

APRIMORAMENTO NA FENOTIPAGEM DO SISTEMA RADICULAR EM FEIJÃO PARA A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES¹

Otally Nelson Schissel², Maria Eduarda Gasperin Sommer², Jefferson Luís Meirelles Coimbra³, Altamir Frederico Guidolin³, Paulo Henrique Cerutti⁴, Luan T. S. Carbonari⁴, Pedro A. Schwarzer⁴

¹Vinculado ao projeto: “Reflexos do ambiente versus métodos de fenotipagem no sistema radicular em feijão”.

²Acadêmico do Curso de Agronomia- CAV- Bolsista PROBIC/UDESC

³Orientador, Departamento de Agronomia – CAV- coimbrajefferson@gmail.com

⁴Colaboradores

Com 60% das regiões produtoras no mundo enfrentando problemas de escassez hídrica, o feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), por meio do trabalho de melhoristas vem passando por uma seleção de constituições genóticas melhoradas. O desenvolvimento de genótipos de feijão com sistema radicular aprimorado pode auxiliar na captação de água em ambientes limitantes. Desse modo, o objetivo do trabalho foi examinar a influência de métodos de fenotipagem de raízes e estádios fenológicos na discriminação de diferentes constituições genóticas de feijão para a seleção de genótipos com sistema radicular amplo. O experimento foi executado a campo (safra 2021/22), no município de Lages-SC, na Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), no Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV). Foram dispostos a campo 36 tratamentos formados a partir da combinação de três fatores experimentais (genótipo, métodos de fenotipagem de raízes e estádios fenológicos de desenvolvimento). O fator genótipo foi formado por duas linhagens (genitores BAF07 e BRS Embaixador) e uma progênie na geração F₆ advinda da hibridização entre os genitores (BAF07 x BRS Embaixador F₆). Os métodos utilizados foram: “Shovelomics” e “WinRHIZO”.

O fator estágio de avaliação foi formado por seis níveis (V₄₋₄;V₄₋₈; R₅; R₆; R₇ e R₈). Os 36 tratamentos foram aleatorizados a campo em delineamento látice simples com duas repetições, totalizando 72 unidades experimentais. A unidade experimental foi formada por 2m de largura e 2m de comprimento, espaçadas em 1m. A densidade de semeadura foi de 13 sementes por metro linear. A semeadura ocorreu em 27 de novembro e a colheita das plantas no dia 22 de fevereiro (87 dias de ciclo). Para cada genótipo e método foram coletadas aleatoriamente cinco plantas de cada unidade experimental e escavados 0,25m a 0,30m em torno do caule para a retirada do conjunto solo+raízes. Pelo método Shovelomics foram avaliadas as variáveis: ângulo de raiz basal; comprimento vertical de raiz; comprimento horizontal esquerdo de raiz e comprimento horizontal direito de raiz. Já com o método WinRHIZO, foram avaliadas as variáveis comprimento total de raiz; área projetada de raiz; volume de raiz e diâmetro médio de raízes.

As informações coletadas foram submetidas a análise de variância multivariada e para a exploração dos efeitos simples dos fatores experimentais, foram executados contrastes entre vetores médios. A interpretação da análise de variância multivariada indicou significância da interação tripla entre os fatores genótipo*método*estádios. Isso indica que os efeitos simples de genótipos e métodos são influenciados pelos efeitos simples de estádios de desenvolvimento. Também pode conduzir a discussão da possível necessidade de um método de fenotipagem,

combinado com um estágio de desenvolvimento específico para fenotipagem do sistema radicular de cada genótipo. Com o intuito de verificar a informação contida na significância da interação tripla G*M*E (genótipo*método*estádio), foram explorados os efeitos simples dos fatores método e genótipo para cada estágio de desenvolvimento.

A interpretação dos contrastes demonstrou que os estádios V_{4.4} e R₅ não são indicados para a fenotipagem do sistema radicular, pois não promoveram a distinção entre populações fixas (genitores) e nem entre genitores e a progênie, realizada no início do período vegetativo (V_{4.4}) e na transição entre o vegetativo e reprodutivo (R₅). O estágio R₆ (estádio de florescimento pleno) foi o que apresentou os melhores resultados, isso porque este estágio permitiu a distinção entre os genótipos fixos e de genótipos fixos versus a progênie. Como forma de explorar a significância dos contrastes realizados, foram plotados os escores canônicos padronizados para os estádios que apresentaram significância. Por meio da interpretação destes escores canônicos, se observou que a fenotipagem do sistema radicular para o genitor BAF07 e para a progênie foi aprimorada quando se utilizou o método WinRHIZO e este fato possivelmente está associado ao hábito de crescimento. Tanto o genitor BAF07 quanto a progênie apresentam hábito de crescimento do tipo indeterminado, ou seja, maior desenvolvimento radicular. Já o genitor BRS Embaixador, pertencente ao grupo gênico andino, apresentou melhor fenotipagem com o método Shovelomics, também e associado a particularidade de desenvolvimento radicular nas camadas superficiais do solo, indo de encontro a facilidade de fenotipagem destas variáveis. As informações obtidas neste trabalho são importantes para o direcionamento do foco nas etapas de seleção dos programas de melhoramento genético de feijão.

Tabela 1. Análise de variância multivariada para os efeitos dos vetores de médias de repetição, blocos dentro de repetições, genótipo, método de fenotipagem e estágio de avaliação.

Causa da Variação	Wilks' lambda (λ)	Pr> F
Repetição (R)	0,98	0,3470
R (Bloco)	0,85	0,1647
Genótipo (G)	0,9	0,6188
Método (M)	0,01	0,0001
Estádios (E)	0,41	0,0001
G*M	0,97	0,4774
G*E	0,76	0,0001
M*E	0,20	0,0001
G*M*E	0,75	0,0001

$$H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_k.$$

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.. Melhoramento vegetal. Avaliação de raízes. Shovelomics, WinRHIZO.