RELAÇÃO ENTRE MÉTODOS DE FENOTIPAGEM DO SISTEMA RADICULAR EM FEIJÃO [1]

Luan Tiago dos Santos Carbonari[2], Jefferson Luís Meirelles Coimbra[3], Larisa Sandri de Souza[4]
Henrique Scopel[4], Marieli do Nascimento[4], Paulo Henrique Cerutti[5], Altamir Frederico Guidolin[6]

[1] Vinculado ao projeto "Epistasia no caráter distribuição radicular em feijão para os grupos gênicos: ausência de heterose".
[2] Acadêmico do Curso de Agronomia – CAV – Bolsista PIBIC/CNPq.
[3] Orientador, Departamento de Agronomia – CAV – coimbrajefferson@gmail.com.
[4] Acadêmico (a) do Curso de Agronomia – CAV.
[5] Acadêmico (a) do Curso de Pós-graduação em Produção vegetal – CAV.
[6] Professor, Departamento de Agronomia – CAV.

A cultura do feijão é considerada base para alimentação da população brasileira, contudo sua produtividade é inferior ao seu potencial. Este fato decorre principalmente da sensibilidade genotípica as diferentes condições de cultivo. Assim, estratégias que visem melhor adaptação da cultura são fundamentais para a manutenção e o avanço da produtividade. Uma alternativa é o enfoque no desenvolvimento de genótipos com otimizado sistema radicular, capaz de proporcionar melhorias na captação de recursos para a planta, conferindo maior plasticidade fenotípica frente aos distintos ambientes. No entanto, a melhor maneira de obter o fenótipo do sistema radicular para o feijão não é totalmente clara na literatura, devido os esforços em fenotipagem terem sido direcionados para caracteres da parte área, ou com importância econômica direta, aliado a dificuldade em acessar esse órgão da planta. Neste sentido, o trabalho objetivou identificar e quantificar as associações entre grupos de variáveis de dois métodos de fenotipagem do sistema radicular em feijão. O experimento foi conduzido na área experimental e casa de vegetação no Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM), localizado na Universidade do Estado de Santa Catarina em Lages (UDESC/CAV), na safra de 2020/21. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso, em arranjo fatorial 4x2x2, com 3 repetições. Os tratamentos foram constituídos por quatro genótipos de feijão (Linhagens: IPR Uirapuru (P1) e BAF 35 (P2); Populações segregantes: F2 e F5), estes genótipos foram avaliados em dois estádios vegetativos da cultura (V4 e R8), utilizando dois métodos de fenotipagem do sistema radicular (Shovelomics e Scanner de raiz WinRhizo®). Diante disso, foram estabelecidos dois grupos de caracteres do sistema radicular, avaliados em dois diferentes métodos, sendo o grupo I formado por diâmetro do caule (mm), maior angulo da raiz basal, comprimento horizontal esquerdo (cm), comprimento horizontal direito (cm), massa fresca de raiz (g) e massa seca de raiz (g). O grupo II foi formado pelos caracteres comprimento total de raiz (cm), área projetada de raiz (cm^2), diâmetro médio de raiz (mm) e volume de raiz (cm^3). Visando avaliar as relações entre os grupos, foi empregada a técnica de correlação canônica, utilizando o procedimento CANCORR no software SAS *OnDemands for academics*. Observando a Tabela 1, é identificada dependência significativa ($p<0,01$) pelo teste Wilks' Lambda, apenas para o par canônico 1 das variáveis presentes nos grupos I e II. Este par canônico explica uma proporção de 87% da variação presente no conjunto de dados, onde a correlação canônica entre os grupos de variáveis foi de 0,81. Com base na ausência de significância dos demais pares canônicos é conveniente não

inferir sobre eles. Verificando os coeficientes canônicos e a correlação da variável canônica com as variáveis originais, a maior contribuição para esses valores foram do diâmetro do caule (DC) e comprimento horizontal direito (CHD) no grupo I, enquanto para o grupo II foi a variável diâmetro médio de raiz (DMR). Este fato demonstra que existe relação entre os grupos de variáveis mensuradas em ao menos um par canônico nos diferentes métodos. Desta forma, em termos práticos entende-se que o melhoramento do sistema radicular pode ser realizado com a utilização de apenas um método de fenotipagem (Shovelomics ou Scanner de raiz), considerando a magnitude da associação observada. Assim, a escolha pode ser definida a priori com base no objetivo e o caráter visado, conjuntamente a disponibilidade de recursos e capacidade operacional. Contudo, estudos preliminares de causa e efeito na população a ser melhorada são fundamentais, visto este sistema apresentar controle genético quantitativo, com ação gênica predominante aditiva, no qual atrelado a pleiotropia e desequilíbrio de ligação, ganhos para um caráter podem resultar em decréscimos sobre outro.

Tabela 1. *Correlação entre os grupos do método Shovelomics (I) e Scanner de raiz (II), coeficientes (x) e correlação (r) dos pares canônicos com os caracteres, para o sistema radicular em feijão.*

Caracter*	Pares canônicos							
	------ 1 ------		------ 2 ------		------ 3 ------		------ 4 ------	
	x	r	x	r	x	r	x	r
DC [I]	0,350	0,95	0,195	0,10	0,051	0,15	-0,036	0,17
ANG [I]	-0,001	-0,09	0,043	0,50	-0,036	-0,67	0,022	0,15
CHE [I]	-0,031	0,00	0,001	0,08	0,065	0,41	0,154	0,73
CHD [I]	-0,016	0,26	-0,065	-0,43	-0,014	0,12	0,120	0,55
MFR [I]	-0,021	-0,44	0,086	0,55	0,031	0,56	0,014	-0,03
MSR [I]	0,001	-0,06	-0,002	0,06	0,012	0,65	-0,009	-0,23
CTR [II]	-0,003	-0,82	0,006	0,41	-0,006	0,30	0,010	-0,24
APR [II]	0,137	-0,70	-0,303	-0,53	0,430	0,24	-0,446	-0,39
DMR [II]	6,523	0,84	1,783	-0,52	15,456	0,06	0,222	-0,03
VOL [II]	-2,160	-0,51	4,837	-0,68	-7,988	0,14	5,572	-0,48
Correlação [I-II]	0,81		0,30		0,15		0,10	
Variação explicada (%)	93,46		4,81		1,19		0,54	
Significância	<0,01		0,31		0,79		0,69	

*Caracteres: diâmetro do caule (DC), angulo da raiz basal (ANG), comprimento horizontal esquerdo (CHE), comprimento horizontal direito (CHD), massa fresca de raiz (MFR), massa seca de raiz (MSR), comprimento total de raiz (CTR), área projetada de raiz (APR), diâmetro médio de raiz (DMR) e volume de raiz (VOL).

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.. Caracteres de raiz. Correlação canônica.