.

Palavras-chave: Seleção de Genitores. *Phaseolus vulgaris* L.
Raiz. Herança.

ABSTRACT

PEREIRA, Thayse Cristine Vieira. **Subsidies for the application of plant breeding in bean root architecture: Genetic parameters and diversity among elite lines.** 2016. 82 f. Dissertation (Master of Plant Production) University of the State of Santa Catarina. Postgraduate Program in Plant Production, Lages, 2016.

The important abiotic factors that influence yield of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) are the infertility of the soil, drought and high temperatures. Recent climate models predict that water availability can be even more restricted, so that the low input agriculture has greater relevance. The promising traits to improve tolerance / resistance to water deficit and optimizing the absorption of nutrients are described in the literature related to the root system. The objective was to provide subsidies for the application of plant breeding in bean roots of architecture, determining the genetic parameters of the character and diversity among elite lines. Two experiments were conducted. The first was evaluated bean root architecture in fixed and segregating populations compared. Determining the heritability of the character and distribution of additive genetic variation and not additive along the segregating generations (F3, F4, F5 and F6). In the second experiment evaluated 20 genotypes elite as the eight characters of agronomic importance, including the architecture of roots, aiming to predict the genetic divergence among elite lines and select parents to compose crossings blocks. The results of the first experiment allowed, in short, to infer that the selection for roots in the beans should be done in advanced generations. In the second experiment it was found significant genetic divergence between elite lines to root architecture. This fact allows an initial genetic breeding step

for roots, the search does not require a priori favorable alleles in landraces. Situation that would make the development of an efficient growing more expensive.

Keywords: Parents selection. *Phaseolus vulgaris* L. Root. Inheritance

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Raízes expostas no perfil do solo e gradiente para quantificação 0 – 0,30m. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016..... 35
- Figura 2- Precipitação pluviométrica acumulada para o município de Lages – SC durante os meses de novembro de 2014 a fevereiro de 2015. IMEGEM/UDESC, 2016.. 37
- Figura 3- Predição do valor genético da distribuição de raízes de 12 populações de feijão avaliadas em quatro gerações segregantes F₃, F₄, F₅ e F₆ na profundidade 0–0,10m. As colunas externas referem-se aos genitores e as centrais as progênes nas diferentes gerações. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016. 39
- Figura 4 - Predição do valor genético da distribuição de raízes de 12 populações de feijão avaliadas em quatro gerações segregantes F₃, F₄, F₅ e F₆ na profundidade 0,10–0,20m. As colunas externas referem-se aos genitores e as centrais as progênes nas diferentes gerações. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016. 40
- Figura 5 - Predição do valor genético da distribuição de raízes de 12 populações de feijão avaliadas em quatro gerações segregantes F₃, F₄, F₅ e F₆ na profundidade 0,20–0,30m. As colunas externas referem-se aos genitores e as centrais as progênes nas diferentes gerações. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016. 41
- Figura 6 - Ângulo de raiz basal de feijão mensurado com auxílio de gabarito transferidor. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016. 49

Figura 7 - Dendograma referente ao agrupamento de 20 genótipos de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliados quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agronômica. A divergência genética foi estimada utilizando o Índice de Dissimilaridade de Mahalanobis (D^2) e o método de agrupamento utilizado foi UPGMA, com um coeficiente de correlação cofenética de 0,83. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016. 56

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 - Caracterização morfológica dos genitores de feijão que compõem o dialelo. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016..... 34
- Tabela 2 - Médias e resumo da análise de variância univariada (ANOVA) de linhagens elite de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliadas quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agronômica. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016..... 51
- Tabela 3 - Resumo da análise de variância multivariada (MANOVA), por meio de quatro testes estatísticos, indicando a probabilidade do teste F para 20 genótipos de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliados quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agronômica. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016. 53
- Tabela 4 - Divergência genética estimada pelos coeficientes de dissimilaridade de Mahalanobis (D^2) para 20 linhagens elite de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliadas quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agronômica. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016. 55
- Tabela 5 - Coeficientes canônicos padronizados (CCP) e a estatística de teste da razão de verossimilhança (Λ) das oito variáveis respostas, separadamente para cada contraste testado entre grupos e linhagens elite de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliadas quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agronômica. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016. 57

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL.....	27
2 PARÂMETROS GENÉTICOS DA ARQUITETURA DO SISTEMA DE RAÍZES NO FEIJÃO.....	30
2.1 RESUMO	30
2.2 INTRODUÇÃO	31
2.3 MATERIAL E MÉTODOS	32
2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	36
2.5 CONCLUSÕES.....	44
3 SELEÇÃO DE GENITORES PROMISSORES PARA ARQUITETURA DO SISTEMA DE RAÍZES DE FEIJÃO.....	45
3.1 RESUMO	45
3.2 INTRODUÇÃO	45
3.3 MATERIAL E MÉTODOS	47
3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	50
3.5 CONCLUSÃO	60
REFERÊNCIAS.....	61

1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijão (*Phaseolus vulgaris L.*) é uma leguminosa, pertencente à família das fabáceas, de grande importância econômica e social (ASSEFA et al., 2014). Este grão constitui uma fonte barata de proteínas (22%), vitaminas e nutrientes minerais (MIKLAS et al., 2006). Possuindo assim, notável destaque na alimentação da sociedade de baixa renda, em todo o mundo (KIMANI e DEDERA, 2009).

Produzido em diversas regiões do planeta e em praticamente todo o território brasileiro, sob as mais diversas condições de ambiente, o feijão é cultivado principalmente por pequenos e médios produtores. Sendo que aproximadamente 60% do feijão mundial é cultivado sobre condições de estresses hídricos e nutricionais (BEEBE, 2012), o que pode gerar perdas superiores a 50% no rendimento de grãos (WORTMANN, 1998).

Nas últimas décadas o melhoramento de plantas obteve grande progresso no desenvolvimento de novas cultivares, criando genótipos cada vez mais produtivos (BARILI et al., 2015). Contudo, as cultivares modernas sempre foram selecionadas para responder a ambientes ótimos (WISSUWA et al., 2009). A agricultura de baixa entrada traz uma nova preocupação para o melhoramento vegetal: será necessário adequar a planta ao ambiente? A importância de concentrar esforços para criar constituições genotípicas que apresentem bom desempenho em condições de ambiente limitantes é eminente (BEEBE et al., 2008).

A seca é a maior limitação do rendimento agrícola a nível mundial, e está se tornando mais preocupante com o aquecimento global (STONE et al., 2014). A baixa fertilidade do solo é um constrangimento primário, muitas vezes negligenciado pelas altas doses de fertilizantes utilizadas (RAMAEKERS et al., 2010). Como forma de minimizar os prejuízos relacionados aos estresses abióticos a agricultura

contemporânea utiliza amplamente corretivos, fertilizantes e irrigação, entre outros recursos, adaptando o ambiente a planta. Genótipos com sistema de raízes bem desenvolvido podem capturar água e nutrientes com maior eficiência (WASSON et al., 2012). Reduzindo a dependência da fertilização intensiva e da irrigação.

As raízes já foram alvo do melhoramento de plantas na busca de características benéficas que conferem resistência a pragas e patógenos de solo (BERNARDI, 2008). A fixação de nitrogênio atmosférico através de simbiose com bactérias fixadoras nas raízes de leguminosas representa outra situação em que as raízes foram objeto de seleção (BOHRER et al., 1998). A manipulação do sistema de raízes também pode oferecer aumentos na captação de recursos hídricos e nutricionais, mas essas características só despertaram real interesse dos programas de melhoramento genético recentemente.

A arquitetura de raízes, termo utilizado para uma avaliação global do sistema de raízes, influencia o volume de solo que as raízes podem explorar. Existem expectativas de que a modificação da anatomia de raízes pode reforçar o desempenho da planta no campo (BURRIDGE et al., 2016). A introdução da variação alélica *DROI* em linhas de arroz para aumentar o ângulo de crescimento de raízes levou a plantas de enraizamento mais profundo e um maior rendimento sob condições de seca.

Em outro exemplo, as raízes das plantas de feijão foram modificadas para aumentar a captura de fósforo (BURTON et al., 2013). A seleção a campo de variedades de feijão com um menor ângulo de raiz basal (para melhorar a exploração do solo superficial) e pelos de raízes longos (para aumentar o contato com o solo) levaram a um aumento de quase 300% na biomassa de plantas em solos com fósforo, incremento duas vezes maior que o esperado pelos benefícios aditivos dessas características de forma isolada.

Ao longo da última década, muitas QTLs, genes e vias moleculares que controlam a arquitetura do sistema de raízes foram descobertos (TOOP et al., 2013; KELLERMEIER et al., 2013; HAGERTY et al., 2015). No entanto, raramente essas informações têm sido utilizadas com sucesso para o avanço da produção vegetal. Faltam informações que auxiliem os melhoristas a definir quando e como realizar a seleção para raízes. Assim, o objetivo deste estudo foi fornecer subsídios para aplicação do melhoramento vegetal na arquitetura de raízes do feijão, determinando os parâmetros genéticos do caráter e a diversidade entre linhagens elite.

2 PARÂMETROS GENÉTICOS DA ARQUITETURA DO SISTEMA DE RAÍZES NO FEIJÃO

2.1 RESUMO

O objetivo foi avaliar a arquitetura de raízes do feijão em populações fixas e segregantes comparativamente, determinando a herdabilidade do caráter e a distribuição da variação genética aditiva e não aditiva ao longo das gerações segregantes, como subsídios para o melhoramento. Foram avaliados no mesmo ambiente quatro genitores (populações fixas) e 48 populações segregantes. Sendo 12 progênes, resultantes de um cruzamento dialelo completo com recíprocos, em quatro gerações (F_3 , F_4 , F_5 , F_6). O delineamento utilizado foi de blocos aumentados (3 blocos), com quatro tratamentos comuns (genitores) e 48 tratamentos regulares (segregantes). A análise evidenciou a divergência da arquitetura do sistema de raízes entre as populações, nas diferentes gerações e profundidades. Foram realizadas análises contrastando, em cada geração e profundidade, a posição relativa dos heterozigotos em relação à média dos seus respectivos genitores homozigotos. As progênes na geração F_3 apresentaram desempenho promissor, atribuído a variância genética não aditiva. No entanto, foram relatados baixos índices de herdabilidade nesta geração nas profundidades 0-0,10m (16 % $h^2_{F_3-F_4}$), 0,10-0,20m (-52% $h^2_{F_3-F_4}$) e 0,20-0,30m (-11% $h^2_{F_3-F_4}$). Devido à falta de tecnologia, para obtenção de híbridos economicamente viáveis para a cultura do feijão, esse vigor heterótico não pode ser explorado comercialmente. Com o aumento da homozigose ocorre o predomínio da variância genética aditiva. Índices de herdabilidade satisfatórios foram obtidos com a seleção na geração F_4 para profundidades 0-0,10m (59% $h^2_{F_4-F_5}$) e 0,10-0,20m (89% $h^2_{F_4-F_5}$). Enquanto que para a profundidade 0,20-0,30m somente na geração F_5 a herdabilidade realizada atingiu 52% $h^2_{F_5-F_6}$, representando um

grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético confiável. Assim, visando à formação de uma linhagem homozigota a condução de mais gerações de autofecundação é recomendada para a seleção efetiva de raízes no feijão.

2.2 INTRODUÇÃO

Os fatores abióticos mais importantes que afetam o rendimento da cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) são a baixa fertilidade do solo, a seca e as altas temperaturas (ASSEFA et al., 2014). A arquitetura de raízes é promessa para melhoria da produtividade agrícola em condições limitantes (HENRY et al., 2010). Plantas com um sistema de raízes profundo e bem distribuído possuem maior eficiência no uso dos recursos hídricos e nutricionais (HO et al., 2005).

No entanto, apesar das previsões climáticas que apontam menor entrada de água nos sistemas agrícolas (LOBELL e GOURDJI, 2012), das projeções de aumento populacional e aumento na demanda da produção de alimentos (RAMALHO et al., 2009), da escassez ou estagnação futura dos recursos nutricionais (LYNCH, 2011) e da importância do sistema de raízes perante esses fatos, a seleção de raízes no campo não tem sido rotina nos programas de melhoramento vegetal (HERDER et al., 2010). Por razões práticas, os esforços dos melhoristas são focados tipicamente em melhorias nas características acima do solo, com ênfase óbvia sobre o rendimento de grãos.

Faltam informações que auxiliem os melhoristas a definir como e quando realizar efetivamente a seleção para raízes. Nas últimas décadas existiram avanços nos estudos com raízes (JUNG e MCCOUCH, 2013). Foram classificados genes que controlam alguns caracteres de raízes específicos (LIAO et al., 2004). Também foram realizados estudos que relacionam o desenvolvimento de raízes com diversos fatores como

hormônios (SREEVIDYA et al., 2010), nutrientes (JOST et al., 2009), níveis de água (MOLINA et al., 2001), populações microbianas (LYNCH, 2007). Porém, a literatura é dispersa, altamente fragmentada e complexa de compilar. Os resultados obtidos até o momento não permitem uma compreensão sistêmica da genética da raiz em condições de campo.

O conhecimento dos componentes fenotípicos e genotípicos na expressão da arquitetura de raízes, nas condições reais de cultivo, é essencial para seleção bem-sucedida de genótipos adaptados à agricultura de baixa entrada (BURRIDGE et al., 2016). Estudos sobre a variação genética e herança de raízes no feijão são incipientes na comunidade científica (ARAÚJO et al., 2005; TOALDO et al., 2013; DE MELO et al., 2016). As estimativas destes parâmetros são fundamentais, pois permitem a identificação da natureza da ação gênica envolvida no controle do caráter (CRUZ et al., 2011), possibilitando uma avaliação preliminar da eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos na seleção de constituições genotípicas superiores.

O objetivo foi avaliar a arquitetura de raízes do feijão em populações fixas e segregantes comparativamente, determinando a herdabilidade do caráter e a distribuição da variação genética aditiva e não aditiva ao longo das gerações segregantes, como subsídios para o melhoramento.

2.3 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no campo experimental do Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV) da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) em Lages, SC, cuja localização é 27° 47'S de latitude, 50° 18'W de longitude e 920 metros de altitude. O solo no local do estudo é classificado como Cambissolo Húmico Alumínico Léptico, com um horizonte A moderado, textura argilosa e relevo ondulado, e tem as seguintes propriedades: 34% de argila; pH

da água 5,93; potencial de acidez pelo método PMS 5,21; 10,06 mg dm³ P; 80 mg dm³ K, 2,61% OM; 5,42 cmol dm³ Ca; e 2,10 cmolc dm³ Mg. O preparo do solo foi realizado no sistema convencional, com uma aração e duas gradagens leves. A adubação foi realizada com base nos resultados da análise de solo. Não foi realizada adubação de base, apenas adubação de nitrogênio em cobertura, utilizando 50 kg.ha⁻¹. O manejo fitossanitário foi realizado conforme a necessidade da cultura e o controle das plantas daninhas por meio de capina manual.

Quatro genitores de feijão foram hibridados no ano de 2009, em um esquema dialelo completo com recíprocos, resultando em 12 progênies. A caracterização morfológica destes genitores é apresentada na Tabela 1. Anualmente cada geração segregante foi obtida a campo, onde as progênies foram conduzidas pelo método da população. No ano de 2015/2016, foram avaliados no mesmo ambiente os quatro genitores (populações fixas) e 48 populações segregantes, sendo 12 progênies em quatro gerações segregantes (F₃, F₄, F₅, F₆). O delineamento utilizado foi de blocos aumentados (3 blocos), com quatro tratamentos comuns (genitores) e 48 tratamentos regulares (segregantes). As parcelas foram compostas de quatro linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,45 m. Foi utilizada uma densidade de semeadura de 15 plantas por metro linear, desconsiderando as linhas externas, com duas plantas por metro, onde foram abertas as trincheiras para avaliação de raízes.

As raízes foram avaliadas em plena floração (quando ocorre o máximo desenvolvimento de raízes) pelo método do perfil descrito por Bohm (1979), com modificações. O método é não destrutivo, por isso importante para gerações segregantes. A fase de plena floração de cada população foi confirmada quando 50% das plantas por parcela tiveram pelo menos uma flor aberta. Foram abertos perfis perpendiculares à linha de semeadura nas linhas externas da unidade experimental, a 0,05m das plantas e as raízes foram expostas com hastes

pontiagudas. A distribuição de raízes foi medida por uma moldura retangular de madeira (0,3m de altura x 0,5m de largura), subdividida em 60 células (lados 0,05 m). A distribuição de raízes foi avaliada por meio de imagem digital, em três camadas no perfil do solo 0-0,10m; 0,10-0,20m e 0,20-0,30m (Figura 1).

Tabela 1 - Caracterização morfológica dos genitores de feijão que compõem o dialeto. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016.

Caráter ^a	Genótipo			
	B07	B50	B09	Uirapuru
CDF	Lilás escuro	Branca	Roxa	Roxa
HDC	Tipo III	Tipo III	Tipo III	Tipo II
CCV	46,0	45,0	45,0	43,0
IPL	0,14	0,10	0,16	0,11
ETP	1,93	0,75	1,17	0,68
GCM	Preto	Carioca	Preto	Preto
DR10	0,90	0,91	0,92	0,85
DR20	0,52	0,48	0,58	0,46
DR30	0,07	0,19	0,10	0,07

Fonte: produção do próprio autor.

NOTAS: ^aCDF: Cor da flor; HDC: Hábito de crescimento; CCV: ciclo vegetativo em dias; IPL: altura da inserção do primeiro legume (m); ETP: Estatura da planta (m); GCM: Grupo comercial; DR10: distribuição de raízes de 0-0,10m; DR20: distribuição de raízes de 0,10-0,20m; DR30: distribuição de raízes de 0,20-0,30m.

Figura 1 - Raízes expostas no perfil do solo e gradiente para quantificação 0 – 0,30m. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016.



Fonte: Produção do próprio autor.

O sistema de raízes foi avaliado em escala binária (presença=1 e ausência=0 de raiz em cada quadrícula). Para atender aos pressupostos do modelo, foi utilizado o modelo linear generalizado misto (BOLKER et al. 2008). O modelo estatístico utilizado é: $y_{ijkl} = \mu + b_i + pop(ger*prof)_{jkl} + e_{ijkl}$, onde: μ é o efeito fixo associado à média geral, b_i é o efeito aleatório devido ao i -ésimo nível do fator bloco, $pop(ger*prof)_{jkl}$ é o efeito aleatório do j -ésimo nível do fator população, aninhado ao k -ésimo nível do fator geração, no l -ésimo nível do fator profundidade e e_{lij} - efeito aleatório do erro experimental.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software estatístico SAS 9.2 (SAS INSTITUTE, 2009),

utilizando o procedimento GLIMMIX. Este procedimento tem a vantagem de trabalhar com diferentes distribuições e erros correlacionados, além da previsão de efeitos aleatórios na presença de efeitos fixos (LITTELL et al., 2006). As progênies e os pais foram comparados por contrastes não ortogonais, utilizando o teste t, tal como proposto pela McLean et al. (1991).

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade (h^2) para as profundidades 0-0,10m, 0,10-0,20m e 0,20 - 0,30m, com base na fórmula proposta por Fehr (1987):

$$h_{Fn:F_{n+1}}^2 = \frac{\bar{X}_{\text{high},Fn+1} - \bar{X}_{\text{low},Fn+1}}{\bar{X}_{\text{high},Fn} - \bar{X}_{\text{low},Fn}}$$

Em que: $X_{\text{high},Fn+1}$ é o desempenho médio das progênies F_{n+1} selecionadas com maior distribuição de raízes na geração F_n ; $X_{\text{low},Fn+1}$ é o desempenho médio das progênies F_{n+1} selecionadas com menor distribuição de raízes na geração F_n ; $X_{\text{high},Fn}$ é o desempenho médio das progênies F_n com maior distribuição de raízes e $X_{\text{low},Fn}$ é o desempenho médio das progênies F_n com menor distribuição de raízes. Para fins de cálculo considerou-se a seleção de três progênies, isto é, uma intensidade de seleção simulada de 25%.

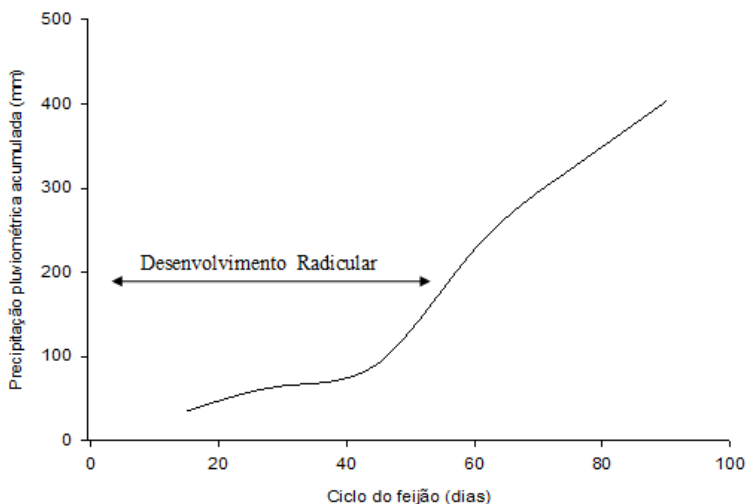
2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise evidenciou a divergência da arquitetura do sistema de raízes entre as populações, nas diferentes gerações e profundidades ($\text{Prob} > F = < 0,0001$). Em contraponto, o efeito de bloco não foi significativo ($\text{Prob} > F = 0,7253$). Estes resultados mostram que as condições de ambiente durante a condução do experimento foram homogêneas e também permitiram diferenciar os tratamentos.

A baixa precipitação pluviométrica acumulada durante o desenvolvimento de raízes (Figura 2), somada à omissão da adubação de base, caracterizaram o ambiente de condução do

experimento como restritivo para a cultura do feijão (VIEIRA et al., 2013). As raízes são ambientalmente plásticas e durante seu desenvolvimento respondem aos estímulos externos (MCCLEAN et al., 2011). Sendo os ambientes rústicos promotores de uma maior capacidade na discriminação dos indivíduos (WASSON et al. 2012). Fato auspicioso para o estudo dos parâmetros genéticos da arquitetura de raízes (YORK et al. 2015).

Figura 2- Precipitação pluviométrica acumulada para o município de Lages – SC durante os meses de novembro de 2014 a fevereiro de 2015. IMEGEM/UEDESC, 2016.



Fonte: INMET, 2016.

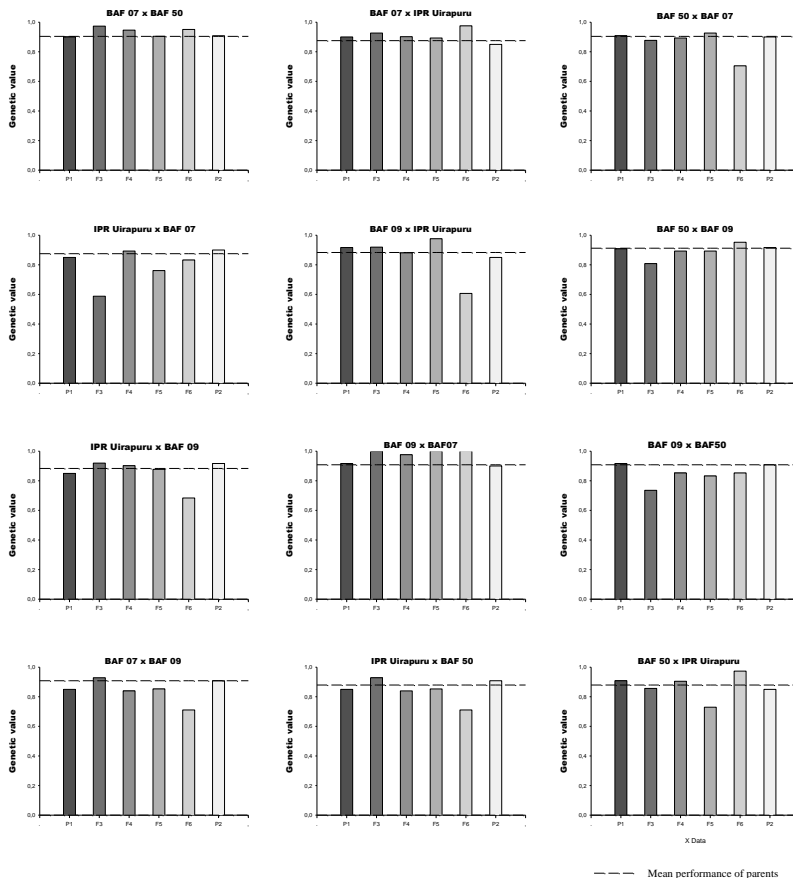
Quando as condições são favoráveis para o caráter, a capacidade de diferenciar os genótipos é inferior (CECCARELLI e GRANDO, 1991). Pois, o ambiente pode mascarar fortemente os efeitos genéticos de caracteres

quantitativos, influenciando todas as constituições genotípicas positivamente (PEREIRA et al, 2016). Nesse sentido, o estudo da distribuição da variância genética ao longo de gerações segregantes conduzido em um único ambiente restritivo é vantajoso. Permitindo que o efeito da geração não seja confundido com o efeito aleatório de cada ano agrícola (DE MELO et al., 2016).

O sistema de raízes do feijão se desenvolve de maneira desuniforme, e cada camada no perfil do solo possui uma relevância distinta (LYNCH et al., 2011). As primeiras camadas do solo avaliam o desenvolvimento superficial de raízes, e sua importância está relacionada com a maior absorção de nutrientes pela fertilização na camada arável (RAMAEKERS et al., 2010). De modo contrário, quanto mais profundas forem as raízes maior será sua relação com uma melhor absorção de água e de nutrientes absorvidos por fluxo de massa (ZADRAZNIK et al., 2013). Dessa maneira as comparações entre o valor genético (Blup - best linear unbiased prediction / melhor preditor linear não viesado) das populações dentro de cada geração e seu respectivo pai médio, conforme estrutura de interesse, são apresentadas e analisadas separadamente nas profundidades: 0–0,10m (Figura 3), 0,10–0,20 m (Figura 4) e 0,20–0,30 m (Figura 5).

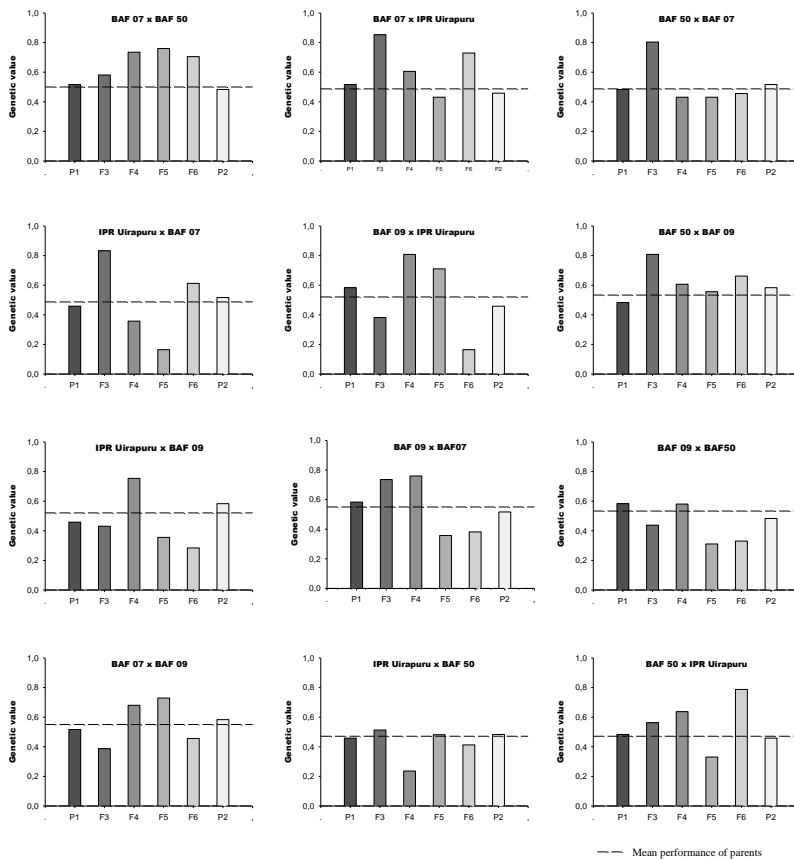
As análises foram realizadas avaliando a posição relativa dos heterozigotos em relação à média dos seus genitores homozigotos. A heterose é expressa quando os híbridos possuem desempenho diferente da média dos pais (SHULL, 1908). Conforme generalizações do grau médio de dominância, as seguintes interações podem ocorrer: *i*) Desempenho da progênie similar ao desempenho do pai médio, atribuído a variação aditiva; *ii*) Desempenho da progênie discrepante ao desempenho do pai médio, atribuído a variação não aditiva.

Figura 3- Predição do valor genético da distribuição de raízes de 12 populações de feijão avaliadas em quatro gerações segregantes F₃, F₄, F₅ e F₆ na profundidade 0–0,10m. As colunas externas referem-se aos genitores e as centrais as progênes nas diferentes gerações. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016.



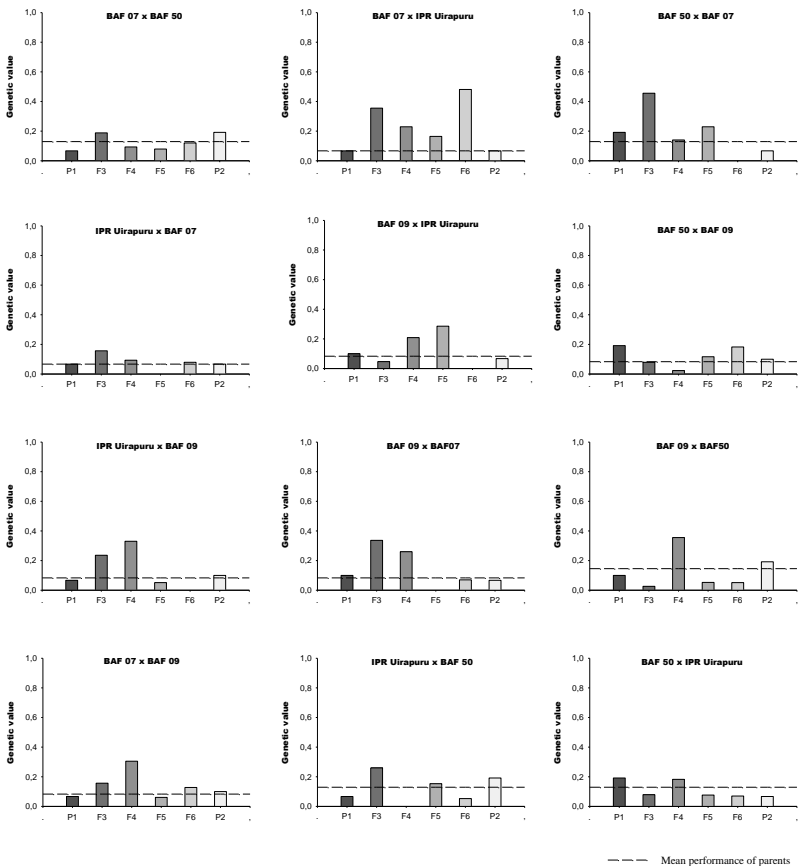
Fonte: Produção do próprio autor.

Figura 4 - Predição do valor genético da distribuição de raízes de 12 populações de feijão avaliadas em quatro gerações segregantes F₃, F₄, F₅ e F₆ na profundidade 0,10–0,20m. As colunas externas referem-se aos genitores e as centrais as progênes nas diferentes gerações. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016.



Fonte: Produção do próprio autor.

Figura 5 - Predição do valor genético da distribuição de raízes de 12 populações de feijão avaliadas em quatro gerações segregantes F_3 , F_4 , F_5 e F_6 na profundidade 0,20–0,30m. As colunas externas referem-se aos genitores e as centrais as progênes nas diferentes gerações. UDESC-IMEGEM, Lages SC, 2016.



Fonte: Produção do próprio autor

Na profundidade 0–0,10m diferenças significativas entre as populações fixas e segregantes foram relatadas somente na geração F₃. A variação atribuída a fatores não aditivos nessa geração foi de 17%. Todas as populações segregantes na geração F₄ apresentaram desempenho similar a média dos pais, assim a variação pode ser atribuída aos fatores aditivos (MUKAMUHIRWA et al. 2015). De maneira análoga, as gerações F₅ e F₆ apresentaram a mesma tendência de comportamento, não diferindo da população F₄.

A herdabilidade realizada calculada para a primeira camada do solo é de 16% $h^2_{F_3-F_4}$, 48% $h^2_{F_4-F_5}$ e já atinge 59% $h^2_{F_5-F_6}$. A baixa diversidade entre a distribuição de raízes e os altos índices de herdabilidade determinam a fixação da distribuição de raízes na profundidade 0–0,10m a partir da geração F₄. Segundo Miguel et al. (2013) os genótipos de feijão apresentam de maneira geral maior desenvolvimento de raízes na camada 0,05-0,15m. A magnitude da heterose depende também de os genitores terem ou não alelos contrastantes para a distribuição de raízes em seu genoma (MELCHINGER, 2010). Assim, outra hipótese para a semelhança do desenvolvimento de raízes superficial no solo seria a falta de variabilidade entre os genitores envolvidos (Tabela 1).

Na análise dos gráficos na profundidade 0,10-0,20m percebe-se aumento do número de contrastes significativos em relação a profundidade 0–0,10m. Nesta segunda camada do perfil do solo 42% das comparações representam a variância não aditiva em F₃. Porém, com o avanço das gerações o número de indivíduos superiores aos pais decresce. A redução é gradativa nas gerações F₄ (33%), F₅ (17%) e F₆ (8%). Com o avanço das gerações os filhos regressam ao desempenho médio dos pais (POLIZELLO, 2011).

A quantidade de raízes foi substancialmente inferior na profundidade 0,20-0,30m, no entanto o comportamento dos heterozigotos comparados ao respectivo pai médio foi similar a profundidade 0,10-0,20m. Na última camada do solo a maior

proporção de indivíduos heteróticos que superaram os pais ocorreu em F₃ (58%) e reduções graduais foram relatadas nas gerações F₄ (50%), F₅ (17%) e F₆ (8%). A distribuição de raízes menos pronunciada nas profundidades maiores já era esperada, pois faz parte do aspecto morfológico das plantas (LYNCH, 1995). Outra justificativa para a redução de raízes em profundidade é o fato da seleção ser comumente realizada em condições ótimas de água e nutrientes, negligenciando a capacidade adaptativa dos genótipos (LYNCH et al., 2007).

Os resultados obtidos corroboram os apresentados por De Melo (2016) que relatou uma maior distribuição de raízes do feijão nas gerações iniciais e diferenças entre progênie e genitores menos evidenciadas nas gerações F₅ e F₆. A diminuição da superioridade dos heterozigotos com o avanço das gerações é atribuída ao aumento dos locos em homozigose (FEHR, 1987). O aumento da heterose nas gerações iniciais pode ser justificado por uma maior dissimilaridade entre os genitores nas camadas mais profundas do solo ou ainda por uma maior capacidade de combinação específica (ALLARD, 1971).

Assim como a variância aditiva, a herdabilidade da arquitetura de raízes aumentou sucessivamente com os ciclos de autofecundação nas três profundidades avaliadas. Apesar do maior desenvolvimento de raízes nas gerações iniciais, os valores de herdabilidade são relativamente menores para as profundidades 0-0,10m (16 % $h^2_{F_3-F_4}$), 0,10-0,20m (-52% $h^2_{F_3-F_4}$) e 0,20-0,30m (-11% $h^2_{F_3-F_4}$). Valores negativos de herdabilidade elucidam variância genética muito baixa, sendo considerada praticamente zero (MELO et al, 2009). Portanto, a seleção em F₃ deve ser pouco efetiva e agregar baixo ganho de seleção de raízes no feijão. Segundo Ramalho et al. (1993) não existem alternativas economicamente viáveis para obtenção de híbridos comerciais no feijão, logo esse vigor heterótico não pode ser explorado comercialmente para a arquitetura de raízes.

Índices de herdabilidade satisfatórios foram obtidos com a seleção na geração F_4 para profundidades 0-0,10m (59% h^2_{F4-F5}) e 0,10-0,20m (89% h^2_{F4-F5}). Enquanto que para a profundidade 0,20-0,30m somente na geração F_5 a herdabilidade realizada atingiu 52% h^2_{F5-F6} , representando um grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético confiável. A mais importante função da herdabilidade no estudo genético refere-se ao seu papel preditivo, expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético. Dessa forma, a condução de mais gerações de autofecundação é recomendada para a seleção efetiva de raízes.

2.5 CONCLUSÕES

- 1- As progênes na geração F_3 apresentaram desempenho promissor, atribuído à variância genética não aditiva. No entanto, foram relatados baixos índices de herdabilidade nesta geração nas profundidades 0-0,10m (16 % h^2_{F3-F4}), 0,10-0,20m (-52% h^2_{F3-F4}) e 0,20-0,30m (-11% h^2_{F3-F4}).
- 2- Com o aumento da homozigoze ocorre o predomínio da variância genética aditiva. Índices de herdabilidade satisfatórios foram obtidos com a seleção na geração F_4 para profundidades 0-0,10m (59% h^2_{F4-F5}) e 0,10-0,20m (89% h^2_{F4-F5}). Enquanto que para a profundidade 0,20-0,30m somente na geração F_5 a herdabilidade realizada atingiu 52% h^2_{F5-F6} , representando um grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético confiável. Assim, visando à formação de uma linhagem homozigota a condução de mais gerações de autofecundação é recomendada para a seleção efetiva de raízes no feijão.

3 SELEÇÃO DE GENITORES PROMISSORES PARA ARQUITETURA DO SISTEMA DE RAÍZES DE FEIJÃO

3.1 RESUMO

Os objetivos foram prever a divergência genética e selecionar genitores para compor blocos de cruzamentos, visando estudar a herança da arquitetura do sistema de raízes no feijão. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, com três repetições por tratamento. Foram avaliados 20 genótipos elite quanto a oito caracteres de importância agrônômica, incluindo a arquitetura das raízes. Os dados foram submetidos à análise de variância multivariada. A divergência genética foi predita pela estatística de Mahalanobis. Foram estabelecidos contrastes multivariados com base nas informações de dissimilaridade, utilizando os coeficientes canônicos padronizados para sintetizar a contribuição relativa de cada variável. Os resultados obtidos são promissores, pois indicam a presença de variabilidade genética mesmo entre as linhagens elite. Esse fato possibilita um avanço genético inicial para arquitetura de raízes, não necessitando a busca a priori de alelos favoráveis em genótipos crioulos. Situação que tornaria o desenvolvimento de uma cultivar eficiente muito mais dispendioso. As seguintes combinações híbridas são elencadas como mais promissoras: *i*) BRS Campeiro vs. LEP 04-14 e *ii*) BRS Campeiro vs. CHP 04-239-01, com ambos os genitores possuindo grãos do tipo preto; e *iii*) LEC 03-14 vs. C10-2-4/41 e *iv*) CHC 00-92-34 vs. C10-2-4/41, onde os genitores são do tipo carioca.

3.2 INTRODUÇÃO

O desenvolvimento de raízes é considerado um dos maiores mecanismos de adaptação a estresses abióticos

(LYNCH, 2014). Diversas pesquisas desenvolvidas mundialmente relatam a importância das raízes, na busca da resistência à seca (BEEBE, 2012; HERDER et al., 2010; GUIMARÃES e ZIMMERMANN, 1985) e na eficiência no uso de recursos nutricionais (RAMAEKERS et al., 2010; BEEBE et al., 2008). No entanto, devido à complexidade de fenotipagem, a maioria das pesquisas ainda é restrita a estudos fisiológicos ou de caracterização da diversidade genética em ambientes controlados (STAPLETON, 2013). De maneira que faltam informações sobre a variabilidade existente para caracteres de raízes entre os genótipos atuais, principalmente em condições de campo (DE MELO et al., 2016).

Os genótipos de feijão podem diferir quanto ao plagiotropismo de raízes basais (ROSADO et al., 2012). Este fato resulta em arquiteturas de raízes com diferentes capacidades de exploração do solo. Segundo Trachsel et al. (2011) genótipos com sistema de raízes raso, com menor ângulo de raiz basal, exploram somente as camadas superficiais do solo. Em contrapartida, aqueles com um sistema de raízes mais profundo, com maior ângulo de raiz basal e menor custo metabólico, captam eficientemente água em camadas de solo mais distantes (WASSON et al., 2012).

A existência de arquiteturas de raízes es divergentes entre genótipos elite de feijão permite um maior avanço genético inicial para o programa de melhoramento. Isso porque, genótipos de feijão já melhorados possuem desempenho agrícola superior ao de genótipos crioulos, além de grãos com maior aceitação comercial (BARILI et al., 2015). Assim, durante a seleção, além da dissimilaridade entre os genitores, é importante considerar o desempenho agrônômico das constituições genotípicas.

A análise multivariada permite integrar múltiplas informações, oferecendo maior oportunidade na escolha de genitores divergentes (RIBEIRO et al., 2012). A contribuição de cada caráter avaliado para a dissimilaridade entre os

genótipos pode e deve ser mensurada, aumentando a probabilidade de êxito na composição de blocos de cruzamento (SCHMIT et al., 2016). Dessa forma, os genitores serão selecionados, simultaneamente, para arquitetura de planta, rendimento de grãos, qualidade do produto final e etc.

Os objetivos deste trabalho foram prever a divergência genética entre genótipos elite de feijão e selecionar genitores promissores para compor blocos de cruzamentos, visando estudar a herança da arquitetura do sistema de raízes no feijão.

3.3 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no ano agrícola de 2014/2015 na área experimental do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular da Universidade do Estado de Santa Catarina (IMEGEM/UDESC), em Lages - Santa Catarina. Situada a 27°47'S de latitude, 50°18'W de longitude e 920 metros de altitude. Foram avaliadas 20 constituições genotípicas, sendo linhagens elites de feijão em processo final de avaliação em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). O delineamento utilizado foi de blocos casualizados com três repetições por tratamento. A unidade experimental foi composta por quatro linhas de quatro metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,45 m. A área útil foi constituída pelas duas linhas centrais, excluindo-se 0,5 m nas extremidades.

O solo no local do estudo é classificado como Cambissolo Húmico Alumínico Léptico, com um horizonte A moderado, textura argilosa e relevo ondulado, e tem as seguintes propriedades: 34% de argila; pH da água 5,93; potencial de acidez pelo método PMS 5,21; 10,06 mg dm³ P; 80 mg dm³ K, 2,61% OM; 5,42 cmol dm³ Ca; e 2,10 cmolc dm³ Mg. O preparo do solo foi realizado no sistema convencional, com uma aração e duas gradagens leves. A

adubação foi realizada com base nos resultados da análise de solo. Não foi realizada adubação de base, apenas adubação de nitrogênio em cobertura, utilizando 50 kg.ha⁻¹. O manejo fitossanitário foi realizado conforme a necessidade da cultura e o controle das plantas daninhas por meio de capina manual.

Foram mensurados os seguintes caracteres: *i*) Arquitetura do sistema de raízes (ângulo de raiz basal); *ii*) Massa de mil sementes; *iii*) Rendimento de grãos; *iv*) Massa verde de parte aérea; *v*) Massa verde de raiz; *vi*) Massa seca de parte aérea; *vii*) Massa seca de raiz; *viii*) Número de legumes por planta. Os caracteres referentes ao rendimento de grãos e o peso de grãos foram mensurados a partir da área útil da parcela.

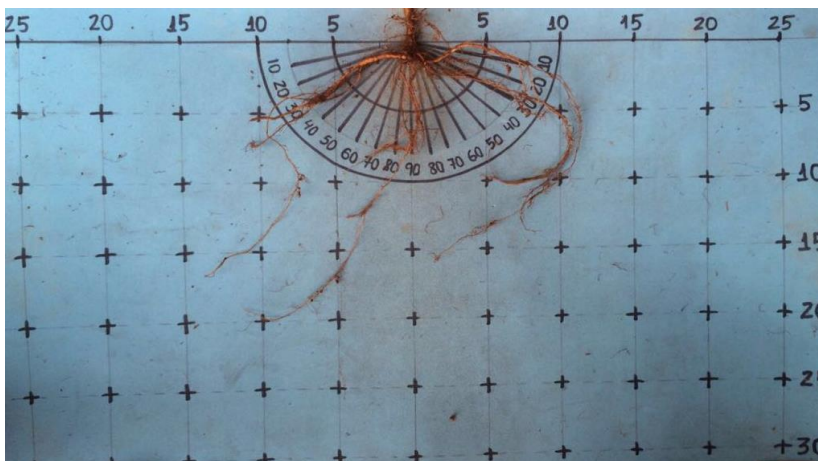
Os caracteres referentes à biomassa (verde e seca) de parte aérea ou raízes, número de legumes por planta e arquitetura de raízes foram mensurados nas linhas externas durante a fase de crescimento R6, conforme metodologia denominada Shovelomics (TRACHSEL, 2011). A fenologia foi considerada individualmente em nível de parcela quando metade dos indivíduos atingiu o estágio fenológico predominante conforme escala proposta por Fernández (1986).

A massa de mil sementes foi obtida pela contagem de grãos intactos, pesagem e posterior padronização a 13 % de umidade. O rendimento de grãos foi mensurado realizando uma extrapolação do rendimento da área útil da parcela para hectare, padronizando também o nível de umidade (13 %). As coroas de raiz foram escavadas 25 cm ao redor do colo, com uma profundidade de 30 cm. Posteriormente foram cuidadosamente agitadas para remover o solo excessivo.

O solo remanescente foi removido por imersão das coroas de raiz em água contendo 0,5 % de detergente e enxágue com água a partir de uma mangueira de baixa pressão. O ângulo de raízes basais foi então mensurado com auxílio de um gabarito transferidor (Figura 6). Foi contabilizado o número de legumes por planta. Ulteriormente as plantas foram

seccionadas no colo e pesadas (massa verde de parte aérea e raízes), levadas para estufa até obterem peso constante e pesadas novamente (massa seca de parte aérea e raízes).

Figura 6 - Ângulo de raiz basal de feijão mensurado com auxílio de gabarito transferidor. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016.



Fonte: Produção do próprio autor.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software SAS 9.2 (SAS INSTITUTE, 1992). Os dados foram submetidos à análise de variância multivariada (MANOVA) por meio do procedimento PROC GLM. Como regra geral para, análise multivariada a equação do modelo estatístico tem a mesma expressão da equação para a situação univariada, com os termos escalares substituídos por vetores, onde cada um dos termos é um vetor de dimensão “v” cujos elementos são identificados pelo mesmo símbolo do fator com acréscimo de um “j” subscrito para identificar a correspondente variável-resposta: $y_{ikl} = \mu + a_k + b_l + e_{ikl}$, μ é a média geral esperada, a_k é

o efeito diferencial do nível i do fator A, b_i é o efeito diferencial do nível l do fator B, e e_{ikl} é o erro experimental.

A divergência genética foi estimada pela estatística de Mahalanobis (D^2), utilizando o procedimento PROC CANDISC. Utilizando a matriz de dissimilaridade gerada através da distância generalizada de Mahalanobis foi construído um dendograma, utilizando o método de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages). Com base nas informações obtidas da matriz de dissimilaridade e da análise de agrupamento foram estabelecidos contrastes multivariados não ortogonais entre as combinações híbridas com divergência significativa, utilizando os coeficientes canônicos padronizados para sintetizar a contribuição relativa de cada variável.

Para a realização dos contrastes entre os vetores médios na situação multivariada podem ser definidos como: $\delta = c_1 \mu_1 + c_2 \mu_2 + \dots + c_k \mu_k$, avaliados da seguinte forma de: $H_0 : c = 0$, $H_a : c \neq 0$, sendo c uma combinação linear dos vetores de médias $\mu_1, \mu_2, \dots, \mu_k$, ou $c = c_1 \mu_1 + c_2 \mu_2 + \dots + c_k \mu_k$ e c_1, c_2, \dots, c_k são escalares constantes tais que: $c_1 + c_2 + \dots + c_k = 0$. Um estimador não viesado de δ é dado pelo correspondente vetor médio da amostra: ' $\delta = c_1 \bar{y}_1 + c_2 \bar{y}_2 + \dots + c_k \bar{y}_k$ ' (Rencher, 2002).

3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observando os resultados inseridos na Tabela 2 nota-se que diferenças significativas ($Pr < 0,05$) entre os tratamentos foram relatadas para arquitetura de raízes (AR), assim como, para os caracteres rendimento de grãos (RDG), massa de mil sementes (MMS), massa verde de parte aérea (MVA), massa seca de parte aérea (MSA) e número de legumes por planta (NLP). A existência de variabilidade para a arquitetura de raízes entre as linhagens elite evidencia que é possível selecionar genitores divergentes quanto ao plagiotropismo de

raízes. No entanto, além de uma boa arquitetura de raízes, é desejável que as constituições genótípicas selecionadas possuam também desempenho agrônomo satisfatório (BURTON et al., 2013).

A eficiência na absorção dos recursos hídricos e nutricionais deve ser apresentada como um fator adicional e compensatório ao produtor (ASSEFA et al., 2014). Dessa maneira, a análise de variância multivariada (Tabela 3), que considera a variação conjunta dos caracteres de importância agrônoma, passa a ser muito mais informativa. A heterogeneidade observada no germoplasma avaliado reforça o potencial do uso de técnicas multivariadas na predição de divergência e na seleção de pais contrastantes e promissores para arquitetura de raízes do feijão.

Diversos métodos multivariados podem ser aplicados na predição da divergência genética. Dentre eles, citam-se a análise por componentes principais, por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos (GUEDES et al., 2013). A distância generalizada de Mahalanobis (1936), conhecida como estatística D^2 , possui relevância por apresentar um critério objetivo para identificar indivíduos divergentes, portanto foi utilizada para determinação da dissimilaridade entre os genótipos.

Tabela 2 - Médias e resumo da análise de variância univariada (ANOVA) de linhagens elite de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliadas quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agrônoma. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016.

ID	Genótipo	C ²	Caracteres Avaliados ¹							
			AR	P500	RDG	MVA	MVR	MSA	MSR	NLP
1	BRS Campeiro	1	31,25	116,67	2.921	93,50	7,83	18,75	1,58	10,17
2	IPR Uirapuru	1	26,25	125,00	3.026	147,75	8,75	32,67	2,17	17,42
3	CHP 99-65-24	1	25,00	115,00	3.878	105,08	11,25	17,42	1,75	12,42
4	LP 12-601	1	27,08	106,67	2.425	125,08	13,08	21,75	2,00	11,75
5	LEP 04-14	1	13,61	110,00	3.016	114,50	10,50	18,00	1,67	10,42
6	CHP 04-239-61	1	20,08	123,33	3.715	119,17	12,33	24,25	2,17	16,25
7	CHP 04-239-01	1	18,22	118,33	3.202	82,69	12,22	16,61	1,82	15,36
8	Pérola	2	27,92	120,00	3.117	108,67	11,92	28,17	1,92	11,42
9	SCS 202 Guará	1	29,67	100,00	2.402	85,35	8,75	18,58	1,33	9,92
10	CHC 01-175-1	2	22,08	121,67	3.954	142,33	13,00	23,92	2,00	12,75
11	C10-2-4/41	2	37,50	140,00	3.309	138,25	10,08	22,58	1,75	11,33
12	FAP-F3-2	1	26,00	135,00	2.840	78,17	9,17	12,39	2,75	11,89
13	LP 11-363	1	14,00	121,67	3.245	107,92	10,00	22,83	2,08	11,08
14	TB 03-26	3	40,42	120,00	2.430	86,08	8,17	21,25	1,17	13,00
15	TB 03-27	3	39,25	183,33	2.225	63,83	8,17	18,92	1,17	9,50
16	CNFC 11948	2	26,67	131,67	3.640	117,33	6,75	22,00	1,33	12,58
17	CNFC 11954	2	24,67	108,33	3.025	90,67	6,17	21,17	1,25	12,50
18	LEC 03-14	2	17,92	121,00	3.348	118,83	11,67	15,51	1,57	13,67
19	CHC 00-92-34	2	15,28	110,00	3.152	131,78	10,31	25,58	1,75	14,67
20	CHC 00-101-	2	34,17	106,67	3.468	107,92	7,25	18,83	1,67	12,50
ANOVA	Média		25,85	121,71	3117,36	108,24	9,87	21,05	1,74	12,53
	QM ³		192,58*	929,45*	718056*	1562,44*	13,41	63,21*	0,46	13,21*
	CV (%)		11,06	10,15	14,20	14,65	27,77	17,74	30,47	19,32

Fonte: Produção do próprio autor.

NOTAS:¹ AR - Arquitetura De raízes (ângulo de raiz basal); P500 – Peso de 500 grãos (kg); RDG – Rendimento de Grãos (g); MVA – Massa Verde de Parte Aérea (g); MVR – Massa Verde de Raiz (g); MSA – Massa Seca de Parte Aérea (g); MSR – Massa Seca de Raiz (g); NLP – Número de Legumes/Planta.

²Coloração do tegumento dos grãos: 1- Preto; 2- Carioca; 3- Outros.

³ Quadrados médios associados aos tratamentos.

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 3 - Resumo da análise de variância multivariada (MANOVA), por meio de quatro testes estatísticos, indicando a probabilidade do teste F para 20 genótipos de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliados quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agrônômica. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016.

	Teste Estatístico	Valor	Valor F	Pr > F
Bloco	Wilks'	0,107265070	3,29	0,0001
	Lambda			
	Pillai's Trace	1,334461310	3,34	0,0001
	Hotelling-Lawley Trace	4,204617230	3,25	0,0003
	Roy's Greatest Root	2,651507360	4,42	0,0005
Genótipo	Wilks'	0,00000002	3,95	0,0001
	Lambda			
	Pillai's Trace	6,51176697	1,53	0,0001
	Hotelling-Lawley Trace	977,57122190	76,65	0,0001
	Roy's Greatest Root	905,89184001	1811,78	0,0001

Fonte: Produção do próprio autor.

NOTAS: $H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_k$, $H_a: \mu_1 \neq \mu_2 \neq \dots \neq \mu_k$.

Foram calculados os valores de D^2 (190 combinações possíveis), correspondendo aos pares de comparações dos 20 genótipos avaliados (Tabela 4). Os genótipos CHP 04-239-61 e CNFC 11948 apresentaram estreito relacionamento genético, com a menor magnitude significativa de distância ($D^2=14,50$). Os genótipos mais divergentes foram LEP 04-14 e TB 03-27,

com a maior distância observada ($D^2= 160,44$). Pode também ser observada a convergência para 32 combinações específicas, onde as distâncias foram significativamente iguais.

Utilizando o método de agrupamento UPGMA, a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis (1936), foi gerado um dendograma que possibilitou a divisão dos 20 genótipos em três grupos (Figura 7). Para verificar a capacidade do dendograma de reproduzir a matriz de dissimilaridade calculou-se o coeficiente de correlação cofenética ($CCC = 0,83$). Esse coeficiente pode ser utilizado para avaliar a consistência do padrão de agrupamento, sendo que os valores próximos à unidade indicam a melhor representação (ALVES et al., 2015). De maneira evidente, espera-se encontrar alto grau de similaridade entre os genótipos pertencentes a um mesmo grupo e de dissimilaridade entre eles.

O grupo I foi composto por 10 genótipos (BRS CAMPEIRO, SCS 202 GUARÁ, CNFC 11954, LP 12-601, PÉROLA, CNFC 11948, CHC 00-101-76, IPR UIRAPURU, C10-2-4/41, TB 03-26). O grupo II envolveu 9 genótipos (CHP 99-65-24, CHP 04-239-61, CHC 01-175-1, LEP 04-14, LP 11-363, CHC 00-92-34, CHP 04-239-01, LEC 03-14, FAP-F3-2). O grupo III foi formado somente pelo genótipo TB 03-27 MOURINHO.

A análise de agrupamento é explanatória (HELPER et al., 2015). A fenotipagem das raízes, principalmente em condições de campo, é complexa e onerosa, limitando muitas vezes, o progresso do melhoramento genético (BURRIDGE et al., 2016). Além disso, a polinização dirigida no feijão é trabalhosa e bastante meticulosa (FERNÁNDEZ et al., 1986). Assim, a significância dos índices de dissimilaridade e contribuição das variáveis para essa diferenciação devem ser utilizadas, buscando otimizar a recomendação de cruzamentos entre os grupos.

Tabela 4 - Divergência genética estimada pelos coeficientes de dissimilaridade de Mahalanobis (D^2) para 20 linhagens elite de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliadas quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agrônômica. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016.

ID	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	24,64	16,01	10,29	94,75	27,50	118,6	8,73	5,05	29,30	25,16	24,41	46,01	21,17	49,21	9,93	7,70	41,17	38,53	6,96	
2		34,42	19,51	74,63	25,92	63,61	12,57	35,13	25,05	26,03	59,48	58,48	41,87	84,67	17,36	27,31	58,01	35,16	22,14	
3			17,58	29,65	6,34	15,58	21,50	25,82	8,49	43,58	17,29	24,84	63,26	89,90	9,43	14,92	12,17	20,34	19,58	
4				36,71	19,03	32,54	8,51	10,33	19,48	37,81	26,91	30,85	44,29	81,12	18,75	13,51	30,87	21,07	20,45	
5					25,18	15,36	56,31	49,33	32,17	119,3	35,53	3,60	139,0	160,4	47,67	33,42	10,34	9,71	79,29	
6						13,69	22,82	36,82	5,99	54,50	22,53	17,10	79,78	105,6	14,51	20,20	10,75	10,36	33,21	
7							47,64	38,77	31,16	96,00	12,69	14,91	101,5	118,2	35,13	24,04	6,68	18,28	55,72	
8								14,98	20,76	25,18	38,02	41,09	33,57	63,78	13,80	15,75	48,26	32,20	16,30	
9									42,65	48,18	30,66	44,50	29,47	69,18	23,44	6,48	45,94	37,11	17,38	
10										42,04	36,18	24,13	82,66	109,5	13,11	28,28	18,12	16,02	31,86	
11											66,67	102,6	24,34	43,29	22,85	51,64	104,7	104,3	17,49	
12												30,14	71,82	71,35	30,59	26,80	20,54	38,22	41,95	
13													124,3	139,6	37,99	28,07	12,66	7,05	69,98	
14														35,56	41,02	42,78	110,1	103,9	18,20	
15															62,50	80,51	126,1	140,6	64,13	
16																12,08	27,94	27,34	11,88	
17																	28,15	19,72	17,55	
18																		12,55	54,68	
19																			19	52,28
20																				20

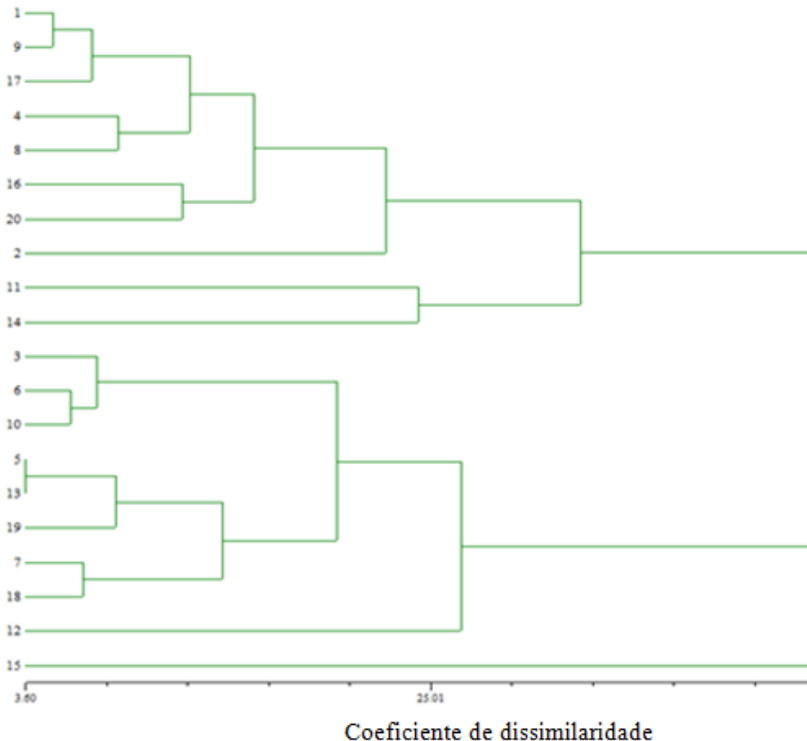
Fonte: Produção do próprio autor.

NOTAS: Ho: $D^2=0$, pelo teste F ($P<0,05$)

Para esclarecer quais os caracteres que contribuíram de modo relevante para a significância da variação foram realizados contrastes multivariados, onde através dos coeficientes canônicos padronizados (CCP) foi possível observar o resumo da contribuição relativa de cada variável nas combinações testadas. Definindo assim, quais as comparações entre vetores de médias de interesse são evidenciadas como relevantes (COIMBRA et al., 2007). De forma prática, valores positivos de CCP indicam efeito de separação entre os tratamentos, e os grupos com maiores valores apresentam maior peso na diferenciação entre os tratamentos (SCHMIT et al., 2016). Já valores de sinal negativo revelam efeito de

similaridade entre os tratamentos, ou seja, revelam semelhança entre os diferentes genótipos avaliados.

Figura 7 - Dendograma referente ao agrupamento de 20 genótipos de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliados quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agrônômica. A divergência genética foi estimada utilizando o Índice de Dissimilaridade de Mahalanobis (D^2) e o método de agrupamento utilizado foi UPGMA, com um coeficiente de correlação cofenética de 0,83. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016.



Fonte: Produção do próprio autor.

A Tabela 5 apresenta de forma sintética os contrastes multivariados. Verificamos que todas as comparações entre grupos foram significativas, apresentando CCPs positivos para arquitetura de raízes em duas delas (Grupo 1 vs. Grupo 2 e Grupo 2 vs. Grupo 3). Ainda assim, nem todos os resultados devem ser considerados completamente elucidados, ou seja, a seleção de genitores deve contemplar não somente a divergência genética significativa ou a variabilidade existente para a arquitetura de raízes, mas sim, o desempenho global de cada constituição genotípica estudada. Direcionando a divergência para o caráter de interesse.

Tabela 5 - Coeficientes canônicos padronizados (CCP) e a estatística de teste da razão de verossimilhança (Λ) das oito variáveis respostas, separadamente para cada contraste testado entre grupos e linhagens elite de feijão pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) avaliadas quanto à arquitetura do sistema de raízes e caracteres de importância agrônômica. UDESC – IMEGEM, Lages/SC, 2016.

Comparação	Caracteres Avaliados ¹								Λ
	AR	P500	RD	MVA	MV	MS	MS	NLP	
Grupo 1 vs. Grupo 2	2,15	-0,99	-0,21	-0,59	0,19	0,13	-0,24	-0,06	0,1574*
Grupo 1 vs. Grupo 3	-0,83	2,58	1,16	-0,34	0,03	0,25	-0,30	0,16	0,1533*
Grupo 2 vs. Grupo 3	3,18	1,19	1,67	-0,08	-0,33	0,73	-0,15	0,31	0,1575*
LEP 04-14 vs. TB 03-27	2,61	0,85	-0,14	-0,37	0,01	0,44	-0,21	0,14	0,1411*
BRS Campeiro vs. CHP 04-239-01	2,78	-0,27	-0,02	0,56	-0,71	1,03	-0,09	-0,31	0,3678*
C10-2-4/41 vs. LEC 03-14	3,10	0,11	0,13	0,50	-0,41	1,03	-0,04	-0,06	0,2220*
C10-2-4/41 vs. CHC 00-92-34	3,09	0,51	0,27	0,38	-0,13	0,37	-0,10	0,03	0,2354*
BRS Campeiro vs. LEP 04-14	3,22	0,02	0,05	-0,04	-0,39	0,73	-0,09	0,20	0,3183*

Fonte: Produção do próprio autor

NOTAS: ¹ AR - Arquitetura De raízes (ângulo de raiz basal); P500 – Peso de 500 grãos (kg); RDG – Rendimento de Grãos (g); MVA – Massa Verde de Parte Aérea (g); MVR – Massa Verde de Raiz (g); MSA – Massa Seca de Parte Aérea (g); MSR – Massa Seca de Raiz (g); NLP – Número de Legumes/Planta.

*: significativo a 5% de probabilidade de erro.

As comparações foram estabelecidas de acordo com a significância da análise de divergência genética estimada pelos coeficientes de dissimilaridade D^2 . Das 190 comparações específicas entre os tratamentos 158 ou 83% apresentaram dissimilaridade significativa e dessas 35% tiveram contribuição da arquitetura de raízes, com CCP positivo para AR. Elucidando a possibilidade de seleção para raízes, como fizeram Joschua et. al (2013) e Wasson et al. (2005).

Na composição de uma Função Discriminante Canônica (FDC) os valores dos CCP's são utilizados como coeficientes multiplicativos dos caracteres mensurados para discriminação das diferenças. No primeiro contraste estabelecido, com maior valor D^2 , onde o genótipo TB 03-27 (15) é comparado com LEP 04-14 (5) é obtida a seguinte função: $FDC_{(5 \times 15)} = 2,61 * AR + 0,85 * MMS - 0,14 * RDG - 0,37 * MVA + 0,01 * MVR + 0,44 * MSA - 0,21 * MSR + 0,14 * NLP$. Onde, os valores positivos de CCP para AR e MMS representam os valores contrastantes das médias ($AR = 13 - 39$; $MMS = 220 - 366$). Também foram apresentados coeficientes positivos para, MSA e NLP, porém, esses índices não são considerados com relevância biológica, visto que o RDG, caráter com maior relação com esses índices não contribuiu para seleção da combinação dos genitores.

O genótipo TB 03-27 esteve presente em 28 de 56 combinações com valores de dissimilaridade significativos e CCP positivo para AR, apresentando-se como o mais divergente. De fato, os cruzamentos envolvendo feijões de grãos grandes, de origem andina, e feijões de grãos médios ou pequenos, de origem mesoamericana, são preconizados quando é visada a ampliação da variabilidade genética (GEPTS, 1998; SINGH, 2001). No entanto, embora a incorporação de germoplasma andino seja útil na promoção da diversidade genética, a manutenção das características fenotípicas necessárias de cada classe de mercado tem sido um desafio, devido a ligação genica e a interação (MOGHADDAM,

2014). Dessa maneira, os cruzamentos envolvendo genótipo TB 03-27 não foram recomendados nesse trabalho. Além disso, os resultados deste trabalho estão de acordo com Mamidi et al. (2013), o qual afirma que o *pool* gênico mesoamericano é mais diversificado em comparação ao *pool* genético andino permitindo explorar a variação dentro do grupo de domesticação.

O melhoramento para variedades comerciais de feijão, geralmente ocorre dentro de cada classe de mercado, a fim de manter a suas características preferidas como o tamanho, forma, cor e padrão da semente (MOGHADDAM, 2014). Diversos autores relatam que para o sucesso no programa de melhoramento suas cultivares devem ser eficientes em condições limitantes, mantendo forte competitividade na aceitação comercial e no rendimento em condições favoráveis (STONE et al., 2015). Essa eficiência em situações de estresse deve ser apresentada como uma bonificação ao produtor na escolha das constituições genotípicas.

A ocorrência e o nível de influência dos fatores ambientais, causadores dos estresses abióticos, são imprevisíveis e podem alterar de ano a ano, de região a região (PEREIRA et al., 2016). Portanto, na agricultura contemporânea, o risco de perdas em condições de estresse deve ser compensado pelas probabilidades de competitividade em condições climáticas favoráveis, garantindo estabilidade de produção (LYNCH, 2015). Assim, de acordo com os objetivos deste trabalho, as combinações com altos valores de dissimilaridade, com valores de CCPs positivos para AR, onde os genitores possuam bom desempenho agrônômico e similaridade genética para os demais caracteres devem ser priorizadas. Buscando aumentar a probabilidade de sucesso na seleção de uma nova constituição genotípica e reduzir o tamanho populacional necessário nas avaliações de raízes durante as gerações segregantes.

As seguintes combinações são elencadas por atenderem os requisitos mencionados acima: *i)* BRS Campeiro *vs.* LEP 04-14 e *ii)* BRS Campeiro *vs.* CHP 04-239-01, com ambos os genitores possuindo grãos do tipo preto; e *iii)* LEC 03-14 *vs.* C10-2-4/41 e *iv)* CHC 00-92-34 *vs.* C10-2-4/41, onde os genitores são do tipo carioca. Esse fato possibilita um avanço genético inicial para arquitetura de raízes, não necessitando a busca a priori de alelos favoráveis em genótipos crioulos. Situação essa que tornaria o desenvolvimento de uma cultivar eficiente e competitiva muito mais dispendioso.

3.5 CONCLUSÃO

Os resultados obtidos são promissores, pois indicam a presença de variabilidade entre as linhagens elite de feijão. Esse fato possibilita um avanço genético inicial para arquitetura de raízes, não necessitando a busca a priori de alelos favoráveis em genótipos crioulos. Situação que tornaria o desenvolvimento de uma cultivar eficiente muito mais dispendioso. As seguintes combinações híbridas são elencadas como mais promissoras: *i)* BRS Campeiro *vs.* LEP 04-14 e *ii)* BRS Campeiro *vs.* CHP 04-239-01, com ambos os genitores possuindo grãos do tipo preto; e *iii)* LEC 03-14 *vs.* C10-2-4/41 e *iv)* CHC 00-92-34 *vs.* C10-2-4/41, onde os genitores são do tipo carioca.

REFERÊNCIAS

Allard RW (1999) Principles of plant breeding. Wiley, New York

ALVES, Bruna Mendonça et al. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, v. 45, n. 5, p. 884-891, 2015.

Araújo AP, Antunes IF, Teixeira MG (2005) Inheritance of root traits and phosphorus uptake in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under limited soil phosphorus supply. *Euphytica*, v. 145: 33-40. doi:10.1007/s10681-005-8772-1

ASSEFA, T.; WU, J.; BEEBE, S. E.; et al. Improving adaptation to drought stress in small red common bean: phenotypic differences and predicted genotypic effects on grain yield, yield components and harvest index. **Euphytica**, v. 203, n. 3, p. 477–489, 2014.

BARILI, Leiri Daiane et al. Genotype-environment interaction in common bean cultivars with carioca grain, recommended for cultivation in Brazil in the last 40 years. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 4, p. 244-250, 2015.

BEEBE, S. E.; RAO, I. M.; CAJIAO, C.; GRAJALES, M. Selection for Drought Resistance in Common Bean Also Improves Yield in Phosphorus Limited and Favorable Environments. **Crop Science**, v. 48, n. 2, p. 582, 2008. Crop Science Society of America.

BEEBE, S. Plant Breeding Reviews Vol 36. In: J. Janick (Ed.); **Common bean breeding in the tropics**, 2012. Oxford: Wiley-blackwell.

BÖHN, W. Methods of studying root systems. Berlin Heidelberg: **Springer-Verlag**, 1979. 190p.

BOLKER BM, BROOKS ME, CLARK CJ, GEANGE SW, POULSEN JR, STEVENS MHH, WHITE JSS (2008) Generalized linear mixed models: a practical guide for ecology and evolution. *Trends in Ecology and Evolution* 24(3): 127-135. doi:10.1016/j.tree.2008.10.008

BURRIDGE J, CN JOCHUA, A BUCKSCH, JP LYNCH. 2016. Legume shovelomics: high – throughput phenotyping of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and cowpea (*Vigna unguiculata* subsp, *unguiculata*) root architecture in the field. **Field Crops Research**, 2016.

BURTON, Amy L.; BROWN, Kathleen M.; LYNCH, Jonathan P. Phenotypic Diversity of Root Anatomical and Architectural Traits in Species. **Crop Science**, v. 53, n. 3, p. 1042-1055, 2013.

COIMBRA, Jefferson et al. Técnicas multivariadas aplicadas ao estudo da fauna do solo: contrastes multivariados e análise canônica discriminante. **Ceres**, v. 54, n. 313, 2007.

CRUZ CD, CARVALHO SP, VENCOVSKY R (1994) Estudos sobre divergência genética. I Fatores que afetam a predição do comportamento de híbridos. *Revista Ceres* 41(234): 178-182

DE MELO, Rita Carolina et al. Genetic variation in the trait root distribution over segregating generations of common bean. **Euphytica**, v. 207, n. 3, p. 665-674, 2016.

FEHR WR (1987) Principles of cultivars development. Macmillan, New York.

FERNÁNDEZ, F. C.; GEPTS, P.; LÓPEZ, M. **Etapas de desarrollo de la planta de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1986.

GUEDES, Janine Magalhães et al. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasma Maragogipe. **Bragantia**, v. 72, n. 2, p. 127-132, 2013.

HELPER, Gilson Augusto et al. Chemostat, um software gratuito para análise exploratória de dados multivariados. **Química nova**. Vol. 38, n. 4 (2015), P. 575-579, 2015.

HERDER, G. D.; ISTERDAEL, G. V; BEECKMAN, T.; SMET, I. D. The roots of a new green revolution. **Trends in plant science**, v. 15, n. 11, p. 600–7, 2010.

HO MD, ROSAS JC, BROWN KM, LYNCH JP (2005) Roots architectural tradeoffs for water and phosphorus acquisition. **Functional Plant Biology** 32:737-748

JOCHUA, C.N. Deploying root traits for african bean breeding. 2013. 129f. Dissertation in Horticulture (Degree of Doctor of Philosophy) - The Pennsylvania State University, The Graduate School, College of Agricultural Sciences, USA.

JOST E, RIBEIRO ND, MAZIERO SM, CERUTTI T, ROSA DP (2009) Efeitos gênicos do teor de cálcio em grãos de feijão. **Ciência Rural** 39(1):31-37.

LIAO H, YAN X, RUBIO G, BEEBE SE, BLAIR MW, LYNCH JP (2004) Genetic mapping of basal root gravitropism and phosphorus acquisition efficiency in common bean. **Functional Plant Biology** 31:959-970.

LITTELL RC, MILLIKEN GA, STROUP WW, WOLFINGER RD, SHABENBERGER O (2006) SAS system for mixed models. SAS Institute, Cary.

LOBELL DB, GOURDJI SM (2012) The Influence of climate change on global crop productivity. *Plant Physiology* 160:1686-1697.

LYNCH JP (1995) Root architecture and plant productivity. *Plant Physiology* 109(01):7-13.

LYNCH JP (2007) Roots of the second green revolution. *Australian Journal of Botany* 55:493-512.

LYNCH JP (2011) Root phenes for enhanced soil exploration and phosphorus acquisition: tools for future crops. *Plant Physiology* 156: 1041-1049.

LYNCH JP (2014) Root phenes that reduce the metabolic costs of soil exploration: opportunities for 21st century agriculture. *Plant, cell & environment* doi: 10.1111/pce.12451
 MAHALANOBIS, Prasanta Chandra. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Sciences (Calcutta)**, v. 2, p. 49-55, 1936.

MAMIDI, S. et al. Demographic factors shaped diversity in the two gene pools of wild common bean *Phaseolus vulgaris* L. **Heredity**, v. 110, n. 3, p. 267-276, 2013.

MOGHADDAM, Samira Mafi et al. Developing market class specific InDel markers from next generation sequence data in *Phaseolus vulgaris* L. **Front. Plant Sci**, v. 5, n. 185, p. 10.3389, 2014.

MCCLEAN, PE, BURRIDGE J, BEEBE S, RAO IM, PORCH TG (2011) Crop improvement in the era of climate change: an integrated, multi-disciplinary approach for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Functional Plant Biology* 38:927-933.

MCLEAN RA, SANDERS WL, STROUP WV (1991) A unified approach to mixed linear models. *The American Statistician* 45(01):54-64.

MELCHINGER AE (2010) The international conference on “Heterosis in Plants”. *Theoretical and Applied Genetics* 120: 201–203.

MELO LJOT, OLIVEIRA FJ, BASTOS GQ, FILHO CJA, REIS OV (2009) Desempenho agroindustrial de cultivares de Cana-de-açúcar na zona da mata litoral sul de Pernambuco. *Ciência agrotecnologia* 33(3): 684-691.

MIGUEL A, WIDRIG A, VIEIRA RF, BROWN KM, LYNCH JP (2013) Basal root whorl number: a modulator of phosphorus acquisition in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Annals of Botany* doi:10.1093/aob/mct164.

MOLINA JC, MODA-CIRINO V, JÚNIOR NSF, FARIA RT, DESTRO D (2001) Response of common bean cultivars and lines to water stress. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1(4):363-372.

MUKAMUHIRWA F, TUSIIME G, MUKANKUSI MC (2015) Inheritance of high iron and zinc concentration in selected bean varieties. *Euphytica* doi: 10.1007/s10681-015-1385-4.

PEREIRA, Thayse Cristine Vieira et al. Reflexo da interação genótipo x ambiente sobre o melhoramento genético de feijão. **Ciência Rural**, v. 46, n. 3, p. 411-417, 2016.

RAMAEKERS, L.; REMANS, R.; RAO, I. M.; BLAIR, M. W.; VANDERLEYDEN, J. Strategies for improving phosphorus acquisition efficiency of crop plants. *Field Crops Research*, v. 117, n. 2-3, p. 169–176, 2010.

Ramalho MAP, Silva GS, Dias LAS (2009) Review: Genetic plant improvement and climate changes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 9:189-195

RENCHER, Alvin C. **Methods of multivariate analysis**. John Wiley & Sons, 2002.

RIBEIRO, Nerinéia Dalfollo et al. Dissimilaridade genética para teor de proteína e fibra em grãos de feijão dos grupos preto e de cor. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 11, n. 2, 2012.

ROSADO, Renato Domiciano Silva et al. Caracterização do sistema de raízes do feijoeiro e seu uso no melhoramento genético. 2012.

SAS Institute (2009) SAS/STAT: User's guide version 9.2. Cary: SAS Institute

SCHMIT, Rodolfo et al. Application of multivariate techniques in the evaluation of pure lines of beans. **Ciência Rural**, v. 9, 2016.

Shull GH (1908) The composition of a field of maize. *Am. Breeders Assoc* 4: 296–301.

SINGH, S. P. 2001. Broadening the Genetic Base of Common Bean Cultivars Published as Idaho Agric. Exp. Stn. Journal Article No. 01711. Univ. of Idaho, College of Agriculture,

Moscow, ID 83844. . Crop Sci. 41:1659-1675.
doi:10.2135/cropsci2001.1659

STAPLETON, Ann E. Getting to the roots of it: genetic and hormonal control of root architecture. 2013.

STONE, Luis Fernando; DE AQUINO PORTES, Tomás; MOREIRA, José Aloísio Alves. Efeitos da tensão da água do solo sobre a produtividade e crescimento do feijoeiro. II. Crescimento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 23, n. 5, p. 501-510, 2014.

TOALDO D, MORAIS PPP, BATTILANA J, COIMBRA JLM, GUIDOLIN AF (2013) Selection in early generations and the occurrence of heterosis for the character root distribution. *Euphytica* 190: 335-344

TRACHSEL, S.; KAEPLER, S.M.; BROWN, K.; LYNCH, J.P. Shovelomics: high throughput phenotyping of maize (*Zea mays* L.) root architecture in the field. *Plant and Soil*, v. 341, n. 1, p. 75-87, 2011. DOI: 10.1007/s11104-010-0623-8

WASSON AP, RICHARDS RA, CHATRATH R, MISRA SC, SAI PRASAD SV, REBETZKE GJ, KIRKEGAARD JA, CHRISTOPHER J, WATT M (2012) Traits and selection strategies to improve root systems and water uptake in water-limited wheat crops. *Journal of Experimental Botany* 63(9):3485-3498

YORK LM, GALINDO-CASTAÑEDA T, SCHUSSLER JR, LYNCH JP (2015) Evolution of US maize (*Zea mays* L.) root architectural and anatomical phenes over the past 100 years corresponds to increased tolerance of nitrogen stress. *Journal of Experimental Botany* doi:10.1093/jxb/erv074

ZADRAZNIK T, HOLLUNG K, EGGE-JACOBSEN W, MEGLIC V, SUSTAR-VOZLIC J (2013) Differential proteomic analysis of drought stress response in leaves of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Journal of Proteomics 78:254 – 272