

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
CÂMPUS DOIS VIZINHOS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGROECOSSISTEMAS

ANA CLAUDIA SCHLEMER DOS SANTOS

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE
FEIJÃO

DOIS VIZINHOS
2019

ANA CLAUDIA SCHLLEMER DOS SANTOS

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE
FEIJÃO

Dissertação apresentada como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre, do Programa de Pós-Graduação em Agroecossistemas, da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos.

Orientador: Prof. Dr. Lucas da Silva Domingues.
Co orientadores: Prof. Dr. Joel Donazzolo e Juliana Morini Küpper Cardoso Perseguini.

DOIS VIZINHOS
2019

S237c Santos, Ana Claudia Schllemer dos.
Caracterização morfoagronômica e molecular de genótipos de feijão. / Ana Claudia Schllemer dos Santos - Dois Vizinhos, 2019.
102 f.:il.

Orientador: Prof^o Dr. Lucas da Silva Domingues.
Coorientadora: Prof^a Dr^a. Juliana Morini Küpper Cardoso Persequini.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Programa de Pós-Graduação em Agroecossistemas, Dois Vizinhos, 2019.
Bibliografia p.85-97.

1. Feijão. 2. Marcadores genéticos. 3. Melhoramento de cultivos agrícolas. I. Domingues, Lucas da Silva. II. Persequini, Juliana Morini Küpper Cardoso. III. Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Dois Vizinhos. IV. Título

CDD: 631.523

Ficha catalográfica elaborada por Keli Rodrigues do Amaral Benin CRB: 9/1559

Biblioteca da UTFPR-Dois Vizinhos



Ministério da Educação
Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Câmpus Dois Vizinhos
Diretoria de Pesquisa e Pós-Graduação
**Programa de Pós-Graduação em
Agroecossistemas**



TERMO DE APROVAÇÃO

Título da Dissertação n° 34

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO.

Ana Claudia Schllemer dos Santos

Dissertação apresentada às quatorze horas do dia vinte e oito de fevereiro de dois mil e dezenove, como requisito parcial para obtenção do título de MESTRE EM AGROECOSSISTEMAS, Linha de Pesquisa – Manejo e Conservação de Agroecossistemas, Programa de Pós-Graduação em Agroecossistemas (Área de Concentração: Agroecossistemas), Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Dois Vizinhos. A candidata foi arguida pela Banca Examinadora composta pelos professores abaixo assinados. Após deliberação, a Banca Examinadora considerou o trabalho

Banca examinadora:

Dr. Lucas da Silva Domingues
UTFPR - DV

Dra. Simone Wendt
UTFPR-DV

Dra. Nerinéia Dalfollo Ribeiro
UFSM

Coordenador(a) do PPGSIS
Assinatura e carimbo

*A Folha de Aprovação assinada encontra-se na Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Agroecossistemas.

Aos meus pais Cirlene e Lauro e
aos meus irmãos Erica Kelly e Lucas Felipe,
DEDICO

Ao meu namorado e companheiro
de todos os momentos Jean Carlo,
cujo apoio, carinho, amor,
dedicação e companheirismo
foram indispensáveis,
OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

- À Deus, por me fortalecer nos momentos difíceis;
- Ao professor, amigo e orientador Dr. Lucas da Silva Domingues, pela confiança e ensinamentos importantes durante esse período de curso e na minha vida profissional, por sempre com essa sua tranquilidade e coração enorme, ser tão compreensivo, me acalmar, aconselhar e tranquilizar de que tudo daria certo, por estar a qualquer hora disposto a ajudar e tirar dúvidas, por ser uma pessoa especial, e o melhor orientador que poderia ser. Não é fácil explicar nestas poucas palavras a imensa gratidão que sinto;
- À professora, amiga e co orientadora Dra. Juliana Morini Küpper Cardoso Persegui, pela ajuda prestada especialmente em toda parte molecular desde os reagentes até as análises, por estar disponível a qualquer hora, mesmo distante daqui sempre pronta a me ajudar, pela amizade, conselhos e atenção dispensada durante a realização deste trabalho;
- Ao Professor Dr. Joel Donazzolo pelas sugestões, ensinamentos e aconselhamentos;
- À professora Dra. Nédia de Castilhos Ghisi, por disponibilizar o laboratório e o uso de alguns de seus reagentes e pelo auxílio no decorrer das análises;
- Ao professor Dr. Cleverson Busso, por me auxiliar no início das análises moleculares e ensinamentos importantes;
- Às minhas amigas Isadora e Paula, por desde o início me darem todo o suporte necessário, ensinamentos de todas as técnicas moleculares, adequação e tradução dos protocolos, conselhos e amizade;
- Às colegas de laboratório Emanuele e Andressa, que muito me auxiliaram nos processos de extração e obtenção dos resultados finais da parte molecular, pela amizade, carinho e conselhos;
- Aos meus colegas de campo, Eduardo, Larissa, Gustavo, Lucas e Jonathan, por todos os dias sofridos de plantio, colheita, trilhagem, contagem, e muitos outros, por serem tão compressivos, queridos, amigos e sempre estarem dispostos a me ajudar;
- À minha querida Sônia Nardin, pela companhia diária, pelos mates, pelos conselhos, pelo carinho, amizade, por todos os momentos especiais entre um processo e outro desse curso;
- Às minhas amigas Joseane, Juliana Radaeli, Juliana Castro, Karine, Maikely, Mycheli, Barbara e Amanda, por todas as boas conversas, pelo carinho, amizade, pelas companhias nos almoços, pelos auxílios na dissertação, por todos os bons momentos;
- Aos meus queridos amigos Veridiana, Sidiclei, Elisabete, Viviane e Fabiani por todos os conselhos, apoio e amizade;
- Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de Apoio Técnico em Extensão no País do CNPq - Nível A;

- Aos meus pais Cirlene e Lauro e aos meus sogros Loreci e Elenir, por tantos conselhos, pelo apoio, carinho, por acreditarem na minha capacidade, por me incentivarem a concluir este trabalho, por sempre se preocuparem;

- Aos meus amados irmãos Erica Kelly, Lucas Felipe e ao meu querido cunhado Cristian, por serem pessoas tão queridas em minha vida, pela amizade, carinho, conselhos, encorajamento, por acreditarem em mim;

- Ao meu namorado Jean Carlo, pelo companheirismo, amor, incentivo, paciência, apoio em todos os momentos, pela ajuda no decorrer de todos esses experimentos, por estar disponível todas as horas, compartilhando todos os momentos alegres e difíceis no decorrer do curso, por ser essa pessoa maravilhosa, que sempre me compreende. É muito difícil expressar em poucas palavras a imensa gratidão que sinto por ti, não só nesse curso, como na vida;

- A todos que, com boa intenção, colaboraram para a realização e finalização deste trabalho.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Sementes dos 40 genótipos de feijão utilizados nesse trabalho, sendo 31 variedades crioulas (1 ao 31) e 9 cultivares comerciais (32 ao 40).....	33
Figura 2 - Venações na testa do grão, genótipo 29 (Mulatinho).	43
Figura 3 - Dendrograma representativo do agrupamento de 40 acessos de feijoeiro, pelo Método UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de 10 características morfoagronômicas, os números de identificação das variedades de feijoeiro estão de acordo com a Tabela 9.....	62
Figura 4 - Perfil dos microssatélite SSR-IAC262 (polimórfico, com produtos de tamanho de 202 – 210pb), SSR-IAC276 (polimórfico, com produtos de tamanho de 186 – 206pb), IAC245 (polimórfico, com produtos de tamanho de 186 – 204pb), IAC65 (polimórfico, com produtos de tamanho de 186 – 204pb), IAC65 (polimórfico, com produtos de tamanho de 296 – 298pb) em gel de agarose 2,8% corado com GelRed, em feijão comum.	73
Figura 5 - Representação dos 40 genótipos de feijão comum de acordo com a análise bayesiana do programa Structure. Os acessos avaliados foram divididos em 3 grupos (K=3). Os acessos estão representados pelas barras coloridas. A mesma cor em acessos diferentes indica que eles pertencem a um mesmo grupo. Cores diferentes no mesmo genótipo indicam a porcentagem do genoma compartilhado com cada grupo. As barras em tons de cinza representam os grupos encontrados.....	75
Figura 6 - Gráfico de Pritchard obtido através dos dados gerados pela análise do Structure utilizando os dados da genotipagem os marcadores SSRs, com o K variando de 2 a 10 grupos, sendo que o valor de K mais provável é aquele que possui uma maior verossimilhança (LnPD, circunferência em vermelho).	76
Figura 7 - Dendrograma dos 40 genótipos de feijão comum, gerado a partir da análise de UPGMA com os dados da genotipagem realizada com os 10 marcadores polimórficos do tipo microssatélites. As linhas em azul representam os grupos que podem ser visualizados no dendrograma, com o ponto de corte indicado (linha vermelha).	79

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Dados meteorológicos durante o período de condução do experimento.	32
Tabela 2 - Descritores mínimos de feijão (<i>P. vulgaris</i> L.), descritores morfológicos: presença de antocianina nos cotilédones (ACO), presença de antocianina no hipocótilo (AH), dimensão da folha primária (DFP): comprimento (C) e largura (L) em cm, tipo de planta (TP): I. Arbustivo, determinado; II. Arbustivo, indeterminado; III. Prostrado, indeterminado; IV. Trepador, indeterminado), presença de antocianina do caule (AC), dimensão da folha (DF): pequena, média e grande e dimensão do folíolo central (DFC): comprimento (C) e largura (L) em cm e grupo comercial (GC): Branco (B); Carioca (C); Jalo (J); Mulatinho (M); Preto (P); Rosinha (R); Roxo (RX); Outros (O).	35
Tabela 3 - Descritores mínimos de feijão (<i>P. vulgaris</i> L.), descritores morfológicos: cor da asa, em flores recém-abertas: branca, rosa e roxa (CA), cor do estandarte, em flores recém-abertas: branca, rosa e roxa (CE), cor primária: amarela, verde e roxa (CP), cor secundária: vermelho e roxa (CS), número de dias até o florescimento (NDF), e número total de dias desde emergência até a maturação de colheita (CICLO) e grupo comercial (GC): Branco (B); Carioca (C); Jalo (J); Mulatinho (M); Preto (P); Rosinha (R); Roxo (RX); Outros (O).	38
Tabela 4 - Descritores mínimos de feijão (<i>P. vulgaris</i> L.), descritores morfológicos: cor. % cor primária e % cor secundária (% CP e % CS), cor. Presença de venações na testa (PVT): ausente (1) e presente (2)), forma (F): Esférica (1,16 a 1,42) (1); Elíptica (1,43 a 1,65) (2); Oblonga/reniforme curta (1,66 a 1,85) (3); Oblonga/reniforme média (1,86 a 2,00) (4); Oblonga/reniforme longa (> 2,00) (5)), grau de achatamento (GA): Achatada (< 0,69) (1); Semicheia (0,70 a 0,79) (2); Cheia (> 0,80) (3)), brilho (B): Opaco (1); Intermediário (3); Brilhoso (5)), Halo (H): ausente (1) e presente (2)), cor do Halo (CH): mesma cor da semente (1) e cor diferente da semente (2)), grupo comercial (GC): Branco (1); Carioca (2); Jalo (3); Mulatinho (4); Preto (5); Rosinha (6); Roxo (7); Outros (8)).	40
Tabela 5 - Avaliações das doenças, antracnose foliar (ANT F: ausência de sintomas (1)), Crestamento Foliar (CRES F: porcentagem de infecção: 0% (1); 1% (2) e 5% (3)), mancha angular foliar (MA: ausência de sintomas (1); 0.1 a 1% das folhas com lesões menores que 1mm (2), antracnose nas vagens (ANT V: ausência de lesões (1); até 1% das vagens com lesões (3) e entre 1 e 5% das vagens com lesões (5)), crestamento nas vagens (CRES V: ausência de lesões (1); até 1% das vagens com lesões (3) e entre 1 e 5% das vagens com lesões (5)), acamamento (ACAM.: 25% das plantas caídas ou todas as plantas inclinadas em torno de 25°	

(3); 50% das plantas caídas ou todas inclinadas a 45° (5); 75% das plantas caídas ou inclinadas a 65° (7), nota geral (NG: excelente (1); bom (3); regular (5); ruim (7); péssimo (9).	45
Tabela 6 - Médias das alturas de inserção da primeira (A1V) e de última (AUV) vagem e perfil dos genótipos avaliados, pelo método de Scott-Knott.....	53
Tabela 7 - Médias do número de vagens por plantas (NVP), número de grãos por planta (NGP), número de grãos por vagem (NGV), produtividade (PROD., kg ha ⁻¹) e massa de 100 grãos (M100G, g) dos genótipos avaliados, pelo método de Scott-Knott.	55
Tabela 8 - Médias das notas atribuídas ao acamamento (ACAM) de 1 a 9, nota geral (NG), de 1 a 9, conforme ANEXO A, número de dias até o florescimento (NDF) e ciclo (CICLO) dos genótipos avaliados, pelo método de Scott-Knott.	58
Tabela 9 - Grupos formados pela análise de agrupamento, estimados a partir de 12 características morfoagronômicas e sua respectiva numeração do dendrograma. Altura de inserção da primeira vagem (A1V), altura de inserção da última vagem (AUV), Perfil (diferença de altura entre a última e a primeira vagem, número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), produtividade (PROD.), massa de 100 grãos (M100G), acamamento (ACAM), nota geral (NG), número de dias até a floração (NDF) e ciclo.	63
Tabela 10 - Dados dos 10 SSRs utilizados para amplificação do DNA dos 40 genótipos de feijão comum (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) com sua respectiva temperatura de anelamento (TA °C).....	71
Tabela 11 - Dados dos 10 microsatélites que foram utilizados para genotipar os 40 acessos de feijão comum estudados.	73

SUMÁRIO

RESUMO.....	11
ABSTRACT.....	12
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	13
1.1. OBJETIVO GERAL	16
1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	16
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	17
2.1. GÊNERO PHASEOLUS	17
2.2. CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA.....	17
2.3. A ESPÉCIE <i>PHASEOLUS VULGARIS</i> L.	18
2.4. ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS	19
2.5. VARIEDADES CRIOULAS	20
2.6. PRINCIPAIS DOENÇAS DO FEIJOEIRO	20
2.7. MELHORAMENTO GENÉTICO.....	21
2.8. CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS.....	22
2.9. ANÁLISE MOLECULAR.....	23
2.10. MEDIDAS DE ESTIMATIVAS DE DIVERSIDADE GENÉTICA	26
3. CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM	29
RESUMO.....	29
ABSTRACT.....	29
3.1. INTRODUÇÃO	30
3.2. MATERIAL E MÉTODOS	31
3.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
3.4. CONCLUSÕES	48
4. CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM	49
RESUMO.....	49
ABSTRACT.....	50
4.1. INTRODUÇÃO	50
4.2. MATERIAIS E MÉTODOS	52
4.3. RESULTADOS E DISCUSSÕES	52

4.4	CONCLUSÕES	65
5.	CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM..	66
	RESUMO.....	66
	ABSTRACT.....	66
5.1	INTRODUÇÃO	67
5.2	MATERIAL E MÉTODOS	69
5.3	RESULTADOS E DISCUSSÕES	72
5.4	CONCLUSÕES	83
	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	84
	REFERÊNCIAS	85
	ANEXO.....	98
	ANEXO A - DESCRITORES MÍNIMOS - CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS E AGRONÔMICAS – SEGUNDO FORMULÁRIO DE DESCRITORES MORFOLÓGICOS MÍNIMOS DE FEIJÃO (<i>PHASEOLUS</i> <i>VULGARIS</i> L.), RECOMENDADO PELO SNPC, DE ACORDO COM SILVA (2005), E AS AVALIAÇÕES DE ANTRACNOSE, CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM NAS FOLHAS E NAS VAGENS (NA FLORAÇÃO E NA MATURAÇÃO FISIOLÓGICA, RESPECTIVAMENTE), ACAMAMENTO E NOTA GERAL, FORAM BASEADAS NOS ESTÁDIOS DE CRESCIMENTO DA CULTURA DO FEIJOEIRO SEGUNDO A ESCALA PROPOSTA PELO CIAT (1987).....	98

RESUMO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento mundialmente consumido e muito tradicional na mesa dos brasileiros, contribuindo como fonte de proteína e nutrientes. As variedades crioulas apresentam grande variabilidade genética e conhecer essas características facilita no processo de escolha de materiais a serem utilizados como fonte de resistência ou tolerância a doenças, pragas e estresses abióticos, possibilitando a sua caracterização e avanços no melhoramento genético da cultura. Esse trabalho teve como objetivo caracterizar morfoagronomicamente e analisar a variabilidade genética de um conjunto de 40 acessos (crioulos e cultivares comerciais) de *Phaseolus vulgaris* L. e reuni-los em grupos de dissimilaridade genética, afim de identificar genótipos mais dissimilares, para a possível seleção de genitores em programas de melhoramento. Foram avaliados 40 genótipos - 31 genótipos crioulos e 9 cultivares comerciais. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Dois Vizinhos. Os genótipos foram caracterizados quanto a morfologia, através dos Descritores Mínimos para a espécie. Quanto a parte agrônômica, com base nos componentes de rendimento e alguns descritores morfológicos. E quanto a parte molecular, foram avaliados quanto a diversidade genética dos acessos através de marcadores moleculares microssatélites (SSR). Os dados foram utilizados a partir da obtenção das distâncias genéticas e realizou-se a análise de agrupamento, pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Mean Average*) método dos grupos de pares não ponderados médios. Através do uso da estatística bayesiana, realizou-se a representação dos 40 acessos avaliados. Com base nas três caracterizações foi possível inferir que há alta variabilidade genética no grupo de feijões estudados, seja quanto a parte morfológica, coloração dos grãos, flores, formas, tamanhos, doenças e ciclos, ou quanto a produtividade e seus componentes, mas essas características podem variar de acordo com as condições ambientais. Nesse sentido, confirmou-se a diversidade através da dissimilaridade genética apresentada pelos genótipos. Sendo Serrana Vagem Branca e BRS Expedito os genótipos mais divergentes, cruzamentos controlados entre ambos poderia resultar em maiores ganhos genéticos, havendo a possibilidade de maior diversidade entre as futuras gerações. Os acessos crioulos (Serrana Vagem Branca, Chumbinho Preto, Pardinho, Chumbinho Preto Lustroso e Iapar 40) apresentaram produtividades acima de 1.600 Kg ha⁻¹, portanto podem ser indicadas para compor cruzamentos nos programas de melhoramento que visem elevadas produtividades. Aponta-se com base na maior dissimilaridade genética Chumbinho e Chumbinho Preto Lustroso, Serrana Vagem Branca, e Iapar 40 o primeiro genótipo apresenta boa resistência às doenças analisadas no presente estudo e os outros genótipos têm boa produtividade, podendo resultar em maiores ganhos genéticos, havendo a possibilidade de maior diversidade entre as futuras gerações.

Palavras-chave: Componentes de rendimento. Marcadores moleculares microssatélites (SSR). Descritores morfológicos. Variabilidade genética.

ABSTRACT

Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a world food consumed and very traditional of Brazilians, contributing as a source of protein and nutrients. The local races have genetic variability and knowledge of these characteristics facilitates in the process of choosing materials to be used as a source of resistance or tolerance to abiotic diseases and pests, making possible their characterization and advances in the genetic improvement of the culture. This work aimed the characterization morphologic, agronomically and to analyze the genetic variability of a set of 40 access (land races and cultivars) of *Phaseolus vulgaris* L. and to organize them in groups of genetic dissimilarity, in order to identify descriptors of greater contribution for the genetic divergence. A total of 40 genotypes - 31 Creole genotypes and 9 commercial cultivars were evaluated. The experiment was conducted in the experimental area of the Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Dois Vizinhos. The genotypes were characterized for morphology through the Minimum Descriptors for the specie. For the agronomic was based on the yield components and some morphological descriptors. And for the molecular part, the genetic diversity of the accessions through microsatellite molecular markers (SSR). The data were used to obtain the genetic distances and the cluster analysis was performed by the Unweighted Pair Group Mean Average method of the unweighted average pairs groups (UPGMA). Through the use of Bayesian analysis, the 40 accessions evaluated were represented. Based on the three characterizations was possible to infer that there is a high genetic variability in the studied beans group, be it the morphological part, grain color, flowers, shapes, sizes, diseases and cycle, or as to productivity and its components according to environmental conditions. In this way, the diversity was confirmed through the genetic dissimilarity presented by the genotypes. The access Serrana Vagem Branca and BRS Expedito the most divergent genotypes, controlled crosses between both could result in greater genetic gains, with the possibility of greater diversity. The local accesses (Serrana Vagem Branca, Chumbinho Preto, Pardinho, Chumbinho Preto Lustroso and Iapar 40) presented yields above 1,600 kg ha⁻¹, so they can be indicated to cross in breeding programs that aim at high yields. Based on the greater genetic dissimilarity Chumbinho and Chumbinho Preto Lustroso, Serrana Vagem Branca, and Iapar 40 shows good resistance to the diseases analyzed in the present study, being able to result in greater genetic gains, the possibility of greater diversity among future generations.

Key words: Yield components. Microsatellite molecular markers (SSR). Morphological descriptors. Genetic variability.

1. INTRODUÇÃO GERAL

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é a espécie mais cultivada no mundo dentre as demais espécies do gênero *Phaseolus* e representa a segunda leguminosa mais importante, ficando somente atrás da soja na alimentação mundial (SANTOS et al., 2015a). Apresentando grande diversidade genética e alto potencial de produção (MOTA; ZAHLER, 1994, SILVA et al., 2006). Além de ser um alimento muito tradicional na mesa dos brasileiros, faz parte da sua dieta, e contribui como fonte de proteína (20 a 28%) e caloria (12%) (SOARES, 1996; MESQUITA et al., 2007).

Setenta por cento dos brasileiros consomem feijão diariamente, atingindo um consumo médio por pessoa de 17 kg hab⁻¹ ano⁻¹ deste grão, que é o símbolo da culinária brasileira (MAPA, 2018). Na década de 70, chegou a alcançar patamares de 23 a 24 kg hab⁻¹ ano⁻¹, sendo esta redução atribuída, ao longo do tempo, a vários fatores, dentre eles o êxodo rural, mudanças nos padrões de alimentação da população, e a redução nos preços de outras fontes proteicas, como a carne de frango. Entretanto, o feijão, juntamente com o arroz, ainda constitui a alimentação básica do brasileiro, principalmente para àqueles de baixa renda, que recebem o feijão em sua cesta básica (BORÉM; CARNEIRO, 2015). O Brasil está entre os maiores produtores de feijão comum do mundo, com uma produção em 2016 de 2,9 milhões de toneladas (IBGE, 2016).

O feijão é cultivado em toda a extensão do território nacional e apresenta uma grande variabilidade genética, desde aquelas cultivares que cultivadas somente por pequenos produtores, que passam de geração para geração, em que o melhoramento genético ocorre de forma natural pela seleção da natureza e do próprio produtor rural, até as cultivares altamente uniformes e especializadas que atendem às exigências do mercado (TREMEA et al., 2007).

Essa grande variabilidade genética presente nas variedades crioulas é muito importante do ponto de vista de conservação dos recursos genéticos disponíveis (XAVIER et al., 2005). Bem como, seu conhecimento é fundamental para os programas de melhoramento de feijão visando desenvolver e selecionar novas características e então, novas cultivares com alto potencial produtivo e demais características desejadas (BONETT et al., 2006). As variedades crioulas são aquelas sementes cultivadas ao longo dos milhares de anos, através do processo de seleção de plantas, feito pelos agricultores, seus vizinhos, parentes e amigos, passadas de geração em geração (FISCHER et al., 2016).

Dentro da variabilidade encontra-se diversas características, como plantas tolerantes a estresses, com alta produtividade, resistentes ao ataque de pragas e doenças, e a importância de

conhecer essas características, possibilita utilizar esse material como fonte de resistência ou tolerância que atendem as exigências dos melhoristas. O conhecimento desses caracteres de uma coleção consiste na obtenção de dados que auxiliam na caracterização, possibilitando grandes avanços nas análises da diversidade genética e nos programas de melhoramento (TORO et al., 1990; SILVA, 2011a).

Essa caracterização pode ser realizada de diferentes formas, desde algumas técnicas tradicionais, a citar as análises morfológicas e agronômicas, além de outras técnicas mais específicas que envolvem o uso de análises bioquímicas, citogenéticas e moleculares (SILVA, 2011a).

As características genéticas são importantes para a conservação da espécie e, principalmente, para os programas de melhoramento. Mas somente a caracterização genética da planta não é suficiente, caracteres fenotípicos também devem ser analisados. A variabilidade morfológica é ampla entre os indivíduos e entre genótipos da mesma espécie. Para a cultura do feijão, vários descritores morfológicos são considerados dentre eles, caracteres relacionados aos diferentes órgãos da planta. Dessa forma utiliza-se o uso de caracteres morfoagronômicos, os quais ajudam na identificação das variedades que apresentem diversidade fenotípica e que está esteja ligada a diversidade genética desta (QUEROL, 1993; JARVIS et al., 2000; CELIN, 2011; COELHO et al., 2007).

A análise dos caracteres agronômicos é muito importante para avaliar a diversidade e a caracterização de uma cultivar, ajudando no conhecimento e na organização das coleções de espécies. Mas essas informações apresentam algumas limitações, por sofrerem interferências ambientais, o que não são desejadas, visto que alguns caracteres podem ser afetados pelos fatores abióticos, a citar a principal variável agronômica, a produção, que pode ser fortemente influenciada pelas condições climáticas do ambiente. Dessa forma, a caracterização deve ser complementada com o auxílio de marcadores moleculares, capazes de detectar o polimorfismo genético a nível de ácido desoxirribonucleico (DNA), o qual não é afetado pelo ambiente o que possibilita uma análise mais detalhada da estrutura genética de populações (FRANCO et al., 2001; SILVA, 2011a).

Diversas são as técnicas baseadas em análise de DNA introduzidas nas últimas décadas, com potencial de identificar as diferenças nas sequências de DNA, os polimorfismos. Técnicas baseadas em Reação em Cadeia Polimerase (PCR), como Polimorfismos de DNA amplificado ao acaso (RAPD), assim como outros marcadores de DNA, como RFLP (polimorfismos de comprimento de fragmentos de restrição) e microssatélites ou sequência simples repetida (SSR) têm sido utilizadas para medir a diversidade genética entre e dentro de espécies de

microrganismos, animais e plantas, incluindo o *Phaseolus* sp. (FRANCO et al., 2001; SZILAGYI et al., 2011). Os microssatélites em especial vêm sendo muito indicados e usados nos estudos de populações por terem alta reprodutibilidade e serem geneticamente mais informativos para estudos com diversidade genética (SILVA et al., 2007).

A diversidade genética é estimada entre indivíduos, espécies ou populações, é a diferença genética em nível de sequência ou frequência alélica. Compreende-se a diversidade genética de duas maneiras básicas: uma quantitativa e outra preditiva. Enquanto que o método preditivo recebe maior atenção, por não necessitar de combinações híbridas prévias, especialmente quando o número de genitores cuja diversidade se deseja conhecer é elevado (CARVALHO et al., 2003). Os dois métodos são alternativas viáveis e utilizam as diferenças morfológicas, agronômicas e moleculares, quantificando-as por alguma medida de dissimilaridade que expressa o grau de diversidade genética entre os genótipos. Essas medidas são frequentemente interpretadas e visualizadas por técnicas multivariadas (SILVA, 2011a).

A caracterização de genótipos de feijão é fundamental para que o uso destes seja racional, e esteja disponível ao desenvolvimento de novas cultivares, melhorando a qualidade e a resistência a doenças, além de fornecer informações necessárias a criação e manutenção dos bancos de germoplasma e dos recursos genéticos (SILVA et al., 2015).

1.1.OBJETIVO GERAL

Caracterizar morfoagronomicamente e analisar a variabilidade genética de um conjunto de 40 acessos (crioulos e cultivares comerciais) de *Phaseolus vulgaris* L. e reuni-los em grupos de dissimilaridade genética, afim de identificar genótipos mais dissimilares, para a possível seleção de genitores em programas de melhoramento.

1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Realizar a caracterização morfológica, com base no Formulário de Descritores Morfológicos Mínimos de Feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), recomendado pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC), utilizando-se de genótipos de feijão comum, cultivares comerciais e variedades crioulas.

Definir as características agronômicas, a partir dos componentes de rendimento de genótipos de feijão comum, entre cultivares comerciais e variedades crioulas, e avaliar a diversidade genética com base nas características agronômicas, para assim apontar as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinações superiores.

Representar molecularmente os 40 genótipos de feijão comum, baseado no agrupamento destes, em função da dissimilaridade genética apresentada, indicar a contribuição dos caracteres avaliados para a dissimilaridade genética e apontar as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinações superiores.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 GÊNERO PHASEOLUS

O gênero *Phaseolus* tem sua origem nas Américas, assim como, o início da sua diversificação, possui cerca de 55 espécies, dentre as quais cinco são as mais cultivadas, sendo elas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray var. *latifolius* Freeman e *P. polyanthus* Greenman. Entre estas, a mais importante é *P. vulgaris* L. conhecida popularmente como feijão comum, por ser a espécie mais antiga e mais cultivada em todo o mundo (DEBOUCK, 1993; FREITAS, 2006; SANTOS et al., 2015b).

Acredita-se que o feijão teve dois grandes centros principais de domesticação, o primeiro nas Américas (Mesoamericano), especialmente na região de entorno do México, onde teve origem um feijão de grãos pequenos apresentando massa de 100 grãos inferior a 25 g (BLAIR et al., 2010), como o feijão carioca. E o segundo, localizado no sul Andino, principalmente na Argentina e Peru, onde tiveram origem cultivares com grãos de tamanho médio (25 a 40 g 100 grãos⁻¹) a grande (maior que 40 g 100 grãos⁻¹) (SZILAGYI et al., 2011; BLAIR et al., 2010; GEPTS; DEBOUCK, 1991).

2.2 CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA

O gênero *Phaseolus* L. pertence ao reino vegetal, sub-ramo das Angiospermas, classe das Dicotiledôneas, ordem das Rosales, família Fabaceae, subfamília Papilionoideae e à tribo Phaseoleae. A família Fabaceae compreende aproximadamente 727 gêneros e 19.325 espécies, sendo considerada a terceira maior família de Angiospermae. Essa família é considerada a maior família no Brasil, com 2.100 espécies e 188 gêneros (SANTOS et al., 2015b; ANDRADE et al., 2009; LEWIS et al., 2005; LIMA, 2000; POLHILL et al., 1981).

O feijão comum apresenta folhas simples, opostas, alternas e constituídas por três folíolos, ou também chamado de trifólio (um central, ou terminal, simétrico e dois laterais, opostos e assimétricos), característicos das folhas definitivas, enquanto que as folhas primárias que surgem logo após a germinação das sementes, são simples e opostas, e caem no decorrer do desenvolvimento da planta, sua cor e a pilosidade variam de acordo com a cultivar, com a idade da planta e fatores ambientais (SANTOS; GAVILANES, 2006).

As flores do feijão estão dispostas em inflorescências, contendo corola com cinco pétalas, uma mais externa e maior, chamada de estandarte, duas laterais menores e estreitas, as

asas, e duas inferiores, envolvendo os órgãos reprodutivos, a quilha. A coloração pode variar de branca, rosa ou roxa (violeta), podendo apresentar coloração uniforme por toda a corola, ou ser bicolor, ou seja, dispor de corola com estandarte e asas com coloração ou tonalidades diferentes (SILVA; COSTA, 2003).

O fruto é um legume deiscente, que apresenta diferentes colorações, sendo esta uma característica importante da cultivar, podendo estar uniformemente distribuída ou não, pode também possuir variações dependendo do grau de maturação, oscilando do verde, verde com estrias vermelhas ou roxas, vermelha, roxa, amarela, amarela com estrias vermelhas ou roxas, e até marrom (SILVA; COSTA, 2003).

2.3 A ESPÉCIE *Phaseolus vulgaris* L.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a espécie mais cultivada no mundo dentre as demais espécies do gênero *Phaseolus*, e representa a segunda leguminosa mais importante, ficando somente atrás da soja na alimentação mundial. Apresenta grande diversidade genética e grande potencial de produção, que se adapta à diferentes ambientes, mas é pouco tolerante a fatores extremos, como temperaturas muito altas ou muito baixas, em especial no período de floração e formação das vagens, onde causam maiores danos. A faixa de temperatura ideal para a cultura é de 15 a 29 °C, com uma temperatura ótima em torno de 21 °C (SANTOS et al., 2015b; SILVA et al., 2006; MOTA; ZAHLER, 1994).

A cultura desenvolve-se bem em solos bem drenados, pois é pouco tolerante a deficiência hídrica, variando de texturas arenosas até argilosas, porém solos argilosos devem ser muito bem drenados para evitar encharcamentos. Sua produtividade máxima está associada a um pH entre 5,5 e 6,5, com excelente fertilidade ou uma boa adubação (ANDRADE et al., 2015; HEINRICHS et al., 2008; GUIMARÃES, 1996; CHAIB et al., 1984).

Diariamente o consumo de feijão situa-se entre 50 a 100 g por pessoa, contribuindo com 28% de proteínas e 12% de calorias ingeridas (MESQUITA et al., 2007). O autor completa que essa proteína é rica em lisina, um aminoácido muito importante a alimentação humana, além de possuir, ferro, cálcio, magnésio, zinco, vitaminas do complexo B, carboidratos e fibras. Sendo assim, observa ser uma das principais fontes de proteínas na mesa dos brasileiros e acredita que é a principal fonte de proteína das populações de baixa renda. Tornando-se assim um produto com importância nutricional, econômica e social (MESQUITA et al., 2007).

Apesar do valor nutritivo da proteína do feijão ser baixa quando utilizado sozinho, quando este é combinado com outro alimento, como o arroz, forma uma mistura de proteínas

mais nutritiva, que dá certo pelo fato de que o feijão ser pobre em aminoácidos sulfurados, e rico em lisina, enquanto que o arroz é pobre em lisina e relativamente rico em aminoácidos sulfurados, quando juntos os dois alimentos se completam, formando a combinação mais consumida pela população brasileira (MESQUITA et al., 2007). Considera, que juntos feijão, arroz e carne contribuem com 70% da ingestão de proteínas necessárias diariamente.

O cultivo e o consumo do feijão mundialmente são tão importantes que o Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), afirma que esse alimento é o principal elemento na composição da alimentação de 400 milhões de pessoas nos trópicos (DERAL, 2017).

2.4 ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS

O Brasil está entre os maiores produtores de feijão comum do mundo, com produção total (safra 2016/17) de 3,39 milhões de toneladas, 35,3% maior do que a safra anterior. Foi cultivado em área total de 3,18 milhões de hectares, 12,1% maior que a safra passada. Com destaque para a Região Sul, principal polo produtor de feijão, representando na safra por 27,7% do total, seguida pela Centro-Oeste (24,6%), Região Sudeste (23,8%), Nordeste (20,0%) e Norte (3,8%). O Estado do Paraná é o maior produtor dessa leguminosa, dentre os principais produtores nacionais, com 20,9% do total produzido, seguido por Minas Gerais (15,7%), Mato Grosso (12,2%), Goiás (10,1%), Bahia (8,8%) e São Paulo (7,7%). Das três safras anuais, a primeira foi a principal com 40% do total da produção, a segunda (35%) e a terceira (25%) (DERAL, 2017).

Na safra 2017/18 a produção nacional foi de 3,31 milhões de hectares, com recuo de 5,9% em relação à safra anterior em razão dos baixos preços de comercialização e problemas com as condições climáticas, especialmente com o excesso de chuva no momento da colheita no Estado do Paraná e ao déficit hídrico durante a semeadura no Estado de Minas Gerais, especialmente ao se considerar que estes são os dois estados maiores produtores desta leguminosa do país (CONAB, 2018).

Segundo a CONAB (2019), para a primeira safra 2018/19, a estimativa nacional de área semeada com feijão, é de 972 mil hectares, com redução de 7,7% em relação à anterior. Isso, pelo fato de o cultivo do feijão estar competindo por área com outras duas grandes culturas nessa época do ano, a da soja e do milho, e nesse momento o produtor acaba escolhendo o cultivo que mais lhe dará rentabilidade (CONAB, 2019).

2.5 VARIEDADES CRIOULAS

Por ser cultivado em todo o território nacional e possuir ampla variabilidade genética, principalmente nas variedades crioulas, especialmente aquelas cultivadas por pequenos produtores, que já passaram por um processo de seleção ao longo dos anos, estas variedades se tornam muito importante do ponto de vista de conservação dos recursos genéticos disponíveis, bem como, seu conhecimento é fundamental para os programas de melhoramento de feijão, visando desenvolver e selecionar novas características e então, novas cultivares com elevado potencial produtivo e demais características desejadas (TREMEA et al., 2007).

Essa variabilidade genética nas cultivares que estão sob cuidados dos agricultores não só pode como deve ser utilizada pelos programas de melhoramento, tendo em vista que só sobrevivem aquelas linhagens que já possuam alguma vantagem adaptativa, e essas cultivares que são cultivadas pelos agricultores, já passaram por diversas adaptações e estão prontas para serem utilizadas pelos programas de melhoramento, sendo assim, é necessário conhecer essa diversidade genética existente, que já tem pelo menos alguma adaptação as condições climáticas de cada região de cultivo (BONETT et al., 2006; RAMALHO; ABREU, 2015).

2.6 PRINCIPAIS DOENÇAS DO FEIJOEIRO

As doenças, causadas por fungos, bactérias e vírus, são responsáveis por danos significativos para a cultura do feijão, dentre as principais, destacam-se a ferrugem (*Uromyces appendiculatus*), o crestamento bacteriano comum (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*), o mosaico comum (*Bean Common Mosaic Virus*, BCMV), a mancha angular (*Phaeoisariopsis griseola*) e a antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) (VIEIRA, 2004).

Dentre essas doenças, destaca-se como a que causa maior impacto, a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magnus) Briosi & Cavara, sendo que em ambientes e condições favoráveis ao desenvolvimento do patógeno, pode ocasionar perdas de até 100% no rendimento da cultura, além de afetar a qualidade dos grãos pois ocasiona manchas, o que leva a desvalorização no mercado consumidor (COSTA et al., 2016). O controle dessa doença é especialmente complicado devido ao fato do patógeno ser facilmente transmitido por sementes e pela grande capacidade de sobrevivência em restos culturais (TU, 1992; SUTTON, 1992).

O crestamento bacteriano comum (CBC) é causado por uma bactéria (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*), ocasionando uma doença

chamada de cretamento bacteriano comum (CBC). Esta doença causa prejuízos na produção em função da redução da área foliar fotossintética, diminuindo a fotossíntese e, conseqüentemente, toda a produção da planta. Ainda atinge ampla distribuição geográfica nas regiões produtoras de feijão do Brasil e, por possui difícil controle. Seus sintomas são perceptíveis em toda a parte aérea da planta, afetando folhas, caules e sementes (como descoloração no hilo, manchas amarelas no tegumento e enrugamento) esses aspectos podem impactar na redução do valor comercial das sementes (SILVA et al., 2009).

Outra doença que afeta o feijoeiro é a mancha angular, causada por *Phaeoisariopsis griseola* (Sacc.) Ferraris. Essa doença é encontrada, em diferentes intensidades de severidade na planta, provocando lesões na parte aérea da planta, como folhas, vagens, ramos e pecíolos e podendo provocar intensa desfolha, se não controlada, as perdas podem chegar a 70% da produção, dependendo do ambiente e da susceptibilidade dos genótipos (CARVALHO, 2010).

2.7 MELHORAMENTO GENÉTICO

Os programas de melhoramento para a cultura do feijão buscam cada vez mais identificar linhagens que possuam características que lhe confirmam uma forma de alcançar os objetivos desejados. Os objetivos são variados, como resistência a patógenos, alta produtividade, estabilidade na produção, bom teor nutritivo, menor tempo de cozimento, dentre outros (RAMALHO; ABREU, 2015).

O feijão é predominantemente uma planta autógama, ou seja, durante o seu processo de fecundação, o que mais ocorre é a autofecundação, sendo fecundado por pólen da mesma planta, lhe conferindo assim uma linhagem pura, com genótipos que possuem todos os seus locos em homozigose, apresentando alelos iguais em todos os genes (RAMALHO; ABREU, 2015). Completam que, com apenas 3% de fecundação cruzada, a constituição da cultivar permanece praticamente inalterada, desde que não haja misturas mecânicas ou mutações. Dessa forma, cada variedade crioula, pode ter características únicas e que devem ser analisadas, descritas e identificadas, afim de diferenciar acessos dentro de espécies, classes ou categorias.

Por apresentarem grande variabilidade genética, as variedades crioulas, também podem apresentar características importantes, como fontes de resistência ou tolerância ao ataque de pragas, doenças e estresses abióticos. Essas características são muito desejadas nos programas de melhoramento, sendo assim, conhecê-las é fundamental para avanços nos programas de melhoramento genético do feijão (TORO et al., 1990; SILVA, 2011a).

A maioria dos agricultores faz o uso dos grãos que colhe e utiliza-os como semente para o próximo cultivo, esse processo pode gerar algumas misturas de materiais, e também pode haver a ocorrência de mutações com o passar dos milhares de anos em que essa leguminosa vem sendo cultivada. Em conjunto, esses processos dão origem a grande variabilidade genética do material utilizado pelos agricultores, que juntamente com as adaptações sofridas pelas cultivares com o passar do tempo, formam variedades de alta diversidade genética (SANTOS et al., 2002; RAMALHO; ABREU, 2015).

Logo, uma caracterização desses materiais para que possam ser utilizados corretamente, é necessária. Esta caracterização das cultivares e variedades pode ser realizada de diferentes formas, desde algumas técnicas tradicionais, a citar as análises morfológicas e agronômicas, além de outras técnicas mais específicas que envolvem o uso de análises bioquímicas, citogenéticas e moleculares (SILVA, 2011a).

2.8 CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS

As características genéticas são importantes para a conservação da espécie e principalmente para os programas de melhoramento, mas somente a caracterização genética da planta não é suficiente, caracteres fenotípicos também devem ser analisados, permitindo assim ganhos genéticos no melhoramento e vantagens nos recursos utilizados pelos agricultores (COELHO et al., 2007).

A variabilidade morfológica é ampla entre os indivíduos e entre os genótipos da mesma espécie e para a cultura do feijão vários descritores morfológicos são considerados. Dessa forma, utiliza-se o uso de caracteres morfológicos e agronômicos, que ajudam na identificação das variedades que apresentam diversidade fenotípica e que estejam ligadas à diversidade genética destas (QUEROL, 1993; COELHO et al., 2007; JARVIS et al., 2000, CELIN, 2011).

Para que de fato, se possa utilizar as informações sobre uma espécie ou variedade, estas devem ser realizadas de maneira adequada e devem ser devidamente quantificadas. Nesse sentido, o processo de caracterização, identifica e descreve as semelhanças e principalmente as diferenças entre as variedades, especialmente os caracteres agronômicos (principalmente a produtividade), caracteres morfológicos (hábito de crescimento, florescimento, coloração de flor e vagens), respostas positivas às principais pragas e doenças que atacam a cultura em estudo (OLIVEIRA et al., 2011).

A caracterização das variedades que podem determinar a identidade, uniformidade e estabilidade diferem para cada espécie e variedade. Dependendo do grau de interação com o

ambiente, os caracteres descritivos se classificam em fixos e variáveis: os fixos, também denominados qualitativos, são facilmente observados e pouco afetados pelo ambiente, como por exemplo, a coloração das flores. Enquanto que os caracteres variáveis, interagem com o ambiente e manifestam-se, fenotipicamente, e podem ser chamados de quantitativos, pois podem ser medidos, como por exemplo, a massa de 100 grãos. Destaca-se ainda que, os caracteres fixos e qualitativos têm maior confiabilidade, por sofrerem menos influência que os quantitativos para descrever uma variedade de feijão, entretanto, ambos devem ser utilizados, para uma descrição mais completa (SILVA, 2005).

Mediante o uso de características botânicas expressas principalmente em descritores morfológicos e genéticos, são encontradas informações de caracteres com alta herdabilidade, fácil identificação e com expressão em todos os ambientes. Para isso, utilizam-se caracteres qualitativos e quantitativos associados aos componentes do rendimento, aos fatores bióticos e abióticos, efeito da relação entre genótipo e ambiente (COSTA et al., 2007).

Existem várias características para os descritores, mas no Brasil, a caracterização para o feijão é realizada levando em conta os descritores morfológicos e agronômicos. E dentre as características analisadas estão: número de dias até o florescimento, cor da flor, hábito de crescimento, porte da planta, cor da vagem, ciclo, altura de inserção da primeira vagem, número de vagens por planta, número de grãos por vagem (SILVA, 2005).

2.9 ANÁLISE MOLECULAR

A análise dos caracteres agronômicos é muito importante para avaliar a diversidade e a caracterização de uma cultivar, ajudando no conhecimento e na organização das coleções de espécies. Essas informações apresentam algumas limitações, por sofrerem interferências ambientais, o que não são desejadas, visto que alguns caracteres podem ser afetados por conta desses fatores abióticos, a citar a principal variável agronômica, a produção, que pode ser fortemente influenciada pelas condições climáticas do ambiente. Dessa forma, a caracterização deve ser complementada com o auxílio de marcadores moleculares, capazes de detectar o polimorfismo genético a nível de DNA, o qual não é afetado pelo ambiente, o que possibilita uma análise mais detalhada da estrutura genética das populações (FRANCO et al., 2001; SILVA, 2011a).

As técnicas moleculares auxiliam na identificação de marcadores moleculares de forma rápida e segura, possibilitando as investigações de ácidos nucleicos ou de produtos gênicos. A maioria dos marcadores moleculares não sofre interferência ambiental, além de serem muito

polimórficos, quando comparados aos caracteres morfoagronômicos. E ainda fornecem excelentes resultados na caracterização das cultivares, sendo muito utilizados para identificar clones, diferenciar cultivares, híbridos e linhagens, bem como estudar fluxo gênico e taxas de cruzamentos e parentesco entre as espécies, e estimar a riqueza alélica de coleções, analisando sua representatividade, além de avaliar a similaridade genética entre indivíduos e acessar a sua variabilidade genética (SILVA, 2008; SILVA, 2011a).

O uso de marcadores moleculares tem várias finalidades, e para o gênero *Phaseolus*, vem sendo utilizado para acessar a diversidade genética das populações e para construir mapas genéticos, além de permitir conhecer a estrutura genética (KWAK; GEPTS, 2009; MAQUET et al., 1997; SICARD et al., 2005).

Diversas são as técnicas baseadas em análise de DNA introduzidas nas últimas décadas, com potencial de identificar as diferenças nas sequências de DNA, os polimorfismos. Essas técnicas como já mencionadas anteriormente, ajudam a complementar as informações na caracterização da diversidade genética, excluindo os fatores ambientais. Além de não sofrerem com os fatores ambientais, outro fator muito importante é que, essas análises podem ser realizadas em qualquer estágio de crescimento da planta usando qualquer parte da planta e ainda, utilizando apenas pequenas quantidades de tecido, como apenas algumas folhas (SZILAGYI et al., 2011). Técnicas baseadas em Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), Polimorfismos de DNA Amplificado ao Acaso (RAPD), assim como outros marcadores de DNA, como Polimorfismos de Comprimento de Fragmentos de Restrição (RFLP), microssatélites ou Sequência Simples Repetida (SSR) e Polimorfismos de Comprimento de Fragmentos Amplificados (AFLP) têm sido utilizadas para medir a diversidade genética entre e dentro de espécies de microrganismos e plantas, incluindo o *Phaseolus* sp. (FRANCO et al., 2001; SZILAGYI et al., 2011).

A técnica de PCR permite à amplificação do DNA utilizando-se de pequenas quantidades de material contidos em uma amostra, utilizando-se *primers* de DNA específicos para aquela determinada espécie em particular (AGRIOS, 2005; BORÉM, 2005). Onde, por dependerem de pequenas quantidades de DNA, esses marcadores vêm sendo muito utilizados nos procedimentos de análise de variabilidade genética, por sua rapidez e pela possibilidade de se estudar os mais diferentes tipos de amostras que contenham um mínimo de DNA (AGRIOS, 2005; BORÉM, 2005).

Essa técnica consiste na síntese artificial de milhões de cópias de um fragmento sintético de DNA de tamanho definido (geralmente entre 100 e 1.000 pb), a partir do DNA de amostras biológicas, também chamado de DNA molde, ou seja, o DNA que se deseja obter a

amplificação. A amplificação do DNA, ocorre na presença do DNA molde, de nucleotídeos (bases nitrogenadas: adenina, timina, citosina e guanina), de um par de sequências pequenas de DNA (oligonucleotídeos) iniciadoras (*primers*) e da enzima polimerase (SILVA, 2008).

No genoma de organismos eucariotos, como no caso das plantas, encontram-se várias sequências de nucleotídeos repetidas, e uma delas consiste em uma sequência em *tandem* (ex.: ATATAT), e esta é chamada de microssatélites ou SSR. As regiões que cercam essas sequências são conservadas dentro de uma espécie, o que permite o uso de *primers* que são utilizados para amplificar o DNA. Os polimorfismos no tamanho dos fragmentos amplificados são a diferença no número de elementos simples repetidos, e podem ser observados em géis de agarose que fazem a separação desses fragmentos, pois eles apresentam pares de bases diferenciadas. Nos estudos de vegetais, esses microssatélites vêm cada vez sendo mais utilizados na construção de mapas genéticos e na caracterização da diversidade genética das espécies, pois são codominantes e multialélicos, o que fornece alto nível de informação genética por loco estudado (GUIMARÃES et al., 2009).

Os marcadores moleculares microssatélites vem sendo cada vez mais utilizados em estudos genéticos de plantas, por possuir expressão codominante e multialélica, contendo maior informação de polimorfismo (PIC) entre todos os marcadores moleculares, e isso faz com que estes, sejam amplamente empregados em estudos de diversidade e mapeamento genético de características de interesse agrônômico, inclusive em estudos com o gênero *Phaseolus*, onde são aplicados para identificar e diferenciar genótipos (SCHIAVON et al., 2009). Além de serem uma ótima possibilidade para a avaliação da distância genética entre indivíduos, e para identificação e caracterização de novas cultivares (VIEIRA et al., 2009).

Vários são os trabalhos que vêm sendo realizados nos últimos anos envolvendo as técnicas de SSR e o gênero *Phaseolus*. Blair et al. (2009) realizaram estudo sobre a diversidade genética, associações de tamanho de sementes e estrutura populacional de uma coleção nuclear de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e encontraram associações significativas entre locos SSR e características de tamanho dos grãos, algumas no mesmo grupo de ligação, que anteriormente havia sido associado ao tamanho do grão, ou em outras regiões do genoma. Silva et al. (2017), em seu estudo diversidade genética por marcadores microssatélites de feijão preto cultivado no Espírito Santo, obtiveram cinco grupos através do dendrograma, no qual em dois alocaram-se tanto genótipos crioulos quanto comerciais, obtendo divergência entre os materiais estudados.

2.10 MEDIDAS DE ESTIMATIVAS DE DIVERSIDADE GENÉTICA

A variabilidade genética é estudada através de um processo pelo qual se avalia a população local ou várias populações, seja por meio de um método específico ou até mesmo um conjunto de métodos. Onde, fazem parte dos dados medidas numéricas como, por exemplo, os caracteres agronômicos, ou então, uma combinação de métodos, como agronômicos + morfológicos + moleculares. E frente a esses conjuntos de dados, técnicas multivariadas, que analisam simultaneamente múltiplas características de cada indivíduo, são amplamente utilizadas nesses estudos. Existem dois tipos de métodos que auxiliam nesse processo: os que utilizam uma distância propriamente dita e os que se baseiam num modelo, geralmente são mais utilizados os que se baseiam na distância e são subdivididos em hierárquicos e não hierárquicos (MONTEIRO et al., 2010b).

A diversidade genética é o polimorfismo entre dois ou mais fragmentos de DNA, ou seja, é a diferença entre as formas dos fragmentos de DNA, o que em marcadores moleculares codominantes, como os microssatélites, é identificado com base no tamanho das bandas, e em marcadores dominantes, como os RAPD, pela ausência ou presença de bandas (RAMALHO et al., 2012).

O emprego dessas ferramentas estatísticas tem auxiliado nas análises de divergência genética, pois considera a correlação que existe entre cada genótipo e cada caractere, permitindo encontrar as fontes de variabilidade. Dessa forma, o conhecimento das características de cada planta que se estuda, permite explorar sua diversidade, auxiliando nas recomendações de cultivo e uso (MONTEIRO et al., 2010b).

A divergência genética é importante para a identificação da variabilidade genética das populações, e é possível gerar e monitorar informações úteis para a preservação e uso das variedades. Auxiliando na identificação de destas que possuam as características desejadas e possam ser cruzadas, aumentando as chances de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes. Sendo assim, essas estimativas contribuem na escolha de progenitores para mapeamento de genes e nos programas de melhoramento de maneira geral, principalmente se o número de cultivares é elevado ou a técnica de cruzamento for pouco eficiente, o número necessário de cruzamentos pode tornar-se excessivo ou impraticável (CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ; CARNEIRO, 2003; PARAN; AFTERGOOT; SHIFRISS, 1998; TOQUICA et al., 2003).

A diversidade genética pode ser calculada entre indivíduos, espécies ou populações, e corresponde a diferença genética em nível de sequência ou frequência alélica. Compreende-se

a diversidade genética de duas maneiras básicas: uma quantitativa e outra preditiva. Enquanto o método preditivo, recebe maior atenção por utilizar-se de comparações e não necessitar de combinações híbridas prévias, especialmente quanto o número de genitores cuja diversidade se deseja conhecer é alta (CARVALHO et al., 2003). Os dois métodos são alternativas viáveis e utilizam as diferenças morfológicas, agronômicas e moleculares, quantificando-as por alguma medida de dissimilaridade que expressa o grau de diversidade genética entre os genótipos. Essas medidas são frequentemente interpretadas e visualizadas por técnicas multivariadas (SILVA, 2011a).

As técnicas multivariadas são empregadas em diferentes cultivares e coleções, buscando avaliar e caracterizar a divergência genética entre elas, para que se sejam escolhidos os descritores que melhor representem a diversidade presente nos Bancos Ativos de Germoplasma (FONSECA; SILVA, 1999; BUTTOW et al., 2010; CHIORATO et al., 2005). Existem vários métodos que podem ser utilizados para avaliar a diversidade genética, dentre eles estão o de agrupamento e componentes principais (CRUZ et al., 2004).

A análise de agrupamento trata da identificação de grupos de indivíduos similares após a estimação de uma matriz de dissimilaridade, baseando-se principalmente em métodos hierárquicos e de otimização. Nos métodos hierárquicos, destaca-se o método de vizinho mais distante e ligação média entre grupos UPGMA (Grupo Médio de Pares Não Ponderados), em que os agrupamentos são identificados na forma de dendrogramas. Nos métodos de otimização, o mais utilizado é o método de Tocher, que tem como objetivo alcançar uma partição dos indivíduos que otimize alguma medida pré-definida (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

O método UPGMA utiliza a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para a formação de cada grupo. Esse método de agrupamento requer uma matriz de dissimilaridade previamente estimada, entre as quais se encontram a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, obtida a partir de medidas definidas em função do tipo de variável, se quantitativa, binária ou multicategórica (CRUZ et al., 2004; SILVA, 2011a; CELIN, 2011).

A técnica de componentes principais possibilita a análise da diversidade genética por meio da visualização através da dispersão gráfica. Sendo assim, simplifica um conjunto de dados resumindo as informações originalmente contidas em um grupo com inúmeras variáveis em poucos componentes que são representativos quanto as propriedades que reterem o máximo da variação originalmente disponível e serem independentes entre si (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Além de possibilitar a avaliação da importância de cada variável estudada sobre a variação total entre os genótipos (CRUZ et al., 2011). Permitindo assim, que sejam eliminados

os caracteres que contribuem pouco para a discriminação do material avaliado, assim reduzindo, mão-de-obra, tempo e custos, bem como, permitem chegar há uma resposta mais detalhada das variáveis efetivas para a caracterização (CRUZ; REGAZZI, 2001; CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Franco et al. (2001) avaliaram a diversidade genética entre 19 acessos de feijão por meio de marcadores RAPD, a fim de verificar se o agrupamento gerado a partir dos dados moleculares confirmaria a origem dos acessos. Os autores constataram, a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA e pelo método de Tocher, que se manteve a separação das cultivares em dois grandes grupos principais: um, de origem Andina, e outro, de origem Mesoamericana. No qual, as cultivares do primeiro grupo possuíam grãos médios a grandes, e as do segundo, grãos pequenos.

Sobral (2006) avaliou a divergência genética entre 110 acessos africanos de feijão-caupi, do Banco Ativo de Germoplasma de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, a fim de indicar blocos de cruzamentos e verificar a contribuição relativa dos descritores estudados para a divergência. O autor constatou por meio da técnica de agrupamento, através dos métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), que os descritores que mais contribuiriam para a diversidade genética dos acessos nos ensaios feitos foram: floração inicial, número de grãos por vagem e comprimento da vagem.

Celin (2011) caracterizou a variabilidade genética de 378 acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade Federal de Viçosa (BAGF-UFV) por meio de descritores morfoagronômicos. Utilizando o método de agrupamento de Tocher e de componentes principais, detectou variabilidade genética para todos os acessos e reuniu-os em 25 grupos de similaridade, sendo relacionada à classificação segundo o grupo comercial e o grupo gênico. Sendo, a variável de menor contribuição na discriminação dos acessos foi a forma do ápice da vagem.

Chiorato et al. (2007) avaliaram a diversidade genética entre 220 acessos de feijão de um banco brasileiro de germoplasma de feijão localizado no IAC (Instituto Agrônomo de Campinas), por meio de 23 descritores morfoagronômicos e 19 locos de RAPD. Os autores utilizaram a análise de componentes principais e coeficiente de similaridade de Jaccard, e constataram que os dados moleculares e os dados morfoagronômicos foram igualmente eficientes para a quantificação e a estruturação da diversidade genética de acessos de feijão.

3. CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM

RESUMO

O feijão é um dos principais alimentos na mesa dos brasileiros diariamente, e novas cultivares vem sendo lançadas constantemente, porém, ao atender as exigências do mercado algumas características podem ser perdidas, em detrimento de outras. Nesse sentido, estudos que caracterizem morfológicamente o feijão são necessários, pois ajudam a disponibilizar e manter as informações sobre a cultura. Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi realizar a caracterização morfológica, com base no Formulário de Descritores Morfológicos Mínimos de Feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), recomendado pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC), utilizando-se de genótipos de feijão comum, cultivares comerciais e variedades crioulas. O experimento foi conduzido na área experimental do Campus Dois Vizinhos, da Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições, sendo avaliadas plantas individuais dentro de cada repetição (bloco). Durante a condução dos experimentos foram avaliados os caracteres morfológicos nos estádios de plântula, floração, maturação fisiológica e de pós-colheita: presença ou ausência de antocianina nos cotilédones; presença ou ausência de antocianina no hipocótilo; dimensão da folha primária; tipo de planta (hábito de crescimento); presença de antocianina no caule; dimensões da folha; flor: cor das asas e estandarte; vagem cor primária e secundária, cor do grão; presença de venações; forma do grão; grau de achatamento; brilho do grão; halo do grão, cor do halo do grão; grupo comercial a que pertence. Resistência às principais doenças (antracnose, crestamento bacteriano e mancha angular) e acamamento. Todos os feijões pertencentes ao grupo comercial preto avaliados apresentam invariavelmente presença de antocianina nos cotilédones, hipocótilos e caule, e suas flores possuem coloração roxa. Enquanto que todos os feijões do grupo comercial carioca apresentam ausência de antocianina nos cotilédones, hipocótilos e caule, sendo suas flores brancas. Quanto ao hábito de crescimento, 50% dos genótipos avaliados pertencem ao hábito de crescimento tipo III, 40% ao tipo II e 10 % ao tipo I. Ao se observar a coloração das vagens, notou-se a predominância da cor amarela nas vagens (85%) em ponto de maturação fisiológica. Em relação ao grau de achatamento dos grãos avaliados, 26 genótipos (65%) tem o grau de achatamento do tipo semicheio e 14 do tipo achatado (35%) e 70% dos genótipos têm seus grãos opacos. Durante a floração analisou-se a antracnose foliar nos 40 genótipos, e notou-se que está doença foliar, não é um problema para nenhum dos genótipos nas condições ambientais testadas. Todas as plantas sofreram algum grau de acamamento. Destacam-se dentre os demais, três genótipos, que não apresentaram sintomas de nenhuma das doenças foliares analisada nesse estudo (Rosinha, Carioca UM Rajado e Chumbinho Preto).

Palavras chave: Morfologia. Fabaceae. Doenças do feijão. Descritores.

ABSTRACT

Common bean are the one of the main foods of Brazilians daily, and new cultivars are released constantly, however, when market requirements some characteristics can be lost, to the detriment of others. In this way, studies that characterize morphologically the beans are necessary, since they help to make available and maintain information about the culture. Thus, the objective of this work was to perform the morphological characterization, based on the Form

Morphological Minimum Bean (*Phaseolus vulgaris* L.), recommended by the National Service of Protection of Cultivars (SNPC). with local races and cultivars. The experiment was conducted in the experimental area of the Universidade Tecnológica Federal do Paraná, campus Dois Vizinhos. A randomized block design with three replicates was used, and individual plants were evaluated within each replicate (block). During the conduction of the experiments were evaluated the morphological characters in the stages of seedling, flowering, pre and post-harvest: presence or absence of anthocyanin in cotyledons; presence or absence of anthocyanin in the hypocotyl; primary sheet size; plant type (growth habit); presence of anthocyanin in the stem; sheet dimensions; flower color; pod primary and secondary color, grain color; presence of venations; grain shape; degree of flattening; grain brightness; halo of grain, grain halo color; commercial group to which it belongs. Resistance to major diseases (anthracnose, bacterial blight and angular spotting) and bedding. Black beans have invariably anthocyanin presence in the cotyledons, hypocotyls and stem. And purple flowers. Carioca beans present absence of anthocyanin in cotyledons, hypocotyls and stem. And their flowers are white. Regarding the growth habit, 50% of the evaluated genotypes belong to the growth habit type III, 40% to type II and 10% to type I. There is predominance of the yellow color in the pods at point of physiological maturation, of the evaluated genotypes. In relation to the degree of flattening of the evaluated grains, 26 genotypes (65%) have flatness and 14 flattened (35%), and 70% of the genotypes have their opaque grains. Foliar anthracnose is not a problem for any of the forty genotypes used under the environmental conditions tested. All plants have undergone some degree of bedding. Three genotypes showed no symptoms of any of the leaf diseases analyzed in this study (Rosinha, Carioca UM Rajado and Chumbinho Preto).

Keywords: Morphology. Fabaceae. Common bean diseases. Descriptors.

3.1 INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento muito importante na alimentação dos brasileiros, especialmente por ser um alimento bastante completo nutricionalmente, pois apresenta elevados teores de minerais, vitaminas, carboidratos e fibras, além de ser grande fonte de proteína, podendo atingir até 28,7% em feijões comerciais e 35,2% em feijões crioulos (PEREIRA et al., 2011). O consumo de feijão no Brasil está diretamente relacionado às características morfológicas, como cor, formato e tamanho do grão, como é o caso do feijão carioca, grãos de coloração bege com estrias marrons, que é o tipo de grão mais consumido pela população brasileira (RIBEIRO et al., 2008).

A diversidade genética observada em feijão é ampla, tanto para os caracteres morfológicos da planta, como para os caracteres agronômicos. A maior parte dessa variabilidade é mantida em uso pelos agricultores de pequenas e de médias propriedades, o que enfatiza a importância dos genótipos crioulos de feijão como fonte de alimento e renda para a agricultura familiar. O cultivo desses genótipos por estes agricultores proporciona a conservação dos recursos genéticos de feijão crioulo, estes expressam maiores adaptações às

condições ambientais, resistência às doenças e podem apresentar altos teores de nutrientes nos grãos, como por exemplo, o ferro (PEREIRA et al., 2011).

Nesse sentido, a diversidade genética encontrada em bancos de germoplasma, deve ser caracterizada para indicar genótipos mais promissores para os trabalhos de melhoramento, assim como, melhorar as condições dos agricultores, permitindo o uso racional destes genótipos na agricultura familiar, além de preservar da variabilidade genética do feijão. O conhecimento e a exploração da variabilidade permitem a continuidade nas pesquisas, garantindo a sustentabilidade do agronegócio brasileiro (KLOSTER et al., 2011).

A avaliação da produtividade de grãos é essencial para o lançamento e aceitação de novas cultivares no mercado, no entanto, outras características também são fundamentais, como resistência às doenças, porte das plantas, tolerância ao acamamento e tamanho dos grãos (PEREIRA et al., 2013).

A preservação da variabilidade genética e o uso pela agricultura familiar é muito importante por se caracterizar como uma cultura de pequena a média propriedade, tendo em vista que 67% de todo feijão do Brasil é produzido por essa classe (COELHO et al., 2010). O autor, aponta que a utilização de cultivares melhoradas e uniformes é uma exigência de mercado, entretanto, acarreta em intensa pressão negativa no uso de genótipos crioulos já adaptados para as condições de produção do agricultor. Logo, a caracterização morfológica do feijão, como ciclo, floração, resistência as doenças, hábito de crescimento, auxilia nesse processo de preservação e uso racional dos recursos genéticos vegetais.

Posto isso, é notória a importância da preservação da variabilidade genética das plantas, e se fazem necessários novos trabalhos relacionados a caracterização de genótipos crioulos de feijão (PEREIRA et al., 2011), especialmente pelo fato, de serem escassos trabalhos relacionados à caracterização morfológica dessa leguminosa. Sendo assim, este trabalho teve por objetivo realizar a caracterização morfológica, com base no Formulário de Descritores Morfológicos Mínimos de Feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), recomendado pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC), utilizando-se de genótipos de feijão comum, cultivares comerciais e variedades crioulas.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

As variedades de *P. vulgaris* L. utilizadas no estudo foram disponibilizadas pelo Guardião de Sementes Isac Miola, produtor rural do Município de Dois Vizinhos – Paraná, que mantinha as sementes em banco de sementes em sua propriedade, até 2014. Desde então essas

sementes vem sendo estudadas pelo Grupo de Estudos em Melhoramento Genético de Feijão da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, das quais foram utilizados 40 genótipos, sendo 31 genótipos crioulos e 9 cultivares comerciais.

O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Câmpus Dois Vizinhos (25°41'S, 53°05'W, a 526 m acima do nível do mar), na região Sudoeste do Estado, na safrinha de 2018. O solo local foi descrito como Latossolo Vermelho (SANTOS et al., 2013) com textura argilosa (773 g kg⁻¹ de argila). O clima da região, segundo a classificação de Köppen, é do tipo Cfa, subtropical úmido, sem estação seca definida (ALVARES et al., 2013).

A adubação de base foi realizada utilizando 350 kg ha⁻¹ da fórmula N-P-K (05-20-20), a adubação foi realizada no sulco de semeadura, com o uso de plantadeira, logo após realizou-se o plantio manual das sementes nas linhas de cultivo, a semeadura ocorreu no dia oito de março de 2018. As sementes foram distribuídas homogeneamente nos sulcos, a uma profundidade de aproximadamente 2,5 cm. A emergência das plântulas começou a ocorrer, em média, nove dias após a semeadura.

A precipitação anual para essa região varia de 2200 a 2400 mm/ano (IAPAR, 2019), os meses de condução do experimento apresentaram baixa precipitação (Tabela 1).

Tabela 1 – Dados meteorológicos durante o período de condução do experimento.

Mês	Temperatura (°C)		Chuva (mm)
	Máx.	Mín.	
Março	24,1	22,8	232,0
Abril	22,9	21,4	41,8
Mai	18,9	17,5	58,4
Junho	15,7	14,7	121,4
Total acumulado de chuva			453,6

Fonte: Grupo de Estudos em Biometeorologia (GEBIOMET), 2019.

Durante a condução do experimento foram realizados tratamentos culturais e fitossanitários, para o controle de plantas daninhas e pragas, bem como, realizou-se adubação nitrogenada de cobertura (200 kg ha⁻¹) na forma de ureia no estágio vegetativo (V4), os tratamentos culturais foram realizados conforme as recomendações técnicas para a cultura do feijão. Para o manejo de plantas daninhas foi realizado o controle físico através de capinas e arranquios manuais das plantas daninhas na área das unidades experimentais, já o manejo de pragas, realizou-se a

aplicação de inseticidas recomendados para a cultura no manejo da vaquinha (*Diabrotica speciosa*) com uma aplicação no vegetativo (V4) e uma no reprodutivo (R7).

Os tratamentos avaliados consistiram de 40 genótipos de feijão, sendo 31 variedades crioulas (1 ao 31) e 9 cultivares comerciais (32 ao 40) (Figura 1).

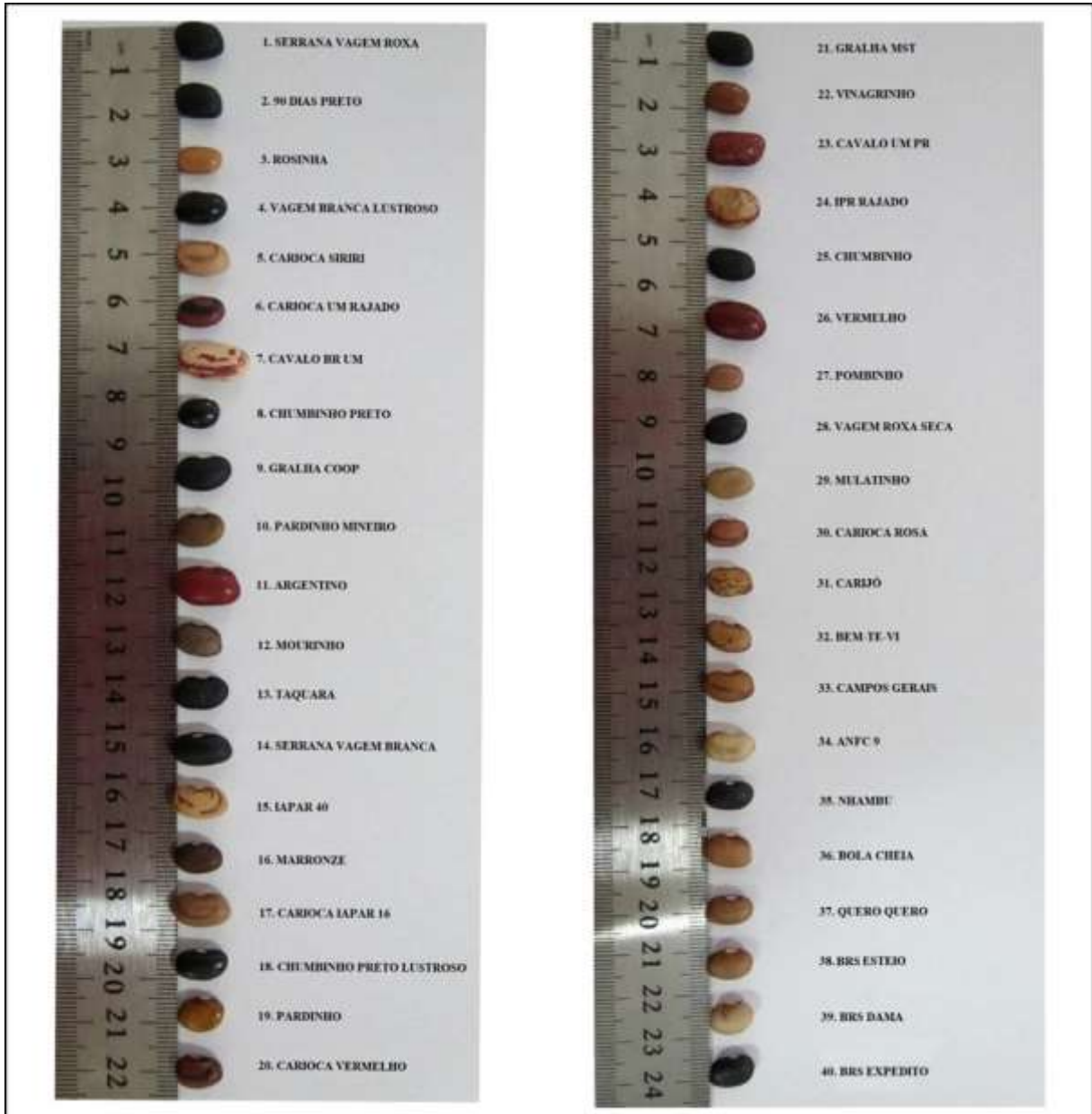


Figura 1 - Sementes dos 40 genótipos de feijão utilizados nesse trabalho, sendo 31 variedades crioulas (1 ao 31) e 9 cultivares comerciais (32 ao 40).

Fonte: A Autora, 2019.

O delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições, foi utilizado sendo avaliadas plantas individuais dentro de cada repetição (bloco). A parcela experimental foi composta por 65 plantas, com densidade de semeadura de 20 sementes por metro linear para atingir uma população de plantas de, aproximadamente, 16 plantas por metro linear, e uma população próxima a 355.000 plantas ha^{-1} . As parcelas foram compostas por duas linhas de

quatro metros lineares, com espaçamento de 0,45 m entre estas, totalizando 3,6 m² de área útil por parcela experimental.

Durante a condução dos experimentos foram avaliados os caracteres morfológicos nos estádios de plântulas, floração, maturação fisiológica e pós-colheita. Sendo eles: presença ou ausência de antocianina nos cotilédones; presença ou ausência de antocianina no hipocótilo; dimensão da folha primária; tipo de planta (hábito de crescimento); presença de antocianina no caule; dimensões da folha; flor: cor das asas e estandarte; vagem cor primária e secundária, cor do grão; presença de venações; forma do grão; grau de achatamento; brilho do grão; halo do grão, cor do halo do grão; grupo comercial a que pertence. Resistência às principais doenças (antracnose, crestamento bacteriano e mancha angular) e acamamento.

As avaliações dos descritores mínimos foram realizadas de acordo com o formulário de descritores morfológicos mínimos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), recomendado pelo SNPC, segundo Silva (2005), e as avaliações de antracnose, crestamento bacteriano comum nas folhas e nas vagens (na floração e na maturação fisiológica, respectivamente), acamamento e nota geral, foram baseadas nos estádios de crescimento da cultura do feijoeiro segundo a escala proposta pelo CIAT (1987) (ANEXO A).

Para a nota geral (NG) de cada variedade, levou-se em conta todos os aspectos das plantas, todas as doenças, acamamento, carga de vagens e porte da planta.

Para caracteres qualitativos como presença de antocianina e colorações (flor, vagem), foram avaliadas 50 plantas em média por parcela. Enquanto que, para medições como tamanho da folha primária, trifólio, foram medidas 10 plantas aleatoriamente por parcela e então, obteve-se o valor médio destas.

Para a análise dos dados dos parâmetros morfológicos realizou-se análise descritiva, com a apresentação dos dados conforme o formulário de descritores morfológicos mínimos de feijão, segundo Silva (2005), e as avaliações das doenças, acamamento e nota geral, segundo a escala proposta pelo CIAT (1987) (ANEXO A). Para a tabulação e análise dos dados utilizado o Software Microsoft Office Excel®.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Existe uma grande diversidade quanto a morfologia do feijão comum, essas variações ocorrem em diversas características, como no hábito de crescimento da planta, na fenologia na coloração da vagem e dos grãos (CAMPOS et al., 2011). Nesse sentido, foram avaliados vários descritores mínimos para os genótipos de feijão estudados, com base na presença de

antocianina, dimensão das folhas primárias, trifólios e também quanto ao seu hábito de crescimento, durante o seu desenvolvimento em plântula até a floração (Tabela 2).

Tabela 2 - Descritores mínimos de feijão (*P. vulgaris* L.), descritores morfológicos: presença de antocianina nos cotilédones (ACO), presença de antocianina no hipocótilo (AH), dimensão da folha primária (DFP): comprimento (C) e largura (L) em cm, tipo de planta (TP): I. Arbustivo, determinado; II. Arbustivo, indeterminado; III. Prostrado, indeterminado; IV. Trepador, indeterminado), presença de antocianina do caule (AC), dimensão da folha (DF): pequena, média e grande e dimensão do folíolo central (DFC): comprimento (C) e largura (L) em cm e grupo comercial (GC): Branco (B); Carioca (C); Jalo (J); Mulatinho (M); Preto (P); Rosinha (R); Roxo (RX); Outros (O).

Genótipo	Descritores Mínimos									
	GC	ACO	AH	DFP		TP	AC	DF	DFC	
				C.	L.				C.	L.
Serrana Vagem Roxa	P	Presente	Presente	6,1	5,0	II	Presente	M	9,0	6,0
90 Dias Preto	P	Presente	Presente	6,2	5,4	II	Presente	M	11,4	7,6
Rosinha	R	Ausente	Ausente	5,6	5,4	II	Ausente	M	10,4	7,3
Vagem Branca Lustroso	P	Presente	Presente	6,5	6,9	III	Presente	M	9,1	6,4
Carioca Siriri	C	Ausente	Ausente	7,3	5,2	III	Ausente	G	11,1	8,5
Carioca Um Rajado	O	Presente	Presente	6,0	5,4	II	Presente	M	10,1	7,1
Cavalo BR UM	O	Ausente	Ausente	6,9	6,5	I	Ausente	M	11,0	7,0
Chumbinho Preto	P	Presente	Presente	6,6	5,3	III	Presente	G	10,9	8,5
Gralha Coop	P	Presente	Presente	6,5	5,9	III	Presente	M	10,2	7,2
Pardinho Mineiro	O	Ausente	Ausente	5,6	5,4	III	Ausente	G	13,1	8,8
Argentino	O	Ausente	Ausente	7,4	6,9	I	Ausente	M	10,6	7,3
Mourinho	O	Ausente	Ausente	6,7	5,0	II	Ausente	M	9,8	6,9
Taquara	P	Presente	Presente	6,7	5,1	II	Presente	G	12,1	8,1
Serrana Vagem Branca	P	Presente	Presente	7,4	6,0	II	Presente	M	10,5	7,7
Iapar 40	C	Ausente	Ausente	7,7	6,4	III	Presente	M	10,7	7,9
Maronze	O	Ausente	Ausente	6,6	6,3	III	Ausente	G	14,9	9,2
Carioca Iapar 16	C	Ausente	Ausente	7,3	6,6	I	Ausente	M	10,2	7,8
Chumbinho Preto Lustroso	P	Presente	Presente	6,5	5,4	III	Presente	G	14,0	9,3
Pardinho	O	Ausente	Ausente	5,9	4,7	III	Ausente	M	11,4	7,8

Continua

Tabela 2 - Continuação

Carioca Vermelho	O	Presente	Presente	6,5	6,0	II	Presente	M	9,1	7,0
Gralha MST	P	Presente	Presente	7,5	6,7	II	Presente	M	9,3	6,4
Vinagrinho	O	Ausente	Ausente	7,2	6,7	II	Presente	M	9,4	6,5
Cavalo UM PR	O	Ausente	Ausente	6,4	5,9	II	Ausente	M	9,9	7,3
IPR Rajado	O	Ausente	Ausente	7,5	7,6	I	Ausente	M	9,5	6,3
Chumbinho	P	Presente	Presente	6,1	5,3	III	Presente	G	11,0	8,3
Vermelho	O	Ausente	Ausente	7,0	6,5	I	Ausente	M	9,7	5,4
Pombinho	O	Ausente	Ausente	5,6	4,5	III	Ausente	M	9,2	7,7
Vagem Roxa Seca	P	Presente	Presente	5,0	4,5	III	Presente	M	10,1	7,8
Mulatinho	M	Presente	Presente	6,5	5,5	II	Presente	M	10,5	7,4
Carioca Rosa	O	Ausente	Ausente	5,4	4,5	III	Ausente	M	9,0	6,3
Carijó	O	Ausente	Ausente	6,7	5,7	III	Ausente	P	7,9	5,4
Bem-te-vi	C	Ausente	Ausente	6,5	5,5	III	Ausente	M	9,9	7,0
Campos Gerais	C	Ausente	Ausente	6,7	5,7	III	Ausente	G	12,6	8,1
ANFC 9	C	Ausente	Ausente	8,0	7,2	III	Ausente	G	12,0	8,1
Nhambu	P	Presente	Presente	5,4	4,9	II	Presente	M	10,0	6,4
Bola Cheia	C	Ausente	Ausente	6,8	5,8	III	Ausente	M	9,8	6,4
Quero-quero	C	Ausente	Ausente	6,0	5,2	III	Ausente	M	11,8	7,1
BRS Esteio	C	Ausente	Ausente	6,7	5,5	II	Ausente	M	9,6	6,5
BRS Dama	C	Ausente	Ausente	7,7	6,0	III	Ausente	M	9,1	5,8
BRS Expedito	P	Presente	Presente	6,2	5,9	II	Presente	M	10,5	6,7

Com base na Tabela 2, pode-se notar que todos os genótipos pertencentes ao grupo comercial do tipo preto estão representados pela presença de antocianina nos cotilédones, hipocótilo e caule. Afonso (2010) também observou que cultivares de feijão que apresentam grãos de coloração escura têm mais antocianinas (pigmentação) do que as cultivares de feijão de grãos de cores claras.

Enquanto que para os genótipos do grupo carioca, permanece a ausência de antocianina nos cotilédones, hipocótilo e caule, com uma pequena exceção para as variedades cariocas de grãos vermelhos, que apresentaram antocianina nesses três locais da planta. Os genótipos

coloridos, vermelho, rosinha, rajados (creme e vermelho ou vermelho e marrom), mulato (bege), mouro (roxo e bege), carijó (bege e marrom), pombinho (marrom claro), marronze (marrom escuro) e pardos (tons amarelados a marrom escuro), seguiram o mesmo padrão dos genótipos cariocas, com a ausência de antocianina nos cotilédones, hipocótilo e caule.

Para o caractere hábito de crescimento da planta, pode-se notar que 50 % dos genótipos avaliados são do tipo III (crescimento prostrado ou semitrepador, com porte arbustivo em ambientes favoráveis e guias mais longas do que as cultivares do tipo II). Dessa porcentagem, a metade pertence ao grupo comercial carioca, ou seja, estes, parecem ter predominância de hábito de crescimento do tipo III. Em seguida vem o hábito de crescimento tipo II (crescimento ereto e arbustivo, presença de “guias” (pequenos ramos trepadores) com mais de 12 nós, representado por 40 % dos feijões e destes metade pertence ao grupo comercial preto e a outra metade aos grãos coloridos. Apenas 10 % pertence ao tipo I de hábito de crescimento (crescimento determinado e porte arbustivo), representado pelos grãos coloridos, especialmente pelos vermelhos e rajados, ambos conhecidos como “cavalos”, ou feijões de grãos grandes. Fatos característicos dos centros de origem do feijão, o que mostra uma possível separação entre os genótipos estudados, sendo que as variedades e cultivares avaliadas de hábito de crescimento tipo I, pertenceriam ao grupo gênico Andino, de grãos maiores e hábito de crescimento determinado, enquanto que os demais genótipos pertenceriam ao grupo gênico Mesoamericano, com grãos menores e hábitos de crescimento II e III (CHIORATO, 2004).

Dos 40 genótipos estudados, 18 tiveram a presença de antocianina durante o seu desenvolvimento e 22 apresentaram ausência desse pigmento. No que se refere as dimensões da folha, 75% do total pertencem ao grupo de tamanho médio (M: de 8,0 a 10,0 cm de comprimento/6,0 a 8,0 cm de largura), seguido de 22,5% de tamanho grande (G: acima de 10,1 cm de comprimento/ 8,1 cm de largura) e apenas 2,5%, ou seja, um genótipo apresentou o tamanho pequeno (P: até 7,9 cm de comprimento e 5,9 cm de largura). O genótipo que apresentou maior tamanho de folha foi o Marronze com 14,9 cm de comprimento por 9,2 de largura e o que apresentou menor tamanho foi o Carijó.

Foram avaliados vários descritores mínimos para os genótipos estudados, com base na coloração das flores e vagens dos feijões estudados (Tabela 3), durante o seu desenvolvimento de floração e maturação fisiológica.

Tabela 3 - Descritores mínimos de feijão (*P. vulgaris* L.), descritores morfológicos: cor da asa, em flores recém-abertas: branca, rosa e roxa (CA), cor do estandarte, em flores recém-abertas: branca, rosa e roxa (CE), cor primária: amarela, verde e roxa (CP), cor secundária: vermelho e roxa (CS), número de dias até o florescimento (NDF), e número total de dias desde emergência até a maturação de colheita (CICLO) e grupo comercial (GC): Branco (B); Carioca (C); Jalo (J); Mulatinho (M); Preto (P); Rosinha (R); Roxo (RX); Outros (O).

Genótipo	Descritores Mínimos						
	GC	CA	CE	CP	CS	NDF	CICLO
Serrana Vagem Roxa	P	Roxa	Roxa	Roxa	Roxa	48 dias	90 dias
90 Dias Preto	P	Roxa	Roxa	Amarela	Roxa	47 dias	94 dias
Rosinha	R	Branca	Branca	Amarela	Vermelha	48 dias	95 dias
Vagem Branca Lustroso	P	Roxa	Roxa	Amarela	Roxa	35 dias	75 dias
Carioca Siriri	C	Branca	Branca	Amarela	Vermelha	43 dias	85 dias
Carioca Um Rajado	O	Roxa	Roxa	Roxa	Roxa	43 dias	85 dias
Cavalo BR UM	O	Rosa	Rosa	Amarela	Vermelha	35 dias	74 dias
Chumbinho Preto	P	Roxa	Roxa	Amarela	Amarela	44 dias	87 dias
Gralha Coop	P	Roxa	Roxa	Amarela	Roxa	43 dias	95 dias
Pardinho Mineiro	O	Branca	Branca	Amarela	Amarela	44 dias	95 dias
Argentino	O	Branca	Branca	Amarela	Amarela	36 dias	79 dias
Mourinho	O	Roxa	Roxa	Amarela	Roxa	44 dias	95 dias
Taquara	P	Roxa	Roxa	Amarela	Amarela	42 dias	95 dias
Serrana Vagem Branca	P	Roxa	Roxa	Amarela	Roxa	41 dias	89 dias
Iapar 40	C	Branca	Branca	Amarela	Vermelho	43 dias	95 dias
Maronze	O	Branca	Branca	Amarela	Vermelha	43 dias	95 dias
Carioca Iapar 16	C	Branca	Branca	Amarela	Vermelha	41 dias	95 dias
Chumbinho Preto Lustroso	P	Roxa	Roxa	Roxa	Roxa	41 dias	95 dias
Pardinho	O	Branca	Branca	Amarela	Amarela	41 dias	88 dias
Carioca Vermelho	O	Roxa	Roxa	Roxa	Roxa	42 dias	87 dias
Gralha MST	P	Roxa	Roxa	Amarela	Amarela	44 dias	88 dias
Vinagrinho	O	Roxa	Roxa	Amarela	Vermelha	44 dias	95 dias
Cavalo UM PR	O	Rosa	Rosa	Amarela	Vermelha	39 dias	87 dias

Continua

Tabela 3 - Continuação

IPR Rajado	O	Rosa	Rosa	Amarela	Vermelha	37 dias	79 dias
Chumbinho	P	Roxa	Roxa	Amarela	Roxa	47 dias	95 dias
Vermelho	O	Rosa	Rosa	Amarela	Amarela	36 dias	79 dias
Pombinho	O	Branca	Branca	Vermelha	Vermelha	43 dias	102 dias
Vagem Roxa Seca	P	Roxa	Roxa	Roxa	Roxa	41 dias	87 dias
Mulatinho	M	Roxa	Roxa	Amarela	Roxa	42 dias	88 dias
Carioca Rosa	O	Roxa	Roxa	Amarela	Amarela	46 dias	100 dias
Carijó	O	Branca	Branca	Amarela	Vermelha	44 dias	95 dias
Bem-te-vi	C	Branca	Branca	Amarela	Amarela	44 dias	90 dias
Campos Gerais	C	Branca	Branca	Amarela	Vermelha	46 dias	88 dias
ANFC 9	C	Branca	Branca	Amarela	Amarela	46 dias	95 dias
Nhambu	P	Roxa	Roxa	Amarela	Roxa	39 dias	90 dias
Bola Cheia	C	Branca	Branca	Amarela	Roxa	44 dias	90 dias
Quero-quero	C	Branca	Branca	Amarela	Roxa	43 dias	90 dias
BRS Esteio	C	Branca	Branca	Amarela	Vermelha	44 dias	90 dias
BRS Dama	C	Branca	Branca	Amarela	Vermelha	43 dias	95 dias
BRS Expedito	P	Roxa	Roxa	Amarela	Roxa	41 dias	88 dias

De acordo com a Tabela 3, pode-se fazer uma associação entre as variedades que apresentam grão de coloração preta, apresentam também flor de coloração roxa, enquanto que todos os cariocas apresentaram coloração de flor branca. Com coloração de flor rosa, apenas quatro genótipos (dois com grãos vermelhos (Vermelho e Cavalo UM PR) e dois com grãos rajados de creme e vermelho (IPR Rajado Cavalo e BR UM).

O percentual de vagens que contém a coloração amarela é de 85%, sendo destes 32,5% de vagens amarelas e vermelhas, representadas pelos genótipos: rosinha, cariocas, marronze, rajados, vermelho e carijó; 27,5% possui coloração amarela e roxa, representada pelos genótipos com grãos de coloração preta, mouro, mulatinho e dois genótipos do grupo comercial carioca (cultivares Bola Cheia e Quero-quero); e 25% obtiveram coloração amarela na totalidade da vagem, com genótipos dos grupos preto, carioca, vermelho e pardo. Enquanto que 12,5% apresentaram a vagem totalmente roxa, com três variedades com grãos do tipo preto e duas com grãos do tipo carioca vermelho. Apenas uma variedade apresentou vagem com

coloração avermelhada, a variedade Pombinho, que tem o seu grão de coloração rosada e flor de coloração branca.

O ciclo vegetativo do feijoeiro pode variar de 65 a 120 dias, dependendo do genótipo e das condições edafoclimáticas, e da época de semeadura, dessa forma, é possível se realizar até três safras durante o ano, dependendo da região de plantio (MONTEIRO et al., 2010a). De acordo com Pacheco et al. (2012), a duração do ciclo pode variar de precoce (menos de 75 dias), semiprecoce (75 a 85 dias), normal (85 a 95 dias) e tardio (mais de 95 dias).

Na avaliação quanto ao ciclo dos feijões, pode-se perceber que existem cinco genótipos que têm o ciclo mais precoce (feijão preto Vagem Branca Lustroso, Cavalo BR UM, Argentino, IPR Rajado e Vermelho) e dois que têm o ciclo tardio - mais de 100 dias (Pombinho e Carioca Rosa), 15 genótipos apresentaram um ciclo longo - de 95 dias, e 18 ficaram classificados com ciclo intermediário entre 85 a 90 dias. O número de dias até o florescimento variou de 35 até 48 dias, desde o ciclo mais precoce até o tardio.

Foram avaliados vários descritores mínimos para os genótipos estudados, com base na coloração, forma, tamanho e grau de achatamento das sementes dos feijões estudados (Tabela 4), após a colheita dos materiais.

Tabela 4 - Descritores mínimos de feijão (*P. vulgaris* L.), descritores morfológicos: cor. % cor primária e % cor secundária (% CP e % CS), cor. Presença de venações na testa (PVT): ausente (1) e presente (2)), forma (F): Esférica (1,16 a 1,42) (1); Elíptica (1,43 a 1,65) (2); Oblonga/reniforme curta (1,66 a 1,85) (3); Oblonga/reniforme média (1,86 a 2,00) (4); Oblonga/reniforme longa (> 2,00) (5)), grau de achatamento (GA): Achatada (< 0,69) (1); Semicheia (0,70 a 0,79) (2); Cheia (> 0,80) (3)), brilho (B): Opaco (1); Intermediário (3); Brilhoso (5)), Halo (H): ausente (1) e presente (2)), cor do Halo (CH): mesma cor da semente (1) e cor diferente da semente (2)), grupo comercial (GC): Branco (1); Carioca (2); Jalo (3); Mulatinho (4); Preto (5); Rosinha (6); Roxo (7); Outros (8)).

Genótipo	Descritores Mínimos							
	(% CP e % CS)	PVT	F	GA	B	H	CH	GC
Serrana Vagem Roxa	100% Preto	2	2	1	1	2	1	Preto
90 Dias Preto	100% Preto	2	2	1	1	2	1	Preto
Rosinha	100% Rosinha	2	3	2	5	2	2	Rosinha
Vagem Branca Lustroso	100% Preto	1	1	1	5	2	1	Preto

Continua

Tabela 4 - Continuação

Carioca Siriri	60% Creme e 40% Marrom	2	2	1	1	2	1	Carioca
Carioca Um Rajado	80% Marrom avermelhado e 20% Preto	2	2	2	1	2	2	Outros
Cavalo BR UM	60% Creme e 40% Rosa	2	4	2	3	2	2	Outros
Chumbinho Preto	100% Preto	1	1	2	5	2	1	Preto
Gralha Coop	100% Preto	1	3	1	1	2	1	Preto
Pardinho Mineiro	100% Marrom esverdeado	2	2	2	1	2	2	Outros
Argentino	100% Vermelho	2	3	2	3	2	2	Outros
Mourinho	100% Carijó	1	2	2	3	2	2	Outros
Taquara	100% Preto	2	2	1	1	2	1	Preto
Serrana Vagem Branca	100% Preto	2	2	1	1	2	1	Preto
Iapar 40	80% Creme e 20% Marrom	2	2	2	1	2	1	Carioca
Maronze	100% Marrom	2	2	2	1	2	2	Outros
Carioca Iapar 16	70% Creme e 30% Marrom	2	2	2	1	2	2	Carioca
Chumbinho Preto Lustroso	100% Preto	1	1	2	3	2	1	Preto
Pardinho	100% Pardo	2	2	1	3	2	2	Outros
Carioca Vermelho	80% Marrom avermelhado e 20% Preto	2	2	2	3	2	2	Outros
Gralha MST	100% Preto	2	2	1	1	2	1	Preto

Continua

Tabela 4 - Continuação

Vinagrinho	100% Vermelho	2	1	1	5	2	2	Outros
Cavalo UM PR	80% Vermelho e 20% Preto	2	4	2	1	2	2	Outros
IPR Rajado	80% Creme e 20% Vermelho	2	3	2	1	2	2	Outros
Chumbinho	100% Preto	2	1	2	1	2	1	Preto
Vermelho	100% Vermelho	2	3	2	3	2	1	Outros
Pombinho	100% Marrom	2	1	2	1	2	2	Outros
Vagem Roxa Seca	100% Preto	2	2	2	1	2	1	Preto
Mulatinho	100% Creme	2	2	1	1	2	2	Mulatinho
Carioca Rosa	90% Rosado e 10% Marrom	2	1	1	5	2	2	Outros
Carijó	70% Creme e 30% Marrom	2	2	2	1	2	2	Outros
Bem-te-vi	80% Creme e 20% Marrom	2	2	1	1	2	2	Carioca
Campos Gerais	80% Creme escuro e 20% Marrom	2	2	2	1	2	2	Carioca
ANFC 9	80% Creme e 20% Marrom Claro	2	2	2	1	2	2	Carioca
Nhambu	100% Preto	2	2	2	1	2	1	Preto
Bola Cheia	80% Creme escuro e 20% Marrom	2	2	2	1	2	2	Carioca
Quero-quero	80% Creme escuro e 20% Marrom	2	2	2	1	2	2	Carioca
BRS Esteio	80% Creme escuro e 20% Marrom	2	2	1	1	2	2	Carioca
BRS Dama	80% Creme e 20% Marrom Claro	2	2	2	1	2	2	Carioca
BRS Expedito	100% Preto	2	2	2	1	2	1	Preto

A semente é composta por um tegumento, ou também chamado de “testa”, hilo, micrópila e rafe e, em seu interior está o embrião onde encontram-se, dentre outras, as duas

folhas primárias, hipocótilo e os cotilédones. Completa ainda, que a semente pode variar em suas formas, podendo ser: arredondada, elíptica, oblonga (reniforme curta, média e longa). também varia quanto a sua coloração, indo do preto, bege, roxo, rosa, vermelho, marrom, amarelo, até o branco. Também pode ser bicolor, ou duas cores, uma primária e uma cor secundária, expressa em forma de estrias, manchas ou pontuações (rajados, cariocas), e pode ser brilhosa, ter brilho intermediário ou ser opaca (sem brilho) (SILVA; COSTA, 2003).

Dos 40 genótipos avaliados, 23 (57,5%) apresentam-se com coloração de grão uniforme, mesma cor, são eles, todos os feijões do tipo preto, vermelhos (Argentino, Vinagrinho e Vermelho), Rosinha, Carijó, Pardinho, Pardinho Mineiro, Mulatinho, Pombinho e Marronze. E os outros 17 (42,5%) tem duas cores presentes na semente, colorações que variam do creme ao marrom avermelhado e do rosado ao vermelho, dentre estes, estão todos os feijões do grupo carioca, Carijó e os rajados (Cavalo BR UM, Cavalo UM PR e IPR Rajado).

Quanto a presença de venações na testa, que são pequenos veios ou nervuras que aparecem no tegumento do grão (Figura 2), a maioria dos genótipos apresentou essa característica (87,5%), apenas quatro feijões do tipo preto (Vagem Branca Lustroso, Chumbinho Preto, Chumbinho Preto Lustroso e Gralha Coop) e um do tipo colorido, o genótipo 12 (Mourinho) não continham em seu tegumento a presença destas nervuras.



Figura 2 - Venações na testa do grão, genótipo 29 (Mulatinho).
Fonte: A Autora (2019).

Mais da metade dos genótipos apresentaram forma elíptica (65%), enquanto que 17,5% apresentam forma esférica, ou seja, mais arredondada (Vagem Branca Lustroso, Chumbinho Preto, Chumbinho, Chumbinho Preto Lustroso, Vinagrinho, Pombinho e Carioca Rosa), 12,5% para a forma oblonga curta (Rosinha, Gralha Coop, Argentino, IPR Rajado e Vermelho) e apenas dois genótipos apresentaram a forma oblonga média (Cavalo UM PR e Cavalo BR UM), nenhum genótipo apresentou a forma oblonga longa.

Em relação ao grau de achatamento dos grãos avaliados, 26 genótipos (65%) tem o grau de achatamento do tipo semicheio e 14 do tipo achatado (35%). Da porcentagem de grãos achatados a metade pertence ao grupo de feijão preto, e o resto pertence aos feijões cariocas e coloridos. No entanto, a forma elíptica e com grau de achatamento semiachatadas tem maior aceitação pelo mercado consumidor de feijão carioca e preto no Brasil (CARBONELL et al., 2010).

Quanto ao brilho, 70% dos genótipos apresentam um grão opaco, dentre estes estão todas as nove cultivares comerciais avaliadas e todos os feijões cariocas. Sete (17,5%) apresentam brilho intermediário (Cavalo BR UM, Argentino, Mourinho, Chumbinho Preto Lustroso, Pardinho, Carioca Vermelho e Vermelho), e cinco genótipos (12,5%) são com grãos do tipo brilhoso (Rosinha, Vagem Branca Lustroso, Chumbinho Preto, Vinagrinho e Carioca Rosa).

Todos os genótipos analisados continham a presença de halo, e 40% destes tinham o halo da mesma cor do grão, isso ocorreu para todos os genótipos do grupo comercial preto, onde predominou a cor preta no grão e também no halo. Isso foi verificado também para duas cultivares do grupo comercial carioca (Carioca Siriri e IAPAR 40) e para um genótipo colorido (Vermelho).

O feijão denota grande diversidade de cores, o tipo carioca, exibe grãos bege com estrias marrons, e é o mais consumido no Brasil, enquanto que os grãos de tegumento preto e de outras cores menos utilizados e regionalizados. Observa que a claridade dos grãos está correlacionada à preferência para o consumo e ao valor comercial do produto (RIBEIRO et al., 2008).

Os genótipos foram classificados quanto ao grupo comercial, sendo 10 feijões (25%) são do tipo carioca (Carioca siriri, IAPAR 40, Carioca IAPAR 16, Bem-te-vi, Campos Gerais, ANFC 9, Bola Cheia, Quero-quero, BRS Esteio e BRS Dama), um do grupo dos mulatinhos (Mulatinho), 13 (32,5%) do grupo dos feijões de grãos preto (Serrana Vagem Roxa, 90 dias Preto, Vagem Branca Lustroso, Chumbinho Preto, Gralha Coop, Taquara, Serrana Vagem Branca, Chumbinho Preto Lustroso, Gralha MST, Chumbinho, Vagem Roxa Seca, Nhambu e BRS Expedito), um do grupo rosinha (Rosinha), e o restante 15 genótipos (37,5%) pertencentes ao grupo outros, dentre eles, os rajados e demais coloridos (Carioca UM Rajado, Cavalo BR UM, Pardinho Mineiro, Argentino, Mourinho, Marronze, Pardinho, Carioca Vermelho, Vinagrinho, Cavalo UM PR, IPR Rajado, Vermelho, Pombinho, Carioca Rosa e Carijó). Marques et al. (1996) afirmaram existir uma preferência nas regiões Serrana e Sul do país, onde se concentram os produtores rurais de baixo e médio nível tecnológico e agricultura familiar que há predominância pelo grão do tipo preto.

Os 40 genótipos também foram avaliados quanto as doenças (antracnose, crestamento bacteriano e mancha angular), quanto ao acamamento e a nota geral de adaptação (Tabela 5).

Tabela 5 - Avaliações das doenças, antracnose foliar ANT F: ausência de sintomas (1), Crestamento Foliar CRES F: porcentagem de infecção: 0% (1); 1% (2) e 5% (3), mancha angular MA: ausência de sintomas (1); 0.1 a 1% das folhas com lesões menores que 1mm (2), antracnose nas vagens ANT V: ausência de lesões (1); até 1% das vagens com lesões (3) e entre 1 e 5% das vagens com lesões (5), crestamento nas vagens CRES V: ausência de lesões (1); até 1% das vagens com lesões (3) e entre 1 e 5% das vagens com lesões (5), acamamento ACAM.: 25% das plantas caídas ou todas as plantas inclinadas em torno de 25° (3); 50% das plantas caídas ou todas inclinadas a 45° (5); 75% das plantas caídas ou inclinadas a 65° (7), nota geral NG: excelente (1); bom (3); regular (5); ruim (7); péssimo (9).

Genótipo	Doenças						
	ANT F	CRES F	MA F	ANT V	CRES V	ACAM	NG
Serrana Vagem Roxa	1	2	2	1	3	3	3
90 Dias Preto	1	2	2	1	3	3	3
Rosinha	1	1	1	3	5	5	3
Vagem Branca Lustroso	1	2	2	1	3	5	7
Carioca Siriri	1	2	2	1	1	5	3
Carioca UM Rajado	1	1	1	3	3	5	5
Cavalo BR UM	1	2	1	1	3	7	7
Chumbinho Preto	1	2	1	1	3	5	5
Gralha Coop	1	2	2	1	5	3	5
Pardinho Mineiro	1	2	1	3	3	5	7
Argentino	1	2	2	1	3	5	9
Mourinho	1	2	2	1	5	5	5
Taquara	1	2	1	1	5	5	5
Serrana Vagem Branca	1	2	1	1	3	3	3
Iapar 40	1	2	2	1	3	5	5

Continua

Tabela 5 - Continuação

Maronze	1	2	2	3	3	5	7
Carioca Iapar 16	1	2	2	1	3	5	7
Chumbinho Preto Lustroso	1	2	1	3	3	5	7
Pardinho	1	2	2	1	3	7	7
Carioca Vermelho	1	3	1	1	3	5	5
Gralha MST	1	2	2	1	3	3	5
Vinagrinho	1	3	1	1	3	7	7
Cavalo UM PR	1	2	1	1	3	5	5
IPR Rajado	1	3	1	1	1	5	5
Chumbinho	1	2	2	1	3	3	3
Vermelho	1	2	2	3	3	3	3
Pombinho	1	2	2	3	3	7	9
Vagem Roxa Seca	1	2	2	3	3	5	3
Mulatinho	1	2	2	3	3	7	7
Carioca Rosa	1	2	2	5	5	5	7
Carijó	1	2	2	3	3	5	7
Bem-te-vi	1	2	2	5	5	5	7
Campos Gerais	1	2	2	3	3	3	5
ANFC 9	1	3	2	3	3	5	5
Nhambu	1	2	2	1	3	3	3
Bola Cheia	1	2	2	1	3	5	5
Quero-quero	1	2	1	1	3	3	3
BRS Esteio	1	2	1	1	3	3	5
BRS Dama	1	2	2	1	3	7	5
BRS Expedito	1	2	2	1	3	5	5

A antracnose, é uma das principais doenças que acometem o feijão comum, é causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magnus), a resistência à antracnose é um fator muito importante, visto que essa doença está entre as mais importantes da cultura, reduzindo a produção e a qualidade dos grãos, podendo causar perdas de até 100% (PEDRO et

al., 2013). Foram considerados resistentes genótipos de feijão com notas médias abaixo de 3 (PEREIRA et al., 2013). Dessa forma, para a antracnose foliar nenhum genótipo foi contaminado, ou seja, todos apresentaram ausência de sintomas (nota 1). O que se repetiu quando feita novamente essa avaliação, porém, em estágio R8, na formação dos grãos, para 26 genótipos (65%), que continuaram sem apresentar sintomas da doença, isso ocorreu para 20 genótipos crioulos e para seis cultivares. Os demais genótipos apresentaram até 1% das vagens com lesões (30%). Apenas duas variedades apresentaram-se susceptíveis a antracnose nas vagens Carioca Rosa e Bem-te-vi, apresentando nota 5, entre 1 e 5% das vagens com lesões.

O crestamento bacteriano comum foi bastante impactante, afetando 38 genótipos (95%) do total com sintomas tanto nas folhas, quanto nas vagens. Apesar de serem poucas lesões, até 5% de infecções e lesões, porém quase todas apresentaram algum sintoma. Apenas duas variedades não tiveram a presença de crestamento bacteriano na avaliação foliar (Rosinha e Carioca UM Rajado) e na avaliação das vagens (Carioca Siriri e IPR Rajado), ou seja, os dois primeiros não tiveram sintomas da infecção nas folhas e depois passaram a ter sintomas nas vagens e os outros dois, tiveram sintomas nas folhas e depois não tiveram estes nas vagens.

Outra doença que acomete o feijão comum, é a mancha angular, e de todas as variedades avaliadas, 35% (14 genótipos) não foram atingidos pela mancha angular, se mostrando resistentes a essa doença, os outros 65% que apresentaram sintomas, manifestaram de 0,1 a 1% das folhas com lesões menores de 1 mm, o que não chega a ser preocupante.

Destacam-se dentre os demais, três genótipos que não apresentaram sintomas de nenhuma das doenças foliares analisadas nesse estudo (Rosinha, Carioca UM Rajado e Chumbinho Preto). Confirmando que as variedades crioulas de feijão apresentam grande variabilidade genética e conhece-la é essencial, pois através dessas informações pode ser utilizado como fonte de resistência ou tolerância a doenças, pragas e estresses abióticos (SILVA; COSTA, 2003).

A tolerância ao acamamento tem grande importância, pois reduz perdas durante a colheita mecanizada, além de evitar que as vagens entrem em contato direto com o solo, o que prejudica a qualidade comercial dos grãos (PEREIRA et al., 2013). O acamamento é um estado permanente de modificação da posição ereta original do caule, resultando em plantas recurvadas, no caso do feijoeiro, variando de plantas inclinadas de 25° até plantas que tocam totalmente o chão e, até mesmo em plantas com caule quebrado (GOMES et al., 2010).

Nesse sentido, 11 genótipos apresentaram-se com 25% das plantas caídas ou todas as plantas inclinadas em torno de 25°, sendo consideradas mais resistentes ao acamamento, 23 variedades estavam com 50% das plantas caídas ou todas inclinadas a 45° e seis variedades

estavam com 75% das plantas caídas ou inclinadas a 65°, são as crioulas (Cavalo BR UM, Pardinho, Vinagrinho, Pombinho e Mulatinho) e a cultivar (BRS Dama). Antunes et al. (2007), ao avaliar a diversidade intrapopulacional em feijão crioulo, verificaram que o acamamento foi generalizado, não havendo progênie que se tenha destacado dentre as avaliadas.

Nenhuma variedade obteve a nota máxima de nota geral, porém, 10 genótipos tiveram um bom desempenho em relação as doenças, acamamento, estande final e estatura da planta, são eles: Serrana Vagem Roxa, 90 dias Preto, Rosinha, Carioca Siriri, Serrana Vagem Branca, Chumbinho, Vermelho, Vagem Roxa Seca, Nhambu e Quero-quero, sendo indicadas para futuros programas de melhoramento, bem como, são indicados para cultivo na região.

Os genótipos: Carioca UM Rajado, Chumbinho Preto, Gralha Coop, Mourinho, Taquara, Iapar 40, Carioca Vermelho, Gralha MST, Cavalo UM PR, IPR Rajado, Campos Gerais, ANFC 9, Bola Cheia, BRS Esteio, BRS Dama e BRS Exedito, se mostraram com um desenvolvimento regular, pois apresentaram maior grau de acamamento ou maior susceptibilidade. As variedades que tiveram um desempenho inferior, considerado ruim, por apresentarem mais 50% das plantas caídas, maior susceptibilidade as doenças, e poucas plantas no estande final, foram: Vagem Branca Lustroso, Cavalo BR UM, Pardinho Mineiro, Marronze, Carioca IAPAR 16, Chumbinho Preto Lustroso, Pardinho, Vinagrinho, Mulatinho, Carioca Rosa, Carijó e Bem-te-vi. O pior desempenho, ficou com duas variedades crioulas, Argentino e Pombinho, além de serem mais susceptíveis e terem maior acamamento, também apresentaram baixa carga de vagens.

3.4 CONCLUSÕES

Genótipos de feijão do grupo comercial preto apresentam presença de antocianina nos cotilédones, hipocótilos e caule e flores de coloração roxa.

Variedades de feijão do grupo comercial carioca apresentam ausência de antocianina nos cotilédones, hipocótilos e caule e suas flores são brancas.

Existe predominância da cor amarela nas vagens no estágio de maturação fisiológica, dos genótipos avaliados.

A antracnose foliar não é um problema para nenhum dos 40 genótipos testados no ciclo de cultivo a que foram expostas.

Todas as plantas mostram algum grau de acamamento.

Três genótipos não apresentam sintomas de nenhuma das doenças foliar analisada nesse estudo (Rosinha, Carioca UM Rajado e Chumbinho Preto).

4. CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM

RESUMO

Os programas de melhoramento vegetal visam a seleção de genótipos com características superiores, ou seja, maior potencial produtivo, características agronômicas e comerciais desejáveis, resistentes a pragas, doenças e ao acamamento e que sejam tolerantes as mudanças climáticas. Como resultado obtém-se genótipos que foram selecionados e melhorados afim de atender as exigências mercadológicas. Nesse sentido, estudos que caracterizem agronomicamente diferentes variedades de feijão são necessários, pois ajudam a disponibilizar e manter as informações sobre a cultura. Assim, o objetivo desse trabalho foi definir as características agronômicas, a partir dos componentes de rendimento de genótipos de feijão comum, entre cultivares comerciais e variedades crioulas, e avaliar a diversidade genética com base nas características agronômicas, para assim apontar as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinações superiores. As variedades de feijão utilizadas, a área experimental e condução do experimento: área, delineamento experimental, semeadura, tratos culturais e adubação, se deram da mesma forma descrita no item 3.2 do presente trabalho. Durante a condução dos experimentos, foram avaliados: altura de inserção da primeira vagem (A1V), altura de inserção da última vagem (AUV), e número de vagens por planta, foram utilizadas 10 plantas por parcela, que se apresentavam representativas às demais plantas da parcela. Para as avaliações de ciclo dos genótipos (CC), foi anotado o número médio de dias, transcorridos desde a emergência até aproximadamente 90 - 95% das vagens secas (maturação colheita). E para o número de dias até a floração (NDF), contou-se o número médio de dias transcorridos desde a emergência à floração (50% das flores abertas). Os genótipos também foram avaliados quanto as principais doenças, acamamento e nota geral. Ao analisar as variedades encontrou-se um número médio de 9,12 vagens por planta, o que acarretou em um número médio de 30,46 grãos por planta, gerando uma produtividade média de 1.191,80 kg ha⁻¹, sendo que a variedade mais produtiva foi a Serrana Vagem Branca, com produção de 2.091,50 kg ha⁻¹. Quanto ao tamanho das sementes 90% dos grãos de feijão analisados pertencem ao grupo de sementes pequenas com o peso de 100 sementes de até 25 g, e 10% pertence ao grupo médio de (25 a 40 g). Os genótipos que apresentaram as melhores notas gerais, foram: Serrana Vagem Roxa, 90 Dias Preto, Serrana Vagem Branca, Chumbinho, Vermelho, e duas cultivares comerciais Nhambu e Quero-quero. A análise de agrupamento revelou a formação de quatro grupos distintos. Estes resultados revelam uma grande diversidade genética entre os 40 genótipos avaliados e a produtividade parece ser o caráter que mais contribuiu para a separação dos genótipos. Cruzamentos controlados entre os dois genótipos mais divergentes (Serrana vagem Branca e BRS Expedito) poderia resultar em maiores ganhos genéticos, havendo a possibilidade de maior diversidade entre as futuras gerações.

Palavras chave: Componentes de rendimento. Produtividade. Massa de 100 grãos. Ciclo. Genótipos.

ABSTRACT

Plant breeding programs are aimed to selecting genotypes with superior characteristics like greater yield potential, agronomic and commercial characteristics, resistant to diseases, lodging and worsening tolerant to climate change. As a result, obtain genotypes that were selected and improved to meet market requirements. In this way, studies that characterize agronomically the different types of raw materials are necessary, since they are useful and maintain the information about the culture. Thus, the work have the objective to evaluate agronomic characteristics, from yield components of common bean genotypes, cultivars and land races varieties, and away from genetics based on the agronomic characteristics, in order to point out the combinations of the most promising ones. The bean varieties used, the experimental area and the conduction of the experiment: area, experimental design, sowing, cultural treatments and fertilization, were given in the same way described in item 3.2 of the present work. During the conduction of the experiments, it was evaluated: height of insertion of the first pod (A1V), height of insertion of the last pod (AUV), and number of pods per plant, 10 plants per plot were used, which were representative of plants portion. For the genotype cycle evaluations (CC), the mean number of days was recorded, and 90-95% of the dry pods were harvested (harvest maturation). And the number of days until flowering (NDF), counted the average number of days elapsed from emergence to flowering (50% of open flowers). The genotypes were related as major diseases, beeding and general note. When analyzing the varieties, there was an average number of 9.12 pods per plant, which resulted in an average number of 30.46 grains per plant, generating an average yield of 1,191,80 kg ha⁻¹, and the variety more productive was Serrana Vagem Branca, with production of 2,091.50 kg ha⁻¹. To seed size, 90% of the bean grains analyzed belong to the group of small seeds with a weight of 100 seeds of up to 25 g, and 10% belong to the medium group (25 to 40 g). The genotypes that appear as best notes were: Serrana Vagem Roxa, 90 Dia Preto, Serrana Vagem Branca, Chumbinho, Vermelho, and the cultivars Nhambu and Quero-quero. Agrouting analysis show a formation of four distinct groups. The results showed difference between the 40 evaluated genotypes and yield an aspect that seems to be more important for the separation of the genotypes. Controlled crosses between the most divergent genotypes (Serrana vagem Branca and BRS Exedito) could result in greater genetic changes with a possibility of greater diversity among future generations.

Key words: Yield components. yield. Weight of 100 grains. Cycle. genotypes.

4.1 INTRODUÇÃO

Contribuindo com mais de 20% do Produto Interno Bruto (PIB) brasileiro, está o agronegócio e toda a cadeia produtiva (insumos, agropecuária, indústria e serviços), incluindo a cultura do feijoeiro, garantindo o desenvolvimento interno e geração de empregos, tendo em vista, as exigências do mercado em investimentos na tecnologia e pesquisa, maquinário, mão de obra e infraestrutura adequada (MAPA, 2018). Nesse contexto, o Brasil é um dos maiores produtores e consumidores de feijão do mundo (LOVATO et al., 2018). Com produção em todo o território nacional, porém, com destaque para os Estados do Paraná e Minas Gerais, que juntos abastecem 42% do total dos grãos produzidos no país (MAPA, 2018).

A produtividade de grãos no feijão comum é o atributo mais importante para os melhoristas (COELHO et al., 2007). E esta característica está correlacionada aos componentes de rendimento: população de plantas, número de vagens por planta, número de grãos por planta e massa de 100 grãos, e estes podem ser influenciados pelas variações ambientais durante o ciclo (chuvas, estiagem, geadas), pelas condições de nutrição do solo e condução da lavoura desde a semeadura até a colheita (ZILIO et al., 2011).

Nesse contexto, cada vez mais, os programas de melhoramento vegetal buscam selecionar genótipos com características superiores, ou seja, maior potencial produtivo, características agronômicas e comerciais desejáveis, resistentes a pragas e doenças e que sejam tolerantes as mudanças climáticas, como resultado obtém-se genótipos que foram selecionados e melhorados afim de atender as exigências mercadológicas (BERTOLDO et al., 2009). Essas cultivares selecionadas são uniformes e atendem as exigências citadas anteriormente, especialmente quanto aos caracteres: altura de inserção da primeira vagem, ciclo (dias) e hábito de crescimento (ROCHA et al., 2009).

Com o intenso processo de seleção de genótipos mais produtivos e uniformes, existe a possibilidade de perdas de alguns caracteres, em detrimento de outros, havendo uma diminuição na diversidade genética dessa população (COELHO et al., 2007). O autor observa ainda, que em variedades crioulas, que contém grande variabilidade genética, as chances de se encontrar esses caracteres, que se perderam com a pressão de seleção e melhoramento afim de atender as exigências do mercado consumidor ao longo dos anos, é maior.

A grande maioria das sementes utilizadas para o cultivo de feijão no Brasil, são provenientes de cultivares locais, separadas por pequenos agricultores de agricultura familiar, que às selecionaram ao longo dos anos, afim de satisfazer as exigências e condições locais em cada região do país (COELHO et al., 2007). Sendo assim, uma caracterização mais completa, do comportamento desses materiais se faz necessária, não apenas para que os agricultores possam ter acesso a esses recursos, bem como, sejam capazes de auxiliar nos programas de melhoramento e conservação da diversidade genética desse gênero.

Este trabalho teve por objetivo definir as características agronômicas, a partir dos componentes de rendimento de genótipos de feijão comum, entre cultivares comerciais e variedades crioulas, e avaliar a diversidade genética com base nas características agronômicas, para assim apontar as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinações superiores.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

A área experimental, os genótipos utilizados e o detalhamento da condução do experimento: área, delineamento experimental, semeadura, tratos culturais e adubação, se deram da mesma forma descrita no item 3.2 do presente trabalho.

Para as características agronômicas: altura de inserção da primeira vagem (A1V), altura de inserção da última vagem (AUV), ambas expressas em centímetros (cm) e número de vagens por planta, foram utilizadas 10 plantas ao acaso por parcela.

Para as avaliações de ciclo dos genótipos (CC), foi anotado o número médio de dias, transcorridos desde a emergência até aproximadamente 90 - 95% das vagens secas (maturação colheita). E para o número de dias até a floração (NDF), contou-se o número médio de dias transcorridos desde a emergência à floração (50% das flores abertas) (SILVA, 2005).

Os genótipos também foram avaliados quanto as principais doenças, acamamento e nota geral, foram baseadas nos estádios de crescimento da cultura do feijoeiro segundo a escala proposta pelo CIAT (1987) (ANEXO A).

Para a nota geral (NG) de cada variedade, levou-se em conta todos os aspectos das plantas, todas as doenças, acamamento, carga de vagens e porte da planta.

A estimativa de produtividade foi realizada a partir da colheita das plantas da área útil da parcela, estas plantas foram posteriormente trilhadas e pesadas, onde anotou-se o peso da área útil da parcela, e essa produtividade extrapolada para kg por hectare. Já os componentes são obtidos a partir da colheita em separado de 10 plantas aleatórias das parcelas, onde dessas são medidas a altura da inserção da primeira vagem e da última, o número de vagens, grãos e grãos por vagem das plantas. A análise de variância, teste de médias e análise de agrupamento, foram realizadas com auxílio dos Softwares GENES (CRUZ, 2001) e Rbio (BHERING, 2017). Além de algumas análises descritivas, que foram tabulados e analisados com auxílio do Software Microsoft Office Excel®.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

No estudo da caracterização agronômica dos 40 acessos observou-se que das 12 características avaliadas, 10 apresentaram-se significativas ($P < 0,05$), indicando existência de variabilidade entre esses acessos. De modo geral, o experimento apresentou boa precisão, dos 12 caracteres quantitativos avaliados, somente para o perfil da planta, o coeficiente de variação (CV%) foi superior a 20%. Nos demais, os valores de coeficientes de variação situaram-se em

torno de 17%, o que está em conformidade com estimativas dos valores de CV% normalmente observados em estudos dessa natureza com a cultura do feijoeiro (OLIVEIRA et al., 2006). Tendo em vista que são acessos que não passaram por nenhum processo de seleção e ainda apresentam disparidade em suas características. O caractere que obteve menor valor de CV% foi o ciclo, com 0,92% de variação.

Na avaliação dos caracteres A1V, AUV e perfil da planta (Tabela 6), apenas altura de inserção da primeira vagem foi significativa. As médias apresentadas pelos acessos estudados são em sua maioria, superiores àquelas encontradas por Bonett et al. (2006), estudando 58 genótipos de feijão crioulo, também no Estado do Paraná, onde obteve A1V, entre 8,86 e 14,83 cm. Diante disso, pode-se inferir que as alturas de inserção da primeira vagem dos genótipos estudados nesse trabalho são maiores, e alturas maiores são mais desejáveis, sendo que o valor mais indicado seria próximo a 15 cm. Conforme Oliveira et al. (2014), o que permite melhor aproveitamento da planta para formação dos grãos, bem como, facilita os tratos culturais, a colheita mecanizada e diminui a incidência de doenças.

Tabela 6 - Médias das alturas de inserção da primeira (A1V) e de última (AUV) vagem e perfil dos genótipos avaliados, pelo método de Scott-Knott.

GENÓTIPOS	A1V	AUV	PERFIL
Serrana Vagem Roxa	12,10 b	25,57 n.s.	13,47 n.s.
90 Dias Preto	12,40 b	22,87	10,47
Rosinha	15,17 b	28,30	13,13
Vagem Branca Lustroso	13,50 b	26,73	13,23
Carioca Siriri	14,43 b	29,87	15,43
Carioca UM Rajado	15,97 b	33,87	17,90
Cavalo BR UM	15,33 b	29,53	14,20
Chumbinho Preto	15,70 b	40,50	24,80
Gralha Coop	18,80 a	32,90	14,10
Pardinho Mineiro	15,17 b	35,03	19,87
Argentino	16,77 a	38,53	21,77
Mourinho	18,50 a	30,90	12,40

Continua

Tabela 6 - Continuação

Taquara	14,90 b	29,03	14,13
Serrana Vagem Branca	17,83 a	37,83	20,00
IAPAR 40	18,50 a	37,70	19,20
Maronze	15,43 b	38,17	22,73
Carioca IAPAR 16	15,50 b	31,70	16,20
Pardinho	15,80 b	35,27	19,47
Carioca Vermelho	13,57 b	31,57	18,00
Gralha MST	15,37 b	34,63	19,27
Vinagrinho	15,73 b	41,57	25,83
Cavalo UM PR	18,33 a	39,27	20,93
IPR Rajado	16,80 a	33,80	17,00
Chumbinho	15,33 b	36,53	21,20
Vermelho	16,87 a	31,57	14,70
Pombinho	18,30 a	33,87	15,57
Vagem Roxa Seca	17,37 a	38,43	21,07
Mulatinho	16,00 b	36,83	20,83
Carioca Rosa	14,40 b	31,07	16,67
Carijó	14,70 b	37,00	22,30
Bem-te-vi	14,50 b	28,23	13,73
Campos Gerais	15,27 b	32,33	17,07
ANFC 9	17,00 a	36,30	19,30
Nhambu	15,67 b	29,03	13,37
Bola Cheia	18,67 a	33,13	14,47
Quero-quero	17,43 a	33,87	16,43
BRS Esteio	15,87 b	32,50	16,63
BRS Dama	16,30 b	36,50	20,20
BRS Expedito	18,30 a	28,20	9,90
MÉDIA	15,93	33,35	17,42
CV (%)	13,63	17,89	34,01

* Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem estatisticamente entre si, pelo teste Scott-Knott ($p=0,05$), n.s. não significativo.

O genótipo que apresentou a maior média para A1V, foi o Gralha Coop (18,80 cm), sem, portanto, diferir dos que obtiveram médias inferiores, já o genótipo Serrana Vagem Roxa

foi o que apresentou a menor média de AIV (12,10 cm). A média dos genótipos (15,93 cm) se manteve acima do recomendado por Oliveira et al. (2014) de 15 cm.

A produtividade é um dos fatores mais importante no momento da seleção das características superiores a serem avaliadas nos genitores e nas cultivares que serão lançadas no mercado (COELHO et al., 2007). Assim, avaliaram-se os 40 genótipos estudados, quanto a produtividade, e seus componentes: número de vagens por plantas, número de grãos por planta, número de grãos por vagem e massa de 100 grãos (Tabela 7).

Tabela 7 - Médias do número de vagens por plantas (NVP), número de grãos por planta (NGP), número de grãos por vagem (NGV), produtividade (PROD., kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (M100G, g) dos genótipos avaliados, pelo método de Scott-Knott.

GENÓTIPOS	NVP	NGP	NGV	PROD.	M100G
Serrana Vagem Roxa	8,30 c	27,33 c	3,36 a	530,20 g	21,47 c
90 Dias Preto	5,77 d	21,70 d	3,76 a	1.399,70 c	21,10 c
Rosinha	8,67 c	25,17 c	2,92 b	1.042,87 e	18,07 c
Vagem Branca Lustroso	8,97 c	33,53 b	3,77 a	938,27 e	19,23 c
Carioca Siriri	11,03 b	22,40 d	2,27 c	1.596,87 c	21,90 c
Carioca UM Rajado	8,87 c	34,60 b	3,91 a	1.443,70 c	18,47 c
Cavalo BR UM	9,50 c	20,33 d	2,13 c	1.159,70 d	29,37 a
Chumbinho Preto	12,17 b	27,90 c	2,45 c	1.791,67 b	21,33 c
Gralha Coop	7,77 d	26,20 c	3,37 a	1.211,40 d	20,23 c
Pardinho Mineiro	9,47 c	37,73 b	4,04 a	1.397,33 c	19,10 c
Argentino	12,10 b	27,10 c	2,24 c	1.158,97 d	24,63 b
Mourinho	5,83 d	26,27 c	4,49 a	1.139,63 d	22,80 c
Taquara	11,23 b	44,73 a	4,03 a	1.421,57 c	21,63 c
Serrana Vagem Branca	8,47 c	35,23 b	4,17 a	2.091,50 a	21,50 c
IAPAR 40	7,00 d	25,23 c	3,67 a	1.678,43 b	25,47 b
Maronze	10,73 b	45,23 a	4,20 a	852,33 f	19,10 c
Carioca IAPAR 16	7,43 d	32,27 b	4,38 a	860,97 f	25,53 b

Continua

Tabela 7 - Continuação

Chumbinho Preto Lustroso	10,30	b	47,90	a	4,64	a	1.757,50	b	22,03	c
Pardinho	8,13	c	26,20	c	3,23	b	1.787,17	b	23,83	b
Carioca Vermelho	9,23	c	35,03	b	3,82	a	1.276,37	c	22,23	c
Gralha MST	8,63	c	32,93	b	3,84	a	1.497,97	c	21,10	c
Vinagrinho	16,10	a	49,50	a	3,09	b	1.355,20	c	20,80	c
Cavalo UM PR	8,33	c	17,50	d	2,12	c	1.406,30	c	27,17	a
Ipr Rajado	7,77	d	35,57	b	4,62	a	967,77	e	26,77	a
Chumbinho	9,47	c	42,60	a	4,57	a	1.217,77	d	23,57	b
Vermelho	10,73	b	22,23	d	2,14	c	1.352,90	c	20,77	c
Pombinho	9,23	c	19,57	d	2,15	c	534,63	g	18,77	c
Vagem Roxa Seca	10,67	b	44,53	a	4,22	a	1.529,00	c	20,03	c
Mulatinho	12,50	b	25,03	c	2,17	c	945,30	e	23,77	b
Carioca Rosa	7,30	d	32,40	b	4,47	a	966,20	e	17,37	c
Carijó	6,77	d	14,57	d	2,15	c	818,40	f	21,37	c
Bem-te-vi	11,57	b	34,27	b	2,93	b	897,87	f	20,43	c
Campos Gerais	7,67	d	26,80	c	3,56	a	833,53	f	21,07	c
ANFC 9	9,27	c	37,40	b	4,03	a	1.180,83	d	21,90	c
Nhambu	12,60	b	44,13	a	3,56	a	1.114,07	d	22,23	c
Bola Cheia	7,13	d	20,97	d	2,95	b	589,07	g	25,00	b
Quero-quero	7,10	d	26,50	c	3,72	a	1.175,73	d	23,37	b
BRS Esteio	8,47	c	19,90	d	2,41	c	784,73	f	22,87	c
BRS Dama	7,13	d	29,90	c	4,22	a	1.015,73	e	20,17	c
BRS Expedito	5,30	d	20,07	d	3,79	a	952,77	e	21,40	c
MÉDIA	9,12		30,46		3,44		1.191,80		21,97	
CV (%)	17,27		16,35		16,71		12,80		10,07	

* Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem estatisticamente entre si, pelo teste Scott-Knott ($p=0,05$), n.s.: não significativo, CV%: coeficiente de variação.

Ao analisar as variedades encontrou-se um número médio de 9,12 vagens por planta, o que acarretou em um número médio de 30,46 grãos por planta, e 3,44 grãos por vagem, gerando uma produtividade média de 1.191,80 kg ha⁻¹. Os valores médios encontrados no presente trabalho, foram maiores do que os identificados por Bonett et al. (2006), em seu trabalho com 58 variedades crioulas: número médio de vagens por planta (5,68), número médio de grãos por planta (23,88), e produtividade (537,34 kg ha⁻¹). Enquanto que para o número médio de grãos por vagem, o valor médio encontrado pelos autores é de 4,32, superior ao número médio de

grãos por vagem desse trabalho (3,44). Antunes et al. (2007), também avaliaram a produtividade de grãos de 32 cultivares de feijão de agricultores locais, no Estado do Rio Grande do Sul, e obtiveram uma produtividade média de 1.046,58 kg ha⁻¹. Já, Elias et al. (2007) analisaram a diversidade genética de 45 cultivares de feijões tradicionais do grupo comercial preto, e encontraram valores médios superiores aos valores médios desse trabalho, número de vagens por planta (16,58), número de grãos por planta (76,89) e produtividade de 1.320 kg ha⁻¹. Ribeiro et al. (2014) avaliaram os componentes da produtividade de grãos em 29 linhagens de feijão de grãos especiais, dentre eles: variedades crioulas, cultivares comerciais e linhagens avançadas de diferentes obtentores, obtiveram valores médios semelhantes aos encontrados nesse trabalho, número de vagens por plantas (9,81), número de grãos por planta (30,82), número de grãos por vagem (3,07) e produtividade de 1.207,69 kg ha⁻¹. Entretanto, Gonçalves et al. (2016), em seus estudos com feijão crioulo, encontraram produtividades superiores (2.545,96kg ha⁻¹) às observadas nesse trabalho.

De maneira geral, as variedades crioulas obtiveram médias superiores em relação as nove cultivares comerciais estudadas, esse fato, confirma a perspectiva da utilização de variedades crioulas no melhoramento genético do feijoeiro, especialmente em relação à característica de produtividade (ELIAS et al., 2007). Bonett et al. (2006) obtiveram resultados que corroboram com esses dados, assim, afirmam que as variedades crioulas foram em geral superiores em produtividade em relação às cinco testemunhas estudadas por esses autores.

A variedade mais produtiva foi a Serrana Vagem Branca, com produção de 2.091,50 kg ha⁻¹, superando todas as cultivares comerciais e variedades crioulas avaliadas nesse estudo. Seguido das variedades crioulas Chumbinho Preto, Chumbinho Preto Lustroso, IAPAR 40 e Pardinho, também obtiveram médias de produtividade superiores aos demais, acima de 1.600 kg ha⁻¹.

Elias et al. (2007), ao avaliarem a diversidade genética entre 42 cultivares de feijões tradicionais do grupo comercial preto comparativamente à três cultivares comerciais (testemunhas) adaptadas a região do estudo, observaram superioridade no rendimento médio de grãos das testemunhas (1.428 kg ha⁻¹) em relação às cultivares tradicionais (1.304 kg ha⁻¹). Isso mostra a eficiência da seleção de genótipos superiores nos programas de melhoramento genético em feijão.

Para a massa de 100 grãos, os valores observados (21,97 g) foram superiores aos encontrados por Bonett et al. (2006) com 20.64 g, Cargnelutti Filho et al. (2008) com 19,03 g e Elias et al. (2007) com 17,6 g. Os valores foram semelhantes aos encontrados por Barelli et al. (2009) com peso de 24,5 g, Salgado et al. (2012) com 22,8 g e Prezzi et al. (2014) com 23,82

g. Sendo inferiores aos encontrados por Coelho et al. (2007), que observaram valores de 32,70 g e também Ribeiro et al. (2012) que observaram 41,14 g de massa em 100 grãos.

Seguindo a classificação de Fonseca (1998), 90% dos feijões analisados pertencem ao grupo de sementes pequenas com o peso de 100 sementes de até 25 g, e 10% pertence ao grupo médio de (25 a 40 g) e nenhum feijão estudado pertence ao grupo grande (mais de 40g). Esse resultado corrobora com o observado por esse autor que ao analisar 119 amostras na região sul do estado de Minas Gerais, observou 86,8% de sementes do grupo pequeno.

A produtividade dos grãos é a variável mais importante na hora da seleção e aceitação de novas cultivares, no entanto, características como resistência a pragas e doenças, porte ereto, tolerância ao acamamento, tamanho dos grãos, dentre outras, são essenciais para o sucesso na seleção e na implantação dos genótipos no mercado. Nesse sentido, deve-se buscar alternativas que minimizem os problemas relacionados às características supracitadas, e entre essas, merece destaque a identificação de genótipos promissores, que atendam essas características (PEREIRA et al., 2013). Sendo assim, avaliaram-se os genótipos testados nesse trabalho, quanto ao acamamento, nota geral, número de dias até a floração e ciclo (Tabela 8).

Tabela 8 - Médias das notas atribuídas ao acamamento (ACAM) de 1 a 9, nota geral (NG), de 1 a 9, conforme ANEXO A, número de dias até o florescimento (NDF) e ciclo (CICLO) dos genótipos avaliados, pelo método de Scott-Knott.

GENÓTIPOS	ACAM	NG	NDF	CICLO
Serrana Vagem Roxa	3 c	3 d	48 a	90 d
90 Dias Preto	3 c	3 d	47 b	94 c
Rosinha	5 b	3 d	48 a	95 c
Vagem Branca Lustroso	5 b	7 b	35 i	75 h
Carioca Siriri	5 b	3 d	43 d	85 f
Carioca UM Rajado	5 b	5 c	43 d	85 f
Cavalo BR UM	7 a	7 b	35 i	74 h
Chumbinho Preto	5 b	5 b	44 c	87 e
Gralha Coop	3 c	5 c	43 d	95 c

Continua

Tabela 8 - Continuação

Pardinho Mineiro	5 b	7 b	44 c	95 c
Argentino	5 b	9 a	36 h	79 g
Mourinho	5 b	5 c	44 c	95 c
Taquara	5 b	5 c	42 e	95 c
Serrana Vagem Branca	3 c	3 d	41 f	89 e
IAPAR 40	5 c	5 c	43 d	95 c
Marronze	5 b	7 b	43 d	95 c
Carioca IAPAR 16	5 b	7 b	41 f	95 c
Chumbinho Preto Lustroso	5 b	7 b	41 f	95 c
Pardinho	7 a	7 b	41 f	88 e
Carioca Vermelho	5 b	5 c	42 e	87 e
Gralha MST	3 c	5 c	44 c	88 e
Vinagrinho	7 a	7 b	44 c	95 c
Cavalo UM PR	5 b	5 c	39 g	87 e
Ipr Rajado	5 b	5 b	37 h	79 g
Chumbinho	3 c	3 d	47 b	95 c
Vermelho	3 c	3 d	36 h	79 g
Pombinho	7 a	9 a	43 d	102 a
Vagem Roxa Seca	5 b	3 d	41 f	87 e
Mulatinho	7 a	7 b	42 e	88 e
Carioca Rosa	5 b	7 b	46 b	100 b
Carijó	5 b	7 b	44 c	95 c
Bem-te-vi	5 b	7 b	44 c	90 d
Campos Gerais	3 c	5 c	46 b	88 e
ANFC 9	5 c	5 c	46 b	95 c
Nhambu	3 c	3 d	39 g	90 d
Bola Cheia	5 b	5 b	44 c	90 d

Continua

Tabela 8 - Continuação

Quero-quero	3 c	3 d	43 d	90 d
BRS Esteio	3 c	5 c	44 c	90 d
BRS Dama	7 a	5 c	43 d	95 c
BRS Expedito	5 b	5 c	41 f	88 e
MÉDIA	5,03	5,20	42,42	90,11
CV (%)	17,68	17,34	1,48	0,92

* Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem estatisticamente entre si, pelo teste Scott-Knott ($p=0,05$), n.s.: não significativo, CV%: coeficiente de variação.

Foram observadas todas as plantas presentes na parcela de cada variedade quanto a resistência ao acamamento, e a porcentagem de genótipos com maior resistência ao acamamento é de 32,5%, estes, apresentaram de 25 a 30% de plantas caídas ou inclinadas, as variedades Chumbinho e Vermelho, foram as que obtiveram média maiores (3), ou seja, estão mais perto da nota ideal (1). Mais da metade dos genótipos (52,5%), continham 50% das plantas caídas ou inclinadas, o que já uma porcentagem alta e menos desejada para a colheita mecanizada. Seis variedades (15%) tiveram alto grau de acamamento e não são consideradas resistentes ao acamamento, são elas: Cavalos BR UM, Vinagrinho, Mulatinho, Pombinho, Pardinho e BRS Dama.

Os genótipos que apresentaram as melhores notas gerais, foram: Serrana Vagem Roxa, 90 Dias Preto, Serrana Vagem Branca, Chumbinho, Vermelho, e duas cultivares comerciais Nhambu e Quero-quero.

De acordo com os parâmetros utilizados por Pacheco et al. (2012), os 40 genótipos foram classificados quanto ao ciclo em semiprecoce, precoce, normal e tardio. Onde Vagem Branca Lustroso e Cavalos BR UM, são semiprecoces, IPR Rajado, Argentino e Vermelho, são precoces, e Pombinho e Carioca Rosa são tardios, os demais (82,5%) apresentam ciclo normal.

Os genótipos levaram em média 42,42 dias para iniciarem a floração. As variedades de feijão semiprecoces e precoces iniciaram o florescimento em média aos 35-36 dias após a emergência. O restante das variedades estudadas apresentara o florescimento entre 40 e 48 dias.

As variedades de ciclo precoce apresentaram médias de produtividade superiores às de ciclo tardio, o que pode ser uma opção para se ter a mesma produção em menor tempo. Tornando-se uma alternativa para produtores rurais e agricultores que utilizam rotação de culturas e que necessitam de cultivares com ciclos mais curtos, havendo a possibilidade de mais renda em menor tempo. Especialmente pelo fato de as cultivares precoces terem apresentado

produção superior às de ciclo tardio. As cultivares de ciclo intermediário também são uma possibilidade, visto que há uma ampla variabilidade genética para atender a demanda para os diversos nichos de mercado por ciclos diferenciados (RIBEIRO et al., 2008).

Além da possibilidade da rotação de culturas, existem outras vantagens relacionadas ao ciclo precoce no Estado do Paraná: funciona como escape em relação ao estresse climático, visto que, a semeadura se dá na época adequada e colhe-se antes das primeiras geadas; menor ocorrência de doenças; menor consumo de água e redução do tempo do uso do solo nos cultivos; há chance de se obter melhor preço de venda para o agricultor, devido à colheita antecipada.

Para avaliar de maneira mais fidedigna a variabilidade genética existente entre os genótipos, visando a viabilização do seu uso em programas de melhoramento, realizou-se dendrograma representativo com base na análise de agrupamento. A análise foi realizada pelo método Hierárquico UPGMA (Figura 3), o que possibilitou a formação de quatro grupos distintos, representando bem as combinações mais divergentes e as mais similares, identificada pela distância generalizada de Mahalanobis.

O grupo I foi formado apenas pelo genótipo 14 (Serrana Vagem Branca) e o grupo II pelos genótipos 8, 15, 18 e 19 (Chumbinho preto, IAPAR 40, Chumbinho preto lustroso e Pardinho). Dos grupos formados com o dendrograma o grupo III contém 19 variedades e foi subdividido em dois grupos (a) e (b): o primeiro composto pelos genótipos 20, 9, 25, 7, 12, 35, 11, 34 e 37 (Carioca Vermelho, Gralha Coop, Chumbinho, Cavalo BR UM, Mourinho, Nhambu, Argentino, ANFC 9 e Quero-quero) e o segundo grupo foi representado pelos genótipos 23, 22, 26, 6, 13, 2, 10, 5, 21 e 28 (Cavalo UM PR, Vinagrinho, Vermelho, Carioca UM rajado, Taquara, 90 Dias Preto, Pardinho Mineiro, Carioca Siriri, Gralha MST e Vagem Roxa Seca). O grupo IV foi composto por 16 variedades e também foi subdividido em dois grupos, no grupo (a) foram alocados os genótipos 1, 27 e 36 (Serrana Vagem Roxa, Pombinho e Bola Cheia) e no grupo (b). os acessos 17, 38, 16, 31, 33, 3, 39, 24, 32, 30, 4, 29 e 40 (Carioca IAPAR 16, BRS Esteio, Marronze, Carijó, Campos Gerais, Rosinha, BRS Dama, IPR Rajado, Bem-te-vi, Carioca Rosa, Vagem Branca Lustroso, Mulatinho e BRS Expedito).

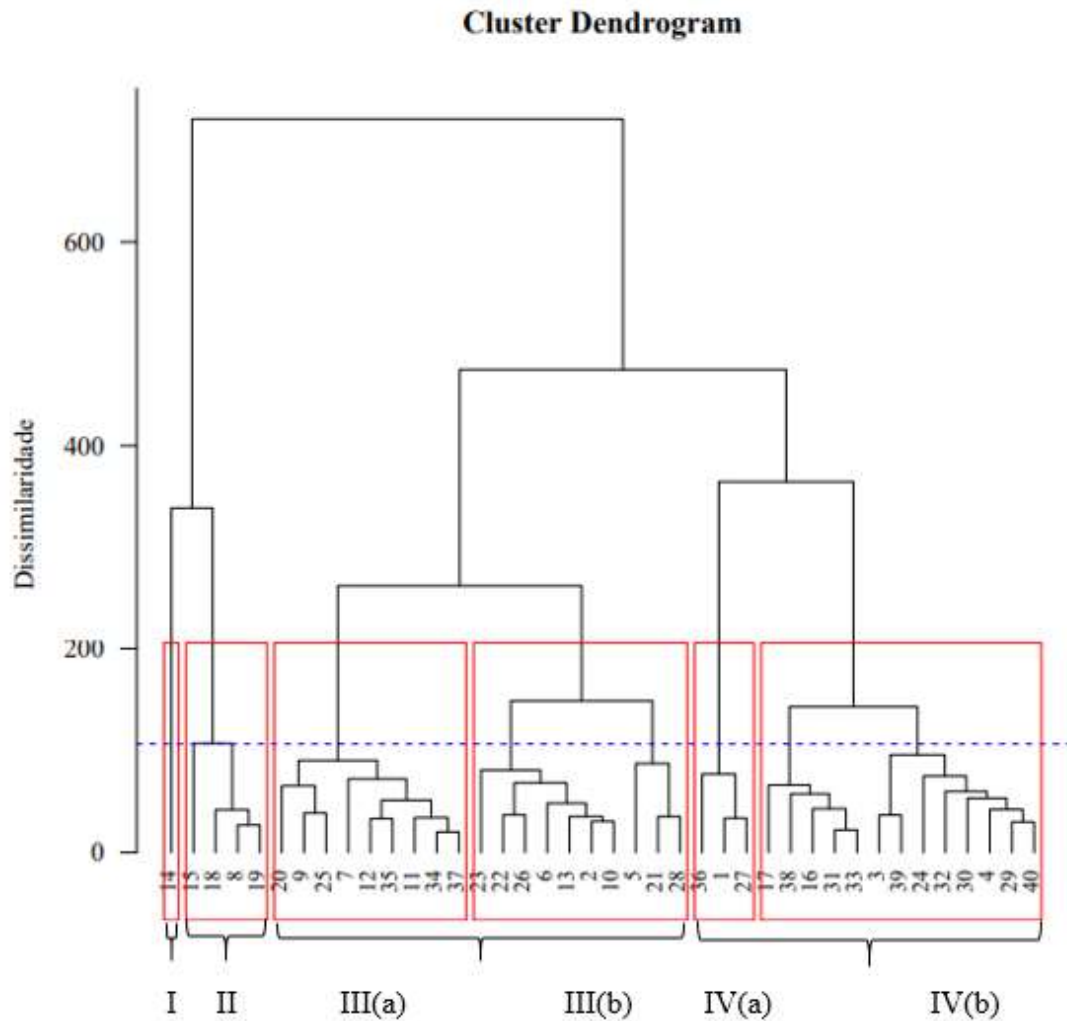


Figura 3 - Dendrograma representativo do agrupamento de 40 acessos de feijoeiro, pelo Método UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de 10 características morfoagronômicas, os números de identificação das variedades de feijoeiro estão de acordo com a Tabela 9.

Fonte: Genes, 2019.

Pode-se notar que a variável que parece ser a responsável pela separação dos grupos foi a produtividade (Tabela 9), visto que os grupos têm em comum entre seus genótipos a semelhança nos valores de produtividade, assim como observado por Bonett et al. (2006).

O grupo que apresentou a maior produtividade foi o I, representado pelo genótipo Serrana Vagem Branca, com produção de 2.091,50 kg ha⁻¹. Seguindo do grupo II, que obteve médias superiores a 1.678,43 kg ha⁻¹. O grupo três mostrou médias de produtividade inferiores, variando de 1.139,63 a 1.596,87 kg ha⁻¹. O grupo que apresentou menor produtividade (IV), variando de 530,20 a 1.042,87 kg ha⁻¹.

Tabela 9 - Grupos formados pela análise de agrupamento, estimados a partir de 12 características morfoagronômicas e sua respectiva numeração do dendrograma. Altura de inserção da primeira vagem (A1V), altura de inserção da última vagem (AUV), Perfil (diferença de altura entre a última e a primeira vagem, número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), produtividade (PROD.), massa de 100 grãos (M100G), acamamento (ACAM), nota geral (NG), número de dias até a floração (NDF) e ciclo.

GENÓTIPOS	FORMAÇÃO DOS GRUPOS											
	A1V	AUV	PERFIL	NVP	NGP	NGV	PROD.	M100G	ACAM	NG	NDF	CICLO
GRUPO I												
14. Serrana Vagem Branca	17,83	37,83	20,00	8,47	35,23	4,17	2.091,50	21,50	3	3	41	89
GRUPO II												
8. Chumbinho Preto	15,70	40,50	24,80	12,17	27,90	2,45	1.791,67	21,33	5	5	44	87
19. Pardinho	15,80	35,27	19,47	8,13	26,20	3,23	1.787,17	23,83	7	7	41	88
18. Chumbinho Preto Lustroso	13,77	33,53	19,77	10,30	47,90	4,64	1.757,50	22,03	5	7	41	95
15. IAPAR 40	18,50	37,70	19,20	7,00	25,23	3,67	1.678,43	25,47	5	5	43	95
GRUPO III(a)												
34. ANFC 9*	17,00	36,30	19,30	9,27	37,40	4,03	1.180,83	21,90	5	5	46	95
37. Quero-quero*	17,43	33,87	16,43	7,10	26,50	3,72	1.175,73	23,37	3	3	43	90
11. Argentino	16,77	38,53	21,77	12,10	27,10	2,24	1.158,97	24,63	5	9	36	79
12. Mourinho	18,50	30,90	12,40	5,83	26,27	4,49	1.139,63	22,80	5	5	44	95
35. Nhambu*	15,67	29,03	13,37	12,60	44,13	3,56	1.114,07	22,23	3	3	39	90
9. Gralha Coop	18,80	32,90	14,10	7,77	26,20	3,37	1.211,40	20,23	3	5	43	95
25. Chumbinho	15,33	36,53	21,20	9,47	42,60	4,57	1.217,77	23,57	3	3	47	95
7. Cavalo BR UM	15,33	29,53	14,20	9,50	20,33	2,13	1.159,70	29,37	7	7	35	74
20. Carioca Vermelho	13,57	31,57	18,00	9,23	35,03	3,82	1.276,37	22,23	5	5	42	87
GRUPO III(b)												
5. Carioca Siriri	14,43	29,87	15,43	11,03	22,40	2,27	1.596,87	21,90	5	3	43	85
28. Vagem Roxa Seca	17,37	38,43	21,07	10,67	44,53	4,22	1.529,00	20,03	5	3	41	87
21. Gralha MST	15,37	34,63	19,27	8,63	32,93	3,84	1.497,97	21,10	3	5	44	88
6. Carioca UM Rajado	15,97	33,87	17,90	8,87	34,60	3,91	1.443,70	18,47	5	5	43	85
13. Taquara	14,90	29,03	14,13	11,23	44,73	4,03	1.421,57	21,63	5	5	42	95

Continua

Tabela 9 - Continuação

2. 90 Dias Preto	12,40	22,87	10,47	5,77	21,70	3,76	1.399,70	21,10	3	3	47	94
10.Pardinho Mineiro	15,17	35,03	19,87	9,47	37,73	4,04	1.397,33	19,10	5	7	44	95
23. Cavalo UM PR	18,33	39,27	20,93	8,33	17,50	2,12	1.406,30	27,17	5	5	39	87
22. Vinagrinho	15,73	41,57	25,83	16,10	49,50	3,09	1.355,20	20,80	7	7	44	95
26. Vermelho	16,87	31,57	14,70	10,73	22,23	2,14	1.352,90	20,77	3	3	36	79
GRUPO IV(a)												
1. Serrana Vagem Roxa	12,10	25,57	13,47	8,30	27,33	3,36	530,20	21,47	3	3	48	90
27.Pombinho	18,30	33,87	15,57	9,23	19,57	2,15	534,63	18,77	7	9	43	102
36. Bola Cheia*	18,67	33,13	14,47	7,13	20,97	2,95	589,07	25,00	5	5	44	90
GRUPO VI(b)												
3. Rosinha	15,17	28,30	13,13	8,67	25,17	2,92	1.042,87	18,07	5	3	48	95
39. BRS Dama*	16,30	36,50	20,20	7,13	29,90	4,22	1.015,73	20,17	7	5	43	95
24. Ipr Rajado	16,80	33,80	17,00	7,77	35,57	4,62	967,77	26,77	5	5	37	79
30. Carioca Rosa	14,40	31,07	16,67	7,30	32,40	4,47	966,20	17,37	5	7	46	100
40. BRS Expedito*	18,30	28,20	9,90	5,30	20,07	3,79	952,77	21,40	5	5	41	88
29. Mulatinho	16,00	36,83	20,83	12,50	25,03	2,17	945,30	23,77	7	7	42	88
4. Vagem Branca Lustroso	13,50	26,73	13,23	8,97	33,53	3,77	938,27	19,23	5	7	35	75
32. Bem-te-vi*	14,50	28,23	13,73	11,57	34,27	2,93	897,87	20,43	5	7	44	90
17. Carioca IAPAR 16	15,50	31,70	16,20	7,43	32,27	4,38	860,97	25,53	5	7	41	95
16. Maronze	15,43	38,17	22,73	10,73	45,23	4,20	852,33	19,10	5	7	43	95
33. Campos Gerais*	15,27	32,33	17,07	7,67	26,80	3,56	833,53	21,07	3	7	46	88
31. Carijó	14,70	37,00	22,30	6,77	14,57	2,15	818,40	21,37	5	7	44	95
38. BRS Esteio*	15,87	32,50	16,63	8,47	19,90	2,41	784,73	22,87	3	5	44	90

* Cultivares comerciais.

Os grupos I, II e III apresentaram a produtividade média superior à média nacional, que foi de 1.225 kg ha⁻¹ (safras de 2016/17) e safras de 2017/18 (1.207 kg ha⁻¹). O dendrograma mostra haver grande diversidade genética entre as variedades crioulas avaliadas, já entre as cultivares comerciais avaliadas a diversidade foi menor, visto que ficaram divididas em dois grupos, porém, a maioria destas permaneceu apenas em um grupo (IV), confirmando a

importância de se estudar as variedades crioulas, a fim de se obter maior diversidade genética, e maior produtividade.

Esses resultados são semelhantes aos encontrados por Barelli et al. (2009), Coelho et al. (2010) e Gonçalves et al. (2016), estudando variedades crioulas de feijão. Esses autores observaram a formação de grupos de diferentes tamanhos, mas a maioria dos genótipos que esses autores estudaram, fica inserida em um ou dois grupos principais de características comuns, e alguns ficam isolados em pequenos grupos, por apresentarem alguma característica de destaque diferente das demais.

4.4 CONCLUSÕES

As características agronômicas mostraram-se eficientes na discriminação dos genótipos em quatro grupos. Estes resultados revelam uma grande diversidade genética entre os 40 genótipos avaliados e a produtividade parece ser o caráter que mais contribuiu para a separação dos genótipos.

Os genótipos Serrana vagem Branca e BRS Expedito foram as mais divergentes quanto as características agronômicas, enquanto que ANFC 9 e Quero-quero (cultivares comerciais), foram as mais similares para as características agronômicas avaliadas.

Cruzamentos controlados entre os dois genótipos mais divergentes (Serrana vagem Branca e BRS Expedito) poderiam resultar em maiores ganhos genéticos, havendo a possibilidade de maior diversidade entre as futuras gerações.

Os acessos crioulos (Serrana Vagem Branca, Chumbinho Preto, Pardinho, Chumbinho Preto Lustroso e IAPAR 40) apresentam produtividades acima de 1.600 Kg ha⁻¹, portanto podem ser indicadas para compor cruzamentos nos programas de melhoramento que visem elevadas produtividades.

5. CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM

RESUMO

A variabilidade genética mantida pelos pequenos agricultores e agricultura familiar, vem sendo perdida em virtude da substituição das variedades crioulas pelas cultivares comerciais, que atendem as necessidades do mercado. Nesse contexto, conhecer e caracterizar a diversidade genética entre as variedades crioulas e as comerciais é importante, não apenas para auxiliar nos programas de melhoramento genético do feijoeiro, mas também, para auxiliar a agricultura familiar, possibilitando a exploração das variedades que já estão adaptadas as condições de cada região do país. Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho foi representar molecularmente os 40 genótipos de feijão comum, baseado no agrupamento destes, em função da dissimilaridade genética apresentada, indicar a contribuição dos caracteres avaliados para a dissimilaridade genética e apontar as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinções superiores. Foram avaliados 40 genótipos, sendo 31 genótipos crioulos e 9 cultivares comerciais. A análise molecular foi realizada no Laboratório de Biologia Molecular e Reprodução Animal, na Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Câmpus Dois Vizinhos. Para a extração do DNA, foram utilizadas cerca de 200 mg de folhas jovens e sadias, por planta que representou uma variedade do material. Para a extração utilizou-se o kit de extração Kit E.Z.N.A.® – Extração de DNA de Planta – Omega Bio-Tek. Foram utilizados 10 marcadores moleculares do tipo microssatélites ou SSRs (*Simple Sequence Repeats*). Os produtos da amplificação realizada foram submetidos a uma eletroforese em gel de agarose a 2,8%. Os marcadores SSRs foram analisados de acordo com o número de alelos por loco, pela frequência alélica por loco e pelo conteúdo de polimorfismo (PIC). As distâncias genéticas e a análise de agrupamento foram feitas pelo método UPGMA utilizando o Programa DARwin. Através do uso da estatística bayesiana utilizando o programa Structure realizou-se a representação dos 40 acessos avaliados. Através da dissimilaridade genética entre os 40 genótipos de feijão comum avaliados, foi possível discriminar os genótipos em vários grupos (três grupos através da análise bayesiana e 15 grupos através da análise pelo método UPGMA), estes resultados revelam uma grande diversidade genética entre os genótipos avaliados. Com base na maior dissimilaridade genética apontam-se alguns genótipos (Chumbinho e Chumbinho Preto Lustroso, Serrana Vagem Branca e IAPAR 40) para futuros cruzamentos, podendo resultar em maiores ganhos genéticos, havendo a possibilidade de maior diversidade entre as futuras gerações.

Palavras chave: Variabilidade Genética. DNA. Microssatélites. Polimorfismo. Dissimilaridade.

ABSTRACT

The genetic variability maintained by small farmers and family farms has been lost due to the substitution of the local races by commercial cultivars, which meet the needs of the market. In this context, knowing and characterizing the genetic diversity between native and commercial cultivars is important, not only to assist in genetic breeding programs of common bean, but also to help family farming, allowing the exploration of varieties that are already adapted to the conditions of each region of the country. In this view, the aim of the present work was to

perform the molecular characterization, based on the grouping of genotypes of common bean, between commercial cultivars and local races, according to the presented genetic dissimilarity, indicate the contribution of the characters evaluated for genetic dissimilarity and to point out the most promising hybrid combinations to produce superior recombination. A total of 40 genotypes were evaluated, being 31 local races and 9 cultivars. Molecular analysis was carried out at the Laboratory de Biologia Molecular e Reprodução Animal at the Universidade Tecnológica Federal do Paraná, campus Dois Vizinhos. For the extraction of DNA, about 200 mg of healthy young leaves were used per plant representing a variety of the material. For the extraction, the extraction kit Kit E.Z.N.A.® - Plant DNA extraction - Omega Bio-Tek was used. Ten molecular markers of the microsatellite type or SSRs (Simple Sequence Repeats) were used. The products of the amplification performed were subjected to a 2,8% agarose gel electrophoresis. SSRs were analyzed according to the number of alleles per locus, allele frequency per locus and polymorphism content (PIC). Genetic distances and cluster analysis were performed using the UPGMA method used in the DARwin Program. Through the use of Bayesian statistics using the Structure program, the 40 accessions evaluated were represented. By genetic dissimilarity among the 40 common bean genotypes evaluated, it was possible to discriminate the genotypes in several groups (three groups through Bayesian analysis and 15 groups through analysis by the UPGMA method), these results reveal a great genetic diversity among the evaluated genotypes. Based on the genetic dissimilarity, some genotypes (Chumbinho and Chumbinho Preto Lustroso, Serrana Vagem Branca and IAPAR 40) are indicated for future crosses, which may result in greater genetic gains, with the possibility of greater diversity among future generations.

Key words: Genetic Diversity. DNA. Microsatellites. Polymorphism. Dissimilarity.

5.1 INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), juntamente com o arroz, constituem grande parte da refeição básica diária da maioria dos brasileiros, sendo a principal fonte proteica de origem vegetal, fazendo com que o Brasil seja um dos principais produtores e consumidores dessa leguminosa no mundo (BURLE et al., 2010). Acredita-se que, apesar de o país não ser o principal centro de origem dessa leguminosa, ainda assim, com base em seu histórico de cultivo apresenta grande diversidade genética que foi mantida pelas populações nativas, com o passar dos anos, predominantemente por pequenos agricultores, e dentre outras características, as variedades crioulas, podem ser utilizadas como fonte de variabilidade genética.

A variabilidade genética mantida pelos pequenos agricultores e agricultura familiar, vem sendo perdida em virtude da substituição das variedades crioulas, pelas cultivares comerciais. Nesse contexto, conhecer e caracterizar a diversidade genética entre as variedades crioulas e as comerciais é importante, não apenas para auxiliar nos programas de melhoramento, visto que, o conhecimento da variabilidade genética é a base do melhoramento

genético vegetal, mas também, auxiliando a agricultura familiar, possibilitando a exploração das variedades que já estão adaptadas as condições de cada região do país (CABRAL et al., 2011). O conhecimento da variabilidade genética nos cruzamentos controlados com objetivo de obter novas cultivares com características superiores, contribui para obtenção de ganhos de seleção (MOREIRA et al., 2009).

Burle et al. (2010) afirmaram que essa leguminosa é uma espécie diploide ($2n = 2x = 22$) e predominantemente autógama, ou seja, prevalece a autofecundação, podendo haver taxas de fecundação cruzada entre 3 a 5%. O autor completa ainda, que o feijão possui dois centros de domesticação, independentes entre si, um deles é o Mesoamericano e o outro é o Andino, e possuem características morfológicas e moleculares bem distintas. As principais diferenças entre os dois grupos estão principalmente no tamanho da semente e no hábito de crescimento. As cultivares do grupo gênico Mesoamericano são representadas por grãos de tamanho médio e pequeno, enquanto àquelas do grupo gênico Andino possuem grãos grandes. Desta maneira, o estudo dessa variabilidade entre os grupos gênicos, permite completar as informações nas caracterizações, auxiliando nos programas de melhoramento genético (SZILAGYI et al., 2011).

Dentro dos grupos gênicos, os genótipos de feijão foram divididos em raças, utilizando-se análises de características agronômicas, morfológicas, bioquímicas e informações sobre adaptação (SINGH et al., 1991). Os genótipos foram agrupados em seis raças ou doze grupos gênicos, de acordo com os principais centros de domesticação (SINGH, 1993).

Análises que estimam a divergência genética das populações, orientam os programas de melhoramento genético vegetal, auxiliando na escolha de genitores superiores mais adequados aos cruzamentos (CORREA; GONÇALVES, 2012). Nesse sentido, os autores completam que, existem vários métodos de se escolher os genitores, podendo ser com base no seu comportamento a campo, por meio de cruzamentos, ou os de natureza preditiva, que apresentam como principal vantagem, a de dispensar a obtenção prévia das combinações híbridas, baseando-se em diferenças existentes entre os genitores (morfológicas, fisiológicas, moleculares) e empregando-se uma medida de similaridade ou de dissimilaridade, a fim de, avaliar a diversidade entre os genótipos, que podem ser classificados em diferentes grupos ou *clusters*, dentre os métodos utilizados, estão a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

Este trabalho teve por objetivos realizar a caracterização molecular, com base no agrupamento de genótipos de feijão comum, entre cultivares comerciais e variedades crioulas, em função da dissimilaridade genética apresentada, indicar a contribuição dos caracteres

avaliados para a dissimilaridade genética e apontar as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinações superiores.

5.2 MATERIAIS E MÉTODOS

Os genótipos utilizados, a implantação do experimento a campo, desde área utilizada, preparo de solo, e condução do mesmo (da semeadura à colheita), ocorreu conforme descrito no item 3.2 do presente trabalho.

Para a análise molecular, foi coletado um trifólio de uma planta por parcela para que pudesse ser extraído o material genético (DNA genômico total) de cada genótipo. As análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Biologia Molecular e Reprodução Animal, na Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Câmpus Dois Vizinhos.

Para a extração do DNA foram utilizadas cerca de 200 mg de folhas jovens e saudáveis. Para esse processo utilizou-se o kit de extração Kit E.Z.N.A.® – Extração de DNA de Planta – Omega Bio-Tek, para melhor acurácia no processo de extração do DNA genômico total. Seguiu-se o passo a passo proposto no protocolo do Kit foram realizados sem nenhuma modificação, descritos a seguir.

O DNA foi extraído por meio do processo maceração do tecido foliar fresco (folhas), que após a coleta, imediatamente foi congelado com nitrogênio líquido, e triturado até virar um pó fino. Utilizou-se cerca de 200 mg do material macerado, armazenado em microtubo de 1,5 mL, adicionou-se 600 µL de tampão P1 (acompanha o kit), então misturou-se completamente (material macerado e tampão). Incubou-se a mistura a 65°C por 10 minutos em banho-maria, misturou-se as amostras duas vezes, durante a incubação, invertendo-se o tubo, de forma que todo o material fosse aquecido igualmente. Então, adicionou-se 140 µL de tampão P2 (acompanha o kit), e novamente misturou-se completamente a amostra. Logo após, centrifugou-se a amostra 10.000 RPM por 10 minutos. Nesse processo, formam-se duas fases, uma líquida e uma sólida. A fase líquida, foi transferida para um novo microtubo de 1,5 mL, e adicionou-se, com auxílio de micropipeta 350 µL de isopropanol.

Após a adição do isopropanol, a amostra foi ao vórtex em velocidade máxima por 5 segundos, para precipitar o DNA. Essa etapa remove a maioria dos polissacarídeos e melhora o desempenho da coluna de retenção, aumentando a capacidade de ligação do DNA (e, portanto, o rendimento) nas etapas seguintes.

Imediatamente a amostra foi centrifugada a 14.000 RPM por dois minutos para sedimentar o DNA. Cuidadosamente decantou-se e descartou-se o sobrenadante. Nessa etapa,

mais uma vez formam-se duas fases, porém, nesse momento, a fase líquida é descartada e mantém-se a fase sólida (*pellet* de DNA). Após o descarte do líquido, o microtubo ficou sobre papel toalha absorvente por cerca de 10 minutos, para a secagem de quaisquer líquidos residuais.

Em seguida, adicionou-se 300 µL de água Miliq autoclavada aquecida a 65°C, e utilizou-se vórtex para ressuspender o *pellet*, e então a amostra ficou por cinco minutos em incubação no banho-maria a 65 °C para dissolver completamente o DNA. Adicionou-se 4 µL de RNase A (acompanha o kit), misturou-se e adicionou-se então, 150 µL de tampão P3 (acompanha o kit) e 300 µL de etanol a 100%, misturou-se completamente.

Na sequência, inseriu-se uma Mini coluna de DNA HiBind® em um tubo de coleta de 2 mL, fornecidos pelo kit de extração utilizado, e transferiu-se toda a amostra para a coluna, que seguiu para a centrifuga a 10.000 RPM por um minuto. Em seguida, descartou-se o filtrado e o tubo de coleta e transferiu-se a mini coluna para um novo tubo de coleta de 2 mL, onde foi adicionado 650 µL DNA *Wash Buffer*, e centrifugou-se, novamente, a 10.000 RPM por um minuto. Após a centrifugação, descartou-se o filtrado e o tubo de coleta, e repetiu-se esse passo, para que o DNA fosse devidamente lavado com o tampão (*DNA Wash Buffer*).

Após a lavagem a mini coluna vazia, foi centrifugada a 10.000 RPM por dois minutos para secagem da coluna, e remoção do etanol que não poderia interferir no processo seguinte. Transferiu-se a mini coluna à um novo microtubo de 1,5 mL, adicionou-se então, 50 µL de tampão de eluição (*Elution Buffer*) aquecido a 65 °C, deixou-se descansar à temperatura ambiente por cinco minutos, centrifugou-se a 10.000 RPM por um minuto e repetiu-se esse passo, para aumentar o rendimento. Em seguida, o DNA foi armazenado em freezer a -20 °C para que pudesse ser utilizado posteriormente.

Foram utilizados 10 marcadores moleculares codominantes microsatélites ou sequência simples repetida (SSR) (Tabela 10). As reações amplificações de DNA foram realizadas em volume final de 15 µL, sendo 7,5 µL de MasterMix de reação em cadeia polimerase (PCR) (5x FIREPol® Master Mix Ready to Load), 1,5 µL de água ultrapura, 4 µL de DNA (extraído anteriormente), e 1 µL de *primer forward* e 1 µL de *primer reverse*.

Tabela 10 - Dados dos 10 SSRs utilizados para amplificação do DNA dos 40 genótipos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) com sua respectiva temperatura de anelamento (TA °C).

Nº	Nomenclatura dos SSRs	Motivo	TA °C	Autores
01	SSR-IAC67	(GT)7	56	PERSEGUINI et al. (2011)
02	SSR-IAC183	(AG)18 A (AC)4	56	PERSEGUINI et al. (2011)
03	SSR-IAC268	(TC)9	56	CAMPOS et al. (2011)
04	SSR-IAC245	(AT)2 (GT)3	56	CAMPOS et al. (2011)
05	SSR-IAC284	(CT)13	56	CAMPOS et al. (2011)
06	SSR-IAC262	(GT)9	56	CAMPOS et al. (2011)
07	SSR-IAC276	(GAA)4(GT)7	56	CAMPOS et al. (2011)
08	SSR-IAC282	(CAA)2T(CA)3	56	CAMPOS et al. (2011)
09	SSR-IAC65	(TG)5	56	PERSEGUINI et al. (2011)
10	SSR-IAC239	(AG)15	56	PERSEGUINI et al. (2011)

A amplificação da PCR foi realizada em termociclador Agilent Technologies SureCycler 8800, programado para 30 ciclos. Cada ciclo consistiu de: um passo de desnaturação em 94 °C por um minuto, um passo à 56 °C (temperatura de anelamento dos primers) por um minuto, e um passo de extensão em 72 °C por um minuto. Uma etapa de extensão final no último ciclo de cinco minutos a 72 °C.

Os produtos dessa amplificação os fragmentos de DNA foram separados por eletroforese em gel de agarose a 2,8% (1,4% agarose padrão e 1,4% de agarose Metaphor) em tampão 1X TBE (Tris/Borato/EDTA) corados com GelRed™ 1X (Biotium, Inc. Hayward, CA), contendo 0,3 µg/mL, e suas imagens foram registradas com auxílio do *Ultraviolet Transiluminador* utilizando o programa Lpix Image Sti. O gel de agarose Metaphor possui alta resolução, desta forma, possibilita detectar diferenças entre os indivíduos avaliados de até um par de base (1 pb). Visando aperfeiçoar a técnica e reduzir os gastos com a preparação de diversos géis, os géis foram reutilizados por até quatro vezes.

Os marcadores microssatélites foram analisados de acordo com o número de alelos por loco, pela frequência alélica por loco e pelo conteúdo de polimorfismo (PIC) dado pela equação:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^x f_i^2$$
 , em que f_i é a frequência do i -ésimo alelo para uma dada marca, somado ao longo dos n alelos (LYNCH; WALSH, 1998). Essa análise foi realizada com auxílio do Programa online PIC Calculator, 2019.

O PIC permite estimar o poder discriminatório do loco, levando-se em conta o número de alelos que são expressos, assim como suas frequências relativas. A leitura das bandas polimórficas foi realizada de acordo com o peso molecular de cada alelo, e com auxílio do *ladder* utilizado (100bp Plus Opti-DNA Marker). As distâncias genéticas e a análise de agrupamento foram feitas pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Mean Average*), utilizando o Programa DARwin versão 6.0 (PERRIER; JACQUEMOUD-COLLET, 2006).

Com auxílio do programa Structure, que emprega a estatística bayesiana (PRITCHARD et al., 2000), realizou-se a representação dos 40 acessos avaliados em grupos distintos. Para esta análise foi utilizado um arquivo com dados de genotipagem, com valores de K=2 a K=10. Foram realizadas cinco repetições para cada valor de K, usando o modelo *No admixture Model* com 200.000 períodos de *burn in* e 500.000 simulações de Monte Carlo de Cadeia de Markov (MCMC). Para verificar qual K foi o mais adequado para inferir os agrupamentos, foi calculada a razão de verossimilhança (LnPD), de acordo com os critérios propostos por Evanno et al. (2005).

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

No mesmo gel foram aplicados, primeiramente o *Ladder* de 100 pb e, na sequência, o produto da amplificação de cada indivíduo com cada microssatélite (Figura 4).

Dos 10 microssatélites utilizados, todos apresentaram padrão polimórfico e nenhum padrão monomórfico (Tabela 11). Por meio da genotipagem dos 40 acessos de feijão comum, utilizando 10 microssatélites, foi gerado um total de 43 bandas polimórficas, em média 4,3 bandas por microssatélite. O número de alelos variou de 2 a 6, com uma média de 4,2 alelos por loco, sendo que os maiores números de alelos observados foram encontrados nos locos SSR-IAC276 (com 6 alelos), e SSR-IAC183, SSR-IAC245 e SSR-IAC262 (com 5 alelos cada). Resultados semelhantes aos encontrados por Perseguini et al. (2011), avaliando a diversidade genética em feijoeiro carioca cultivado, com base na análise de marcadores moleculares, através do uso de marcadores SSR.

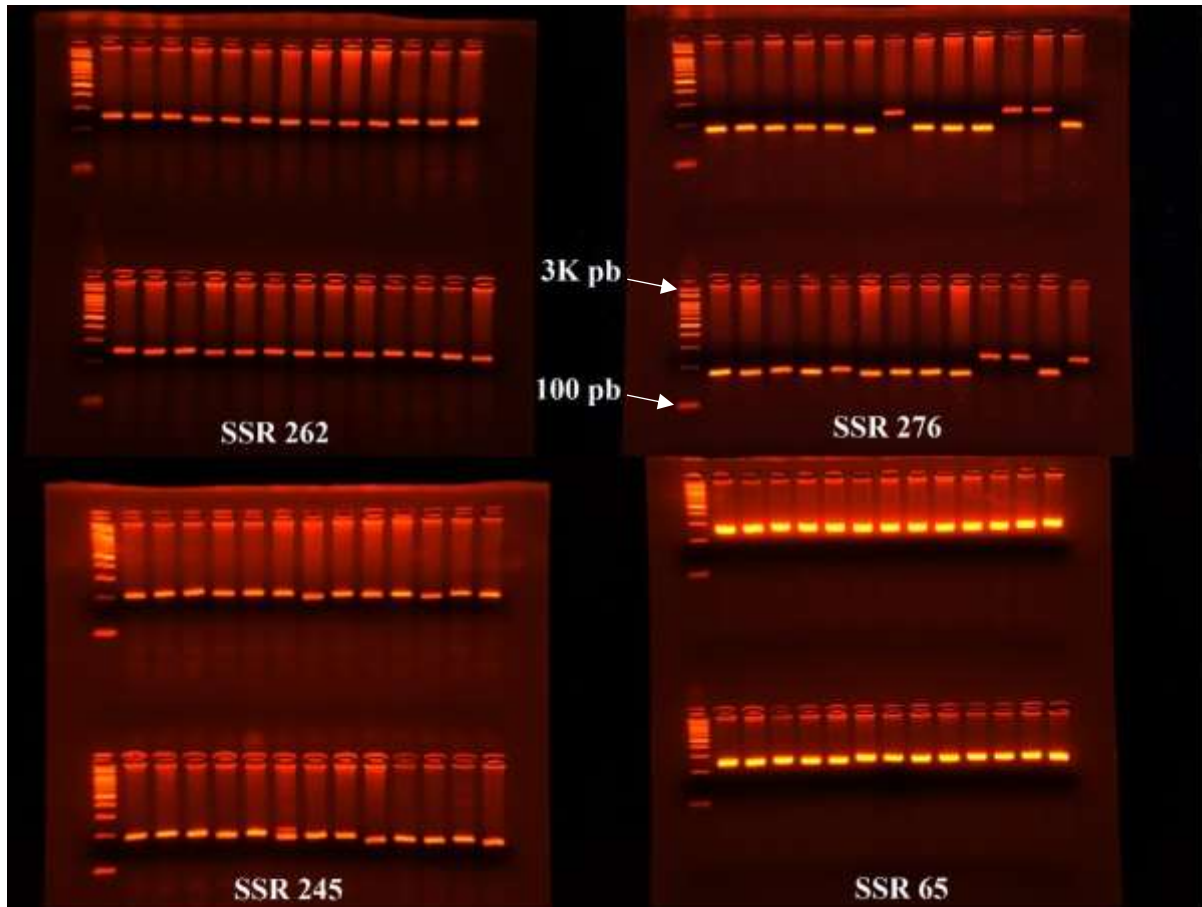


Figura 4 - Perfil dos microssatélite SSR-IAC262 (polimórfico, com produtos de tamanho de 202 – 210pb), SSR-IAC276 (polimórfico, com produtos de tamanho de 186 – 206pb), IAC245 (polimórfico, com produtos de tamanho de 186 – 204pb), IAC65 (polimórfico, com produtos de tamanho de 186 – 204pb), IAC65 (polimórfico, com produtos de tamanho de 296 – 298pb) em gel de agarose 2,8% corado com GelRed, em feijão comum.

Fonte: A autora, 2019.

Tabela 11 - Dados dos 10 microssatélites que foram utilizados para genotipar os 40 acessos de feijão comum estudados.

Nº	Nomenclatura dos SSRs	Tamanho dos fragmentos amplificados	Nº de alelos	PIC
01	SSR-IAC67	102-108	4	0,63
02	SSR-IAC183	182-200	5	0,66
03	SSR-IAC268	186-200	3	0,33
04	SSR-IAC245	186-204	5	0,55
05	SSR-IAC284	202-208	4	0,58
06	SSR-IAC262	202-210	5	0,60
07	SSR-IAC276	186-206	6	0,65
08	SSR-IAC282	292-298	4	0,61
09	SSR-IAC65	296-298	2	0,37
10	SSR-IAC239	202-208	4	0,63

O maior conteúdo de informação polimórfica (PIC) encontrado para os 10 SSRs foi de 0,66 (SSR-IAC183) e o mais baixo foi de 0,33 (SSR-IAC168), com um valor médio de 0,56.

O grau de polimorfismo entre os genitores aponta que pode haver segregação advinda destes cruzamentos, e dessa forma, através desses dados de polimorfismo existe a possibilidade de se indicar/selecionar genótipos recombinantes com base nos marcadores estudados (PEREIRA et al., 2007).

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) é o quanto um marcador é capaz de detectar o polimorfismo na população e depende do número de alelos por loco, bem como de sua distribuição. Os valores podem variar de 0 a 1 e valores acima de 0,5 são considerados como bastante informativos, os de 0,25 a 0,5 são moderadamente informativos e valores abaixo de 0,25 pouco informativos (BOTSTEIN et al., 1980).

Nesse sentido, os marcadores avaliados no presente estudo foram considerados de acordo com Botstein et al., (1980) como de moderadamente informativo a bastante informativo, sendo o marcador SSR-IAC183 o mais informativo (PIC 0,66).

Os resultados encontrados para os microssatélites: SSR-IAC65, SSR-IAC67, SSR-IAC183 e SSR-IAC239, são superiores aos resultados encontrados por Perseguini et al., (2011), estudando a diversidade genética em feijão carioca cultivado com base na análise de marcadores moleculares, onde encontraram os seguintes valores de PIC para os mesmos SSRs: 0,10; monomórfica, 0,27 e 0,61 respectivamente. Os mesmos autores, inferiram para SSR-IAC67 a ausência de polimorfismo, diferente do encontrado nesse trabalho, onde este marcador é polimórfico e tem o segundo maior PIC dos SSRs avaliados, apresentando 4 alelos. Isso mostra que no presente trabalho a diversidade encontrada entre os genótipos avaliados é maior.

Pereira et al. (2007) em seu estudo com microssatélites em populações segregantes de feijoeiro encontraram valores menores de polimorfismos e de alelos polimórficos, visto que, estudaram uma população de linhagens melhoradas e pouco divergentes. Enquanto que, Blair et al. (2006) obtiveram uma média de 7,8 alelos por loco polimórfico, variando de dois a 24 alelos polimórficos PV-AT001, isso se dá pelo fato de os autores terem utilizado um número maior de marcadores SSR (150 marcadores, sendo 129 polimórficos) do que nesse estudo. Mota et al. (2011), ao caracterizarem o germoplasma cultivado de *P. vulgaris* que compõem ensaios de valor de cultivo e uso (EVCU) utilizando marcadores microssatélites, utilizaram 36 marcadores e 150 acessos avaliados em cinco ensaios de EVCU. Destes, 34 marcadores foram polimórficos e 24 foram utilizados, identificando 190 alelos, com uma média de 7,92 alelos por loco polimórfico, variando de três a 17 alelos para o loco BM154.

Após genotipagem dos SSRs (Figura 5) os dados obtidos foram submetidos a análise realizada pelo programa Structure, sendo possível dividir os 40 acessos em 3 grupos (K=3; Figura 6), abaixo, se tem os acessos que compõem cada grupo formado:

- Grupo 1: ANFC 9, Bolha Cheia, Quero-quero, BRS Esteio, BSR Dama, Cavalo BR UM, Nhambu, Argentino, Mourinho, Vermelho e BRS Exedito.
- Grupo 2: Serrana Vagem Roxa, 90 Dias Preto, Vagem Branca Lustroso, Gralha Coop, Iapar 40, Carioca Iapar 16, Gralha MST, Rosinha, Carioca Siriri, Carioca UM Rajado, Serrana Vagem Branca, Pardinho, Chumbinho Preto, Carioca Vermelho, Chumbinho Preto Lustroso, Vinagrinho, Pardinho Mineiro, Marronze e Taquara.
- Grupo 3: Cavalo UM PR, IPR Rajado, Chumbinho, Pombinho, Vagem Roxa Seca, Mulatinho, Carioca Rosa, Bem-te-vi, Campos Gerais e Carijó.

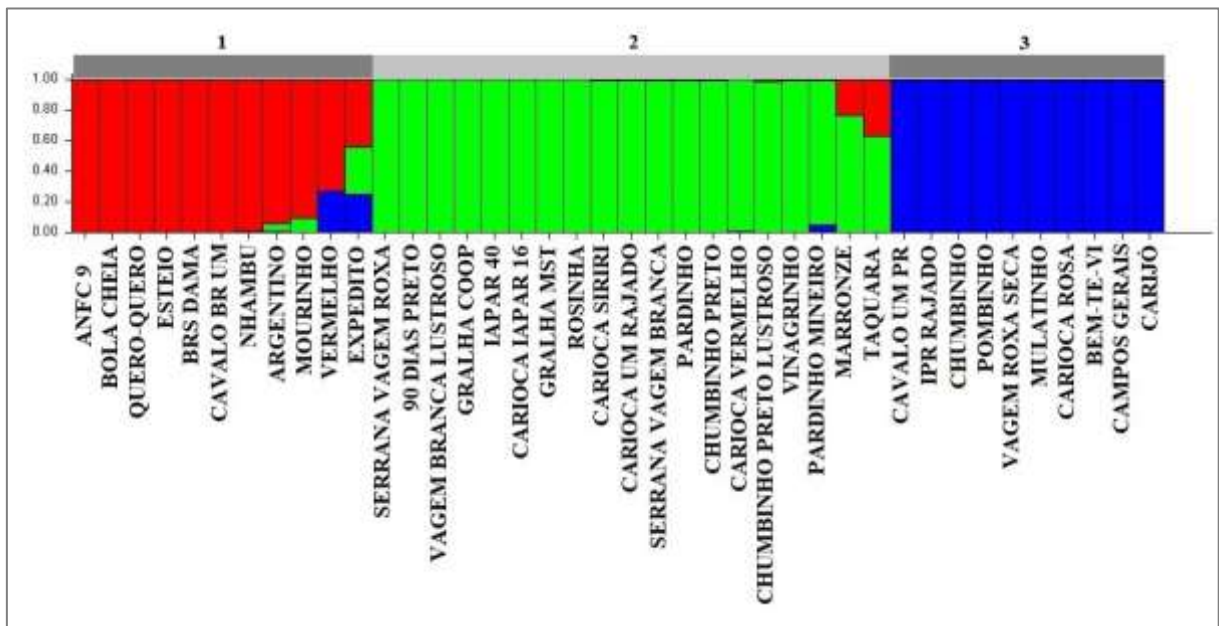


Figura 5 - Representação dos 40 genótipos de feijão comum de acordo com a análise bayesiana do programa Structure. Os acessos avaliados foram divididos em 3 grupos (K=3). Os acessos estão representados pelas barras coloridas. A mesma cor em acessos diferentes indica que eles pertencem a um mesmo grupo. Cores diferentes no mesmo genótipo indicam a porcentagem do genoma compartilhado com cada grupo. As barras em tons de cinza representam os grupos encontrados.

Fonte: Structure, 2019.

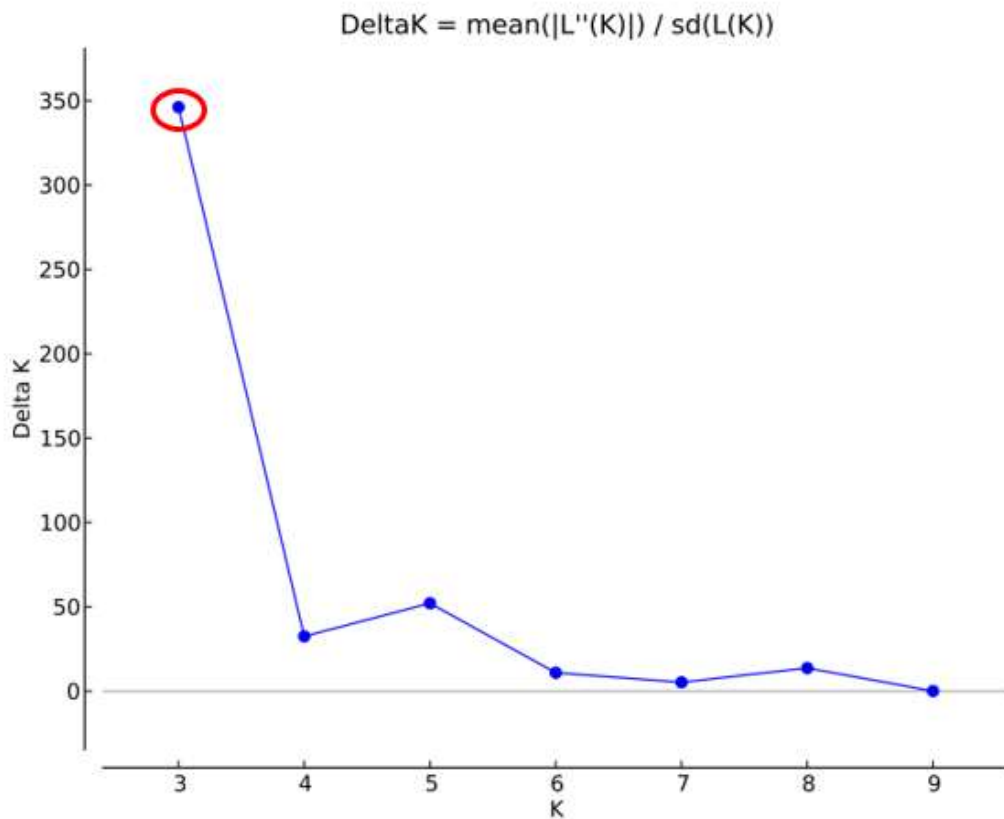


Figura 6 - Gráfico de Pritchard obtido através dos dados gerados pela análise do Structure utilizando os dados da genotipagem os marcadores SSRs, com o K variando de 2 a 10 grupos, sendo que o valor de K mais provável é aquele que possui uma maior verossimilhança (LnPD, circunferência em vermelho).

Fonte: Harvester Structure, 2019.

Outrossim, foi possível verificar que ocorreu uma distribuição dos genótipos de acordo com seus centros de domesticação, assim como estudado por Chiorato (2004), que observou que o grupo Andino foi subdividido em três raças: Nueva Granada apresentando grãos médios a grande e hábitos de crescimento dos tipos I (crescimento determinado e porte arbustivo) e II (crescimento ereto e arbustivo, presença de “guias” (pequenos ramos trepadores); Peru com grãos grandes e hábito de crescimento dos tipos III (crescimento prostrado ou semitrepador, com porte arbustivo em ambientes favoráveis e guias mais longas do que as cultivares do tipo II) e IV (crescimento indeterminado, trepador); e Chile, com grãos médios e ovais e com hábito de crescimento do tipo III. Enquanto que as raças do grupo Mesoamericano possuem hábito de crescimento dos tipos II e III e grãos pequenos. Sendo assim, de acordo com esse autor, os grupos 1 e 3 parecem pertencer ao centro de domesticação Andino, contendo características dos três subgrupos (Nueva Granada, Peru e Chile), como grãos maiores e hábitos de crescimento dos tipos I, II e III. Enquanto que o grupo 2, do presente estudo, parece pertencer ao centro de domesticação Mesoamericano, pois apresenta apenas genótipos com hábitos de crescimento do tipo II e III e grãos menores.

Grigolo et al. (2018) encontraram em seus estudos, que grãos do tipo “cavalos” e rajados pertencem ao grupo Andino, apresentando grão médios. Carvalho et al. (2008) caracterizaram grãos do tipo carioca como pertencentes ao centro de domesticação Mesoamericano, enfatizando que a base genética do melhoramento de feijão no Brasil são os acessos Mesoamericanos. Diferentemente dos resultados encontrados no presente estudo, sendo que os grãos do tipo carioca ficaram agrupadas no centro de domesticação Andino, juntamente com os genótipos de grãos maiores, esse fato pode ser explicado pela afirmação de Welsh et al. (1995), sendo que grande parte das fontes de genes quanto à precocidade dos feijões cariocas estão em feijões de origem Andina.

Vários foram os trabalhos realizados nos últimos anos, afim de caracterizar genótipos de feijão comum quanto aos seus centros de domesticação. Coelho et al. (2007), Barelli et al. (2009) e Cabral et al. (2011) avaliaram a diversidade de genótipos de feijoeiro através de marcadores moleculares microssatélites e conseguiram agrupar os genótipos acordo com os centros de domesticação. Cabral et al. (2011) avaliaram a diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos, também conseguiram agrupá-los de acordo com os centros de origem. Grigolo et al. (2018) pesquisando as implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum, agrupam genótipos de feijão comum de acordo com os centros de origem. Dentre outros trabalhos com diferentes metodologias e variedades de feijão comum, sendo o principal fator para separação em diferentes grupos, o centro de origem dos grãos analisados.

O dendrograma gerado a partir do agrupamento UPGMA realizado com os dados obtidos pela genotipagem dos SSRs com os 40 acessos de feijão comum (Figura 7) revelou que há uma alta variabilidade genética presente entre os acessos. Para os programas de melhoramento, quanto maior a diversidade melhor, havendo a possibilidade de maiores ganhos, dessa forma, essa variabilidade pode ser utilizada por pesquisadores e/ou melhoristas para realizar novos cruzamentos no sentido de gerar cultivares elites, a fim de atender às necessidades dos agricultores e do mercado consumidor (CARDOSO, 2009).

Utilizando uma linha de corte em torno da distância genética de 0,10, foi possível observar a divisão dos acessos em 15 grupos (Figura 7). Assim, tem-se:

- Grupo 1: Chumbinho Preto Lustroso, Carioca IAPAR 16, IAPAR 40, Serrana Vagem Branca, Nhambu, Chumbinho Preto e Carioca UM Rajado.
- Grupo 2: 90 Dias Preto, Serrana Vagem Roxa, Carioca Siriri e Vagem Branca Lustroso.
- Grupo 3: Rosinha.
- Grupo 4: BRS Dama, BRS Esteio, Bola Cheia, Quero-Quero, ANFC 9.

- Grupo 5: Mulatinho, Pombinho, BRS Expedito, Carioca Rosa e Vagem Roxa Seca.
- Grupo 6: Pardinho, Marronze e Taquara.
- Grupo 7: Argentino e Cavalo BR UM.
- Grupo 8: Vermelho e Vinagrinho.
- Grupo 9: Pardinho Mineiro e Gralha Coop.
- Grupo 10: Campos Gerais e Bem-te-vi.
- Grupo 11: Gralha MST e Carioca Rosa.
- Grupo 12: IPR Rajado e Cavalo UM PR.
- Grupo 13: Carijó.
- Grupo 14: Chumbinho.
- Grupo 15: Mourinho.

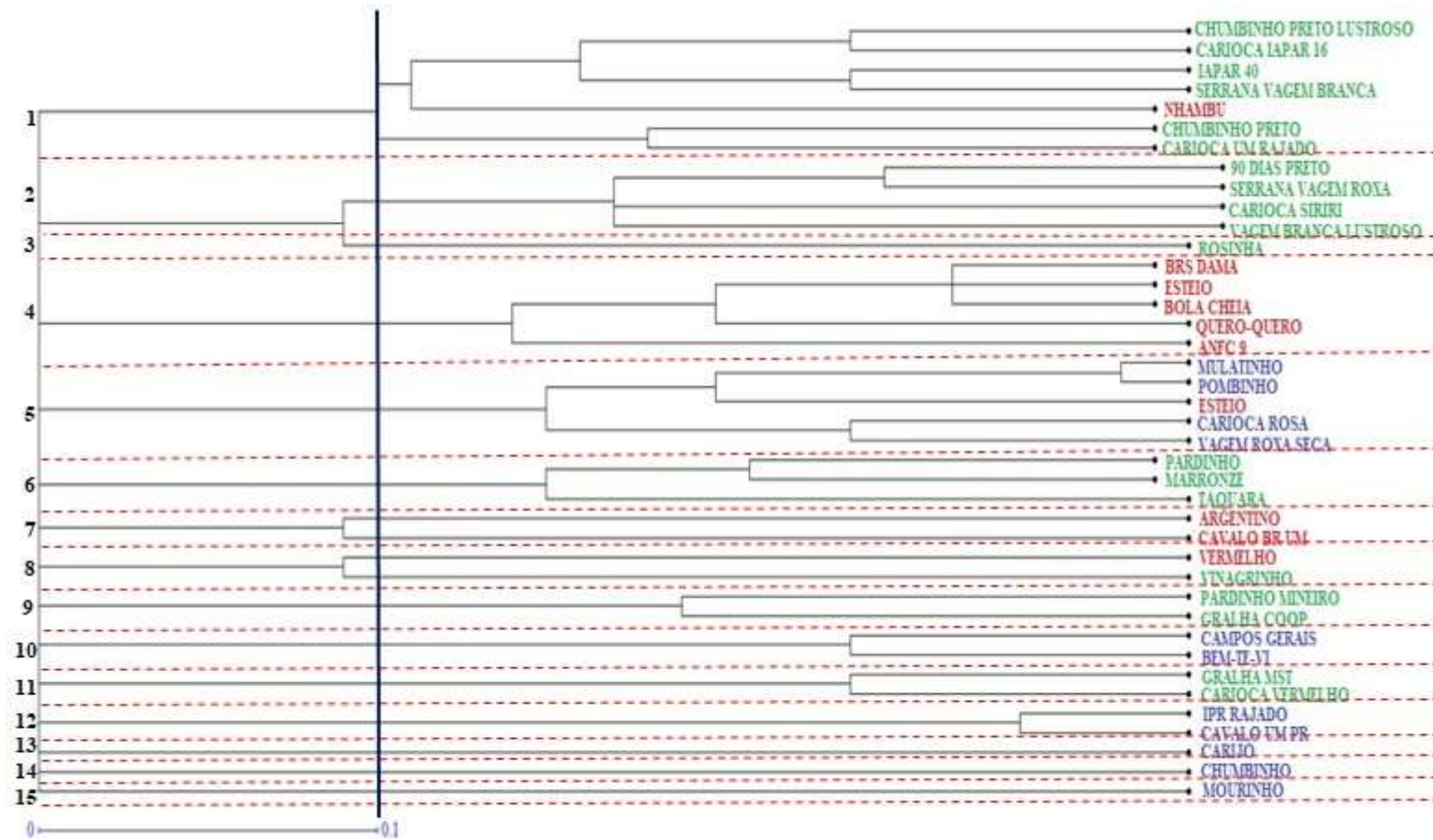


Figura 7 - Dendrograma dos 40 genótipos de feijão comum, gerado a partir da análise de UPGMA com os dados da genotipagem realizada com os 10 marcadores polimórficos do tipo microssatélites. As linhas em azul representam os grupos que podem ser visualizados no dendrograma, com o ponto de corte indicado (linha vermelha).

O objetivo da análise de agrupamento é reunir, a partir de algum critério de classificação, as variedades/cultivares em grupos, com a finalidade de existir homogeneidade dentro de cada grupo gerado e heterogeneidade entre os grupos, nesse sentido, são utilizadas técnicas que se baseiam em critérios de várias metodologias de agrupamento, através da similaridade ou dissimilaridade, baseados em distâncias genéticas (MOREIRA et al., 2009).

Sendo assim, os genótipos que compõe o grupo 1 apresentam algumas características morfológicas semelhantes: forma da semente elíptica, grau de achatamento da semente semicheia, resistência a antracnose foliar na safra avaliada, e na fase reprodutiva até 1% das vagens com lesão, até 1% de infecção nas folhas por crestamento e na fase reprodutiva até 1% das vagens com lesão por crestamento bacteriano. E todos apresentaram hábito de crescimento II e III, e ciclo de 85 a 95 dias, fato que inclui esses genótipos no mesmo centro de origem, o mesoamericano. Com exceção da cultivar Nhambu, todos os demais ficaram alocados no mesmo grupo (2) também na análise bayesiana.

No grupo 2, as características morfológicas semelhantes se referem a: forma da semente elíptica, com grau de achatamento da semente achatado, quanto ao brilho, todas apresentaram-se opacas, exceto Vagem Branca Lustroso que tem grãos brilhosos. Estes genótipos também se apresentaram resistentes a antracnose foliar na safra avaliada, manifestaram mancha angular nas folhas com 0,1 a 1% das folhas com lesões menores que 1 mm, e até 1% de infecção nas folhas por crestamento bacteriano. Assim como no grupo anterior, todos apresentaram hábito de crescimento II e III, o que os inclui no mesmo centro de origem, o mesoamericano. Da mesma forma, estavam agrupados no mesmo grupo (2) na análise bayesiana.

O grupo 3, é composto apenas de um genótipo, Rosinha, este tem coloração diferente do demais (rosada), possui hábito de crescimento II, e sementes de forma oblonga/reniforme curta, não apresentou nenhuma doença na fase vegetativa, e apenas algumas lesões por antracnose e crestamento bacteriano nas vagens.

O grupo 4 é representado pela maioria das cultivares comerciais avaliadas no presente estudo, quanto as características das sementes que podem ter auxiliado para esse agrupamento, todas tem forma da semente elíptica, grau de achatamento semicheia e todas opacas, apresentaram hábito de crescimento II e III, com ciclos de 90 a 95 dias, isso corrobora com os resultados encontrados por Carvalho et al. (2008), caracterizaram os feijões do tipo carioca como pertencentes ao centro de domesticação mesoamericano,

ênfatizando que a base genética do melhoramento de feijão no Brasil são os acessos Mesoamericanos.

Os genótipos pertencentes ao grupo 5 tem como principal característica o diferencial no tamanho das sementes, pois apresentam sementes pequenas (8 a 10 cm de comprimento), apresentam forma elíptica e são opacas, exceto Carioca Rosa, que tem semente brilhosa. Apresentam hábitos de crescimento do tipo II e III.

O grupo 6 é composto por três genótipos que apresentam sementes com forma elíptica, além de possuírem um grau de achatamento de achatadas a semicheias, e têm ciclo de 87 a 95 dias, com hábito de crescimento tipo II e III.

Os grupos 1 a 6 apresentaram hábitos de crescimento dos tipos II e III, e sementes pequenas à médias, sendo caracterizados como de origem mesoamericana.

Os grupos 7 e 8 são representados por feijões do tipo “cavalo”, são feijões grandes (mais de 14 cm de comprimento), e apresentam ciclo curto até 79 dias, e hábito de crescimento tipo I, com porte arbustivo determinado, características de feijões do centro de origem andino (CHIORATO, 2004).

O grupo 9 é composto por dois genótipos crioulos, ambos com ciclo de 95 dias e hábito de crescimento do tipo III, apresentam grãos opacos e vagens de coloração amarela. Apresentaram massa de 100 grãos e produtividade (Kg ha^{-1}) semelhantes. Esses dois genótipos ficaram alocados nos mesmos grupos nos três agrupamentos apresentados nesse trabalho, no dendrograma com base nos componentes de rendimento (grupo III), na análise bayesiana (grupo 2) e no grupo 9, isso mostra que de fato, esses dois genótipos são similares geneticamente.

O grupo 10 ficou representado por duas cultivares comerciais do Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR), ambas são cultivares pertencentes ao grupo comercial carioca, e apresentam ciclo de 88 a 90 dias e hábito de crescimento tipo III, apresentam coloração das sementes muito semelhantes em tons de creme com estrias marrons, opacas e elípticas. Além de apresentarem massa de 100 grãos e produtividade (Kg ha^{-1}) semelhantes. Cada instituição de melhoramento visa objetivos diferentes, e o IAPAR visa obter cultivares resistentes à seca (CARDOSO, 2009), acredita-se que genitores semelhantes foram utilizados em cruzamentos de deram origem a essas variedades e por isso, apresentam similaridade genética entre si.

O grupo 11 é constituído por duas variedades crioulas, que apresentam hábito de crescimento tipo II e ciclo de 87 a 89 dias. Apresentam sementes elípticas e flores de coloração roxa, além da massa de 100 grãos serem semelhantes.

O grupo 12 é composto por duas variedades crioulas, de sementes grandes, opacas, semicheias, de forma oblonga, são coloridos e possuem estrias (rajados), e um diferencial é que apresentam flores de coloração rosa. Possuem ciclos de 79 dias (Cavalo UM PR) e 87 dias (IPR Rajado) e hábitos de crescimento tipo I e II, para o Cavalo UM PR e IPR Rajado, respectivamente. Acredita-se que esse grupo também tenha seu centro de origem andino.

Os grupos 13, 14 e 15, são formados por apenas um genótipo, mostrando que estas são diferentes geneticamente dos demais genótipos, que sofreram alterações genéticas, porém ainda se mantêm conservadas.

Dentre as características que auxiliaram na separação dos grupos, está a massa de 100 grãos, assim como encontrado por Coelho et al. (2007), Silva (2011b) e Sevim et al. (2016), todos avaliando feijão comum crioulo.

Além da massa de 100 grãos, o que mais contribuiu na separação dos grupos foram as características morfológicas como: forma da semente, grau de achatamento, coloração dos grãos, brilho, coloração da flor, das vagens, hábito de crescimento, ciclo e doenças (antracnose e crestamento bacteriano). Esses dados corroboram com o agrupamento realizado por Kloster et al. (2011), com cultivares de feijão comum. O autor também relaciona seu agrupamento aos dois centros de origem do feijoeiro (andino e mesoamericano).

Da mesma forma, vários outros autores estudando essa leguminosa, agrupam seus genótipos de acordo com seu centro de origem, como Coelho et al. (2007), Barelli et al. (2009) e Cabral et al. (2011) avaliaram a diversidade de genótipos de feijoeiro através de marcadores moleculares microssatélites, e conseguiram agrupar os genótipos de acordo com os centros de domesticação. Cabral et al. (2011) avaliaram a diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos, e também conseguiram agrupá-los de acordo com os centros de origem. Grigolo et al. (2018) pesquisaram as implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum, agrupam genótipos de feijão comum de acordo com os centros de origem.

Tanto a análise bayesiana quanto o dendrograma da análise pelo método UPGMA revelaram a diversidade existente entre os genótipos estudados, e pode-se notar que em ambas análises, os genótipos estão próximos, com algumas pequenas exceções. Porém, a análise pelo método UPGMA dividiu melhor os grupos, possibilitando uma maior discriminação entre os genótipos, enquanto que na bayesiana, houve um agrupamento melhor quanto aos centros de origem, e ambas se completam.

Através da análise do dendrograma também podemos inferir algumas possíveis combinações híbridas promissoras, com base na maior dissimilaridade genética Chumbinho e Chumbinho Preto Lustroso, Serrana Vagem Branca e Iapar 40; o primeiro tem boa resistência às doenças estudadas no presente estudo e os outros genótipos apresentam boa produtividade.

5.4 CONCLUSÕES

Através da dissimilaridade genética entre os 40 genótipos de feijão comum estudados foi possível discriminar os genótipos em vários grupos, três na análise bayesiana e 15 pelo método UPGMA. Estes resultados revelam uma grande diversidade genética entre os genótipos avaliados. Dessa forma, foi possível caracterizar molecularmente os 40 genótipos de feijão comum estudados, a partir de análises de agrupamento UPGMA e bayesiana, verificando que ambas metodologias são complementares, discriminando os grupos com base em seus centros de origem, características morfológicas e agronômicas.

Aponta-se com base na maior dissimilaridade genética os cruzamentos entre Chumbinho e Chumbinho Preto Lustroso, Serrana Vagem Branca e IAPAR 40 como promissores, podendo resultar em maiores ganhos genéticos, havendo a possibilidade de maior diversidade entre nas populações obtidas.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O trabalho visou enfatizar a importância da variabilidade genética nos programas de melhoramento, e para melhor conhecer essas características avaliou-se de forma morfológica, agrônômica e molecular, 40 genótipos de feijão comum.

Com base nas três caracterizações foi possível inferir que há alta variabilidade genética no grupo de feijões estudados, seja quanto a coloração dos grãos, cor das flores, formas e tamanhos dos grãos, doenças e ciclo, ou quanto a produtividade e seus componentes, mas essas características podem variar de acordo com as condições ambientais, nesse sentido, confirmou-se a diversidade através da dissimilaridade genética apresentada pelos genótipos.

Com base nos três métodos estatísticos avaliados nesse trabalho, dendrograma a partir de 12 características morfoagronômicas, análises de agrupamento UPGMA e bayesiana, fica comprovada a diversidade genética existente no grupo avaliado.

Os acessos crioulos (Serrana Vagem Branca, Chumbinho Preto, Pardinho, Chumbinho Preto Lustroso e Iapar 40) apresentaram boa produtividade, acima de 1.600 Kg ha⁻¹, portanto podem ser indicadas para compor cruzamentos nos programas de melhoramento que visem elevadas produtividades ou mesmo serem indicados para uso pelos agricultores.

Aponta-se com base na maior dissimilaridade genética Chumbinho e Chumbinho Preto Lustroso, Serrana Vagem Branca, e Iapar 40 o primeiro tem boa resistência às doenças estudadas no presente estudo e os outros genótipos apresentam boa produtividade, podendo resultar em maiores ganhos genéticos, havendo a possibilidade de maior diversidade entre as futuras gerações.

REFERÊNCIAS

- AFONSO, S. M. E. **Caracterização físico-química e atividade antioxidante de novas variedades de feijão** (*Phaseolus vulgaris* L.). 2010. Tese de Doutorado. Instituto Politécnico de Bragança, Escola Superior Agrária.
- AGRIOS, G.N. **Plant pathology**. Amsterdam: Elsevier, 2005. 5. ed. 922 p.
- ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; GONÇALVES, J. L. M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. 2013. Stuttgart, Alemanha: **Meteorologische Zeitschrift**, v.22, p.711-728.
- ANDRADE, A. L. P.; MIOTTO, S. T. S.; SANTOS, E. P. A subfamília Faboideae (Fabaceae Lindl.) no Parque Estadual do Guartelá, Paraná, Brasil. São Paulo: **Hoehnea** [online]. 2009, vol.36, n.4. ISSN 2236-8906.
- ANDRADE, M. J. B.; OLIVEIRA, D. P.; FIGUEIREDO, M. A.; MARTINS, F. A. D. Exigências Edafoclimáticas. In: CARNEIRO, J.E.S; JÚNIOR, T.J.P; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. p.67.
- ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; CAMPOS, A. D.; MASTRANTONIO, J. J. S.; CHOLLET, C. B.; MADAIL, R. C. S.; LOPES, R. A. M.; RIBEIRO, L. S. Diversidade intrapopulacional em feijão crioulo como fonte de cultivares para nichos de mercado diferenciados. Porto Alegre: **Cadernos de Agroecologia**, v. 2, n. 1, 2007.
- BARELLI, M. A. A; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; NEVES, L. G.; SILVA, H. T. Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato Grosso do Sul State. Londrina: **Semina: Ciências Agrárias, Londrina**, v. 30, n. suplemento 1, p. 1061-1072, 2009.
- BLAIR, M. W.; GIRALDO, M. C.; BUENDIA, H. F.; TOVAR, E.; DUQUE, M. C.; BEEBE, S. E. Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical Applied Genetic**, New York, v. 113, n. 1, p. 100-109, 2006.
- BLAIR, M. W.; DÍAZ, L.M.; BUENDIA, H.F.; DUQUE, M.C. Genetic diversity, seed size associations and population structure of a core collection of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical Applied Genetic**, New York, v. 119, n. 6, p. 955-972, 2009.
- BLAIR, M. W.; GONZÁLEZ, L. F.; KIMANI, P. M.; BUTARE, L. Genetic diversity, inter-gene pool introgression and nutritional quality of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from Central Africa. **Theoretical Applied Genetic**, New York, v.121, n.2, p.237-248, 2010.
- BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M; GUIDOLIN, A. F.; NODARI, R. O.; ELIAS, H. T.; BARILI, L. D.; ROZZETTO, D. S. Grain yield in black beans: environment is the component that more interferes in the phenotypic value. **Ciência Rural**, v. 39, n. 7, p. 1974-1982, 2009.

BHERING, L. L., Rbio: A tool for biometric and statistical analysis using the R platform. Viçosa: **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 2, p. 187-190, 2017.

BONETT, L. P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SCHUELTER, A. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONELA, A.; LACANALLO, G. F. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil. Londrina: **Semina: Ciências Agrárias**, v.27, p.547-560, 2006.

BORÉM, A. (ed.). **Feijão: do plantio a colheita**. UFV, Viçosa, p. 384. Biotecnologia, 2007. p. 605-626.

BORÉM, A. Biotecnologia e sementes. In: ZAMBOLIN, L. **Sementes: qualidade fitossanitária**. Viçosa, MG: UFV, 2005. p. 1-34.

BORÉM, A.; CARNEIRO, J.E.S. (2015). A Cultura. In: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J. de; BORÉM, A. (ed.). **Feijão: do plantio a colheita**. UFV, Viçosa, p. 384.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLMICK, H.; Davis, R. W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. **American Journal of Human Genetics**, v.32, p.314-331, 1980.

BURLE, M. L.; FONSECA, J. R.; KAMI, J. A.; GEPTS, P. Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, n. 5, p. 801-813, 2010.

BUTTOW, M. V.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; HEIDEN, G.; CARVALHO, F. I. F. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. Santa Maria: **Ciência Rural**, vol.40, n.6, p.1264-1269, 2010.

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; LIMA, A. B. P.; ALVES, D. S.; NUNES, J. A. (2011). Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. Fortaleza: **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 4, p. 898-905, 2011.

CAMPOS, T.; OBLESSUC, P. R.; SFORÇA, D. A.; CARDOSO, J. M. K.; BARONI, R. M.; SOUSA, A. C. B.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATTO, A. F.; GARCIA, A. A. F.; RUBIANO, L. B.; SOUZA, A. P. Inheritance of growth habit detected by genetic linkage analysis using microsatellites in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Berlin, Alemanha: **Molecular breeding**, v. 27, n. 4, p. 549-560, 2011.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; GONÇALVES, J. G. R.; PERINA, E. F.; CARVALHO, C. R. L. Tamanho de grão comercial em cultivares de feijoeiro. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 10, p. 2067-2073, 2010.

CARDOSO, J. M. K.; OBLESSUC, P. R.; CAMPOS, T.; SFORÇA, D. A.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATTO, A. F.; FORMIGHIERI, E. F.; SOUZA, A. P.; BENCHIMOL, L. L. New microsatellite markers developed from an enriched

microsatellite common bean library. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 7, p. 929-936, 2008.

CARDOSO, J. M. K. Estimativa da Diversidade Genética entre Acessos do Tipo Carioca de Feijão Comum com Base em Marcadores Moleculares. **Instituto Agrônomo Pós-graduação**, Campinas, p. 82, 2009.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P.; SOUZA, J. R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. Santa Maria: **Ciência Rural**, p. 2138-2145, 2008.

CARVALHO, L. P.; LANZA, M. A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J. W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, n.10, p.1149-1155, 2003.

CARVALHO, M. F.; CRESTANI, M.; FARIAS, F. L.; COIMBRA, J. L. M.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F. Caracterização da diversidade genética entre acessos crioulos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) coletados em Santa Catarina por marcadores RAPD. Santa Maria: **Ciência Rural**, v. 38, n. 6, p. 1522-1528, 2008.

CARVALHO, W. P.; WANDERLEY, A.; OLIVEIRA, C. M. Controle de mancha-angular utilizando-se caldas fertiprotetoras em cultivo orgânico de feijoeiro irrigado. 2010. Goiânia: **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 40, n. 4, p. 476-482.

CELIN, E. F. **Caracterização morfoagronômica de acessos do banco ativo de germoplasma de feijão da UFV**. 2011. Dissertação (Pós-Graduação Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa. 43p.

CHAIB, S. L.; BULIZANI, E. A.; CASTRO, L. H. S. M. de. Crescimento e produção do feijoeiro em resposta a profundidade de aplicações de adubo fosfatado. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 19, n. 7, p. 817-822, jul. 1984.

CHIORATO, A. F. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do Banco de Germoplasma do Instituto Agrônomo-IAC**. 2004. Dissertação (mestrado em agronomia), Campinas, Instituto Agrônomo, 2004. 85p.

CHIORATO, A.F.; CARBONELL, S.A.M.; COLOMBO, C.A.; DIAS, L.A.S.; ITO, M.F. Genetic diversity of common bean accessions in the germplasm bank of the Instituto Agrônomo – IAC. Viçosa: **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.1-9, 2005.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M., BENCHIMOL, L. L., CHIAVEGATO, M. B., DIAS, L. A. D. S.; COLOMBO, C. A. (2007). Genetic diversity in common bean accessions evaluated by means of morpho-agronomical and RAPD data. Piracicaba: **Scientia Agricola**, v. 64, n. 3, p. 256-262, 2007.

CIAT. **Standard system for the evaluation of bean germplasm**. Cali: CIAT, 1987. 54 p.

COELHO, C. M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. A.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Santa Maria: **Ciência Rural**, v. 37, n. 5, p. 1241-1247, 2007.

COELHO, C. M.; ZILIO, M.; SOUZA, C. A.; GUIDOLIN, A.; MIQUELLUTI, D. Características morfo-agronômicas de cultivares crioulas de feijão comum em dois anos de cultivo. 2010. Londrina: **Semina: Ciências Agrárias**, v. 31, suplemento 1, p. 1177-1186.

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos, v. 6 Safra 2018/19** - Quarto levantamento, Brasília, p. 1-126, janeiro 2019. ISSN 2318-6852.

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Perspectivas para a agropecuária, v. 6 Safra 2018/2019** - Brasília, 2018. ISSN: 2318-3241.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Ceres**, v. 59, n. 2, 2015.

COSTA, I. R. S.; CAJUEIRO, E. V. de M.; MONTEIRO, J. S.; HIRAGI, G. O.; ALVES, P. P. F. **Documentação e informatização de recursos genéticos**. In: NASS, L. L. (Ed.). Recursos genéticos vegetais. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 605-626.

COSTA, J. G. C.; WENDLAND, A.; MELO, D.; OLIVEIRA, J. P.; ABREU, B. S. Reação à antracnose de variedades tradicionais de feijão-comum com grãos do tipo comercial vermelho. **Embrapa Arroz e Feijão-Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento (INFOTECA-E)**, 2016.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Diversidade genética. In: CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. (Ed.). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa: UFV, 2003. p.338-434.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 394 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 2001. 390p.

CRUZ, C.D. Aplicativo computacional em genética e estatística. **Programa genes: versão Windows**, Viçosa: Editora UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos aplicados ao Melhoramento Genético**. Ed. UFV, Viçosa - MG, 2003.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

DEBOUCK, D. Systematics and morphology. In: SCHOONHOVEN, A. van and VOYSESR, O. (eds.). **Common beans – Research for crop improvement**. Cali, CAB International, CIAT, p. 55-118, 1993.

DERAL, Departamento de Economia Rural. Feijão - **Análise da Conjuntura Agropecuária, novembro de 2017**. Disponível em: <http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/Prognosticos/2018/_feijao_2017_18.pdf>. Acesso em: 23 jan. 2019, 11:45:45.

ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, 2007.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular ecology**, v. 14, n. 8, p. 2611-2620, 2005.

FISCHER, S. Z.; BARBIERI, R. L.; PEIL, R. M. N.; STUMPF, E. R.; NEITZKE, R. S.; TREPTOW, R. Cultivo e uso de variedades crioulas de abóboras ornamentais no Rio Grande do Sul. **Embrapa Clima Temperado-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2016.

FONSECA, J. R. Algumas características dos feijões plantados na região Sul de Minas Gerais. **Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 1998.

FONSECA, J.R.; SILVA, H.T. da. Identificação de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.3, p.409-414, 1999.

FRANCO, M.C.; CASSINI, S.T.A.; OLIVEIRA, V.R.; TSAI, S.M. Caracterização da diversidade genética em feijão por meio de marcador RAPD. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, p.381-385, 2001.

FREITAS, F. O. Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 2006, vol.41, n.7, pp.1199-1203.

GEBIOMET. Grupo de Estudos em Biometeorologia. **Dados Meteorológicos 2018**. Disponível em: <<http://www.gebiomet.com.br/downloads.php>>. Acesso em: 20 abr. 2019, 10:45:26.

GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Wallingford, Inglaterra: **Common beans: research for crop improvement**, v. 7, p. 53, 1991.

GOMES, L. S.; BRANDÃO, A. M.; DE BRITO, C. H.; DE MORAES, D. F.; LOPES, M. T. G. Resistência ao acamamento de plantas e ao quebraamento do colmo em milho tropical. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 45, n. 2, p. 140-145, 2010.

GONÇALVES, D. L.; BARELLI, M. A. A.; SANTOS, P. R. J.; OLIVEIRA, T. C.; SILVA, C. R. NEVES, L. G.; POLETINE, J. P.; LUZ, P. B. Variabilidade genética de germoplasma tradicional de feijoeiro comum na região de Cáceres-MT. Santa Maria: **Ciência Rural**, v. 46, n. 1, p. 100-107, 2016.

GUIMARÃES, C.M. Relações hídricas. In: ARAUJO, R.S.; RAVA, C.A.; STONE, L.F.; ZIMMERMANN, M.J.O. (Ed.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. São Paulo, 1996. p.139-168.

GUIMARÃES, C. T; MAGALLIÃES, J. V.; LANZA, M. A.; SCHUSTER, I. Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento genético. Belo Horizonte: **Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2009.

GRIGOLO, S.; FIOREZE, A. C. C. L.; DENARDI, S.; VACARI, J. Implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 17, n. 3, p. 351-360, 2018.

HEINRICH, R.; MOREIRA, A.; FIGUEIREDO, P. A. M. de; MALAVOLTA, E. Atributos químicos do solo e produção do feijoeiro com a aplicação de calcário e manganês. Viçosa: **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 32, p. 1157-1164, 2008.

IAPAR. Instituto Agrônomo do Paraná. Atlas Climático do Estado do Paraná. Disponível em:<http://www.iapar.br/arquivos/File/zip_pdf/agrometeorologia/2019-02-Atlas.pdf>. Acesso em 24 abr. 2019, 20:43:33.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Estatística da Produção Agrícola**. Disponível em:<ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Agricola/Fasciculo_Indicadores_IBGE/estProdAgr_201701.pdf>. Acesso em: 18 jun. 2017, 14:46:17

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção Agrícola 2016**. Disponível em:<ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Agricola/Levantamento_Sistematico_da_Producao_Agricola_%5Bmensal%5D/Comentarios/lspa_201606comentarios.pdf>. Acesso em: 18 jun. 2017, 15:30:15

JARVIS, D. I. Los caracteres agromorfológicos y la selección y el mantenimiento qu da el agricultor. In: **IPGRI, Training Guide for in situ conservation on-farm**. Roma: IPGRI, 2000.p.51-81.

KLOSTER, G. S.; BARELLI, M. A. A.; SILVA, C. R.; NEVES, L. G.; SOBRINHO, S. P.; LUZ, P. B. Análise da divergência genética através de caracteres morfológicos em cultivares de feijoeiro. Recife: **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.6, n.3, p.452-459, 2011.

KWAK, M.; GEPTS P. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). Berlin, Alemanha: **Theoretical and Applied Genetics** v.118, p.979-992, 2009.

LAJOLO, F. M.; GENOVESE, M. I.; MENEZES, E. W. Qualidade nutricional. In: ARAUJO, R. S.; AGUSTÍN- RAVA, C.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. de O. (Coords.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 71-99.

LEWIS, P. O.; ZAYKIN, D. **Genetic data analysis**: computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0, 2001.

LEWIS, G. P., SCHRIRE, B., MACHINDER, B.; LOCK, M. Legumes of the World. **Royal Botanic Gardens, Kew**. 2005.

LIMA, H.C. **Leguminosas arbóreas da Mata Atlântica: uma análise da riqueza, padrões de distribuição geográfica e similaridades florísticas em remanescentes florestais do Estado do Rio de Janeiro**. Rio de Janeiro: UFRJ, 2000.

LOVATO, F.; KOWALESKI, J.; SILVA, S. Z.; HELDT, L. F. S. Composição centesimal e conteúdo mineral de diferentes cultivares de feijão biorfortificado (*Phaseolus vulgaris* L.). **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 21, p. 1-6, 2018.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998. 980p.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Plano Nacional de desenvolvimento da cadeia do feijão e pulses**. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/noticias/plano-para-aumentar-producao-de-feijao-e-pulses-e-lancado-no-mapa/cartilhafeijaobaixa.pdf>>. Acesso em: 04 fev. 2019, 10:35:50.

MAQUET, A.; ZORO BI, I.; DELVAUX, M.; WATHELET, B.; BAUDOIN, J. P. Genetic structure of a Lima bean base collection using allozyme markers. Berlin, Alemanha: **Theoretical and Applied Genetics**, v.95, p.980-991, 1997.

MARQUES JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P. Determinação da taxa de fecundação cruzada do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) nas diferentes épocas de semeadura em Lavras- Minas Gerais. Lavras: **Ciência e Prática**. v. 19, n. 3. p.339-341. 1995.

MARQUES, B. E. V.; SANTOS, A. F.; VARGAS, A. A. T.; CANDAL NETO, J. F. (1996) 'EMCAPA 406 - Xamego'. Nova cultivar de feijão preto para o Espírito Santo. Vitória: Emcapa. 4 p. (Comunicado Técnico, 81).

MESQUITA, F. R. CORRÊA, A. D.; ABREU, C. M. P.; LIMA, R. A. Z.; ABREU, A. F. B. Linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.): composição química e digestibilidade proteica. Lavras: **Ciência e Agrotecnologia** [online]. 2007, vol.31, n.4, pp.1114-1121. ISSN 1413-7054.

MONTEIRO, E. R; BASTOS, E. M.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; NUNES, J. A. R. Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. Santa Maria: **Ciência Rural**, v. 40, n. 2, p. 288-293, 2010a.

MONTEIRO, P. F. C.; ANGULO FILHO, R.; MONTEIRO, R. O. C. Efeitos da irrigação e da adubação nitrogenada sobre as variáveis agrônômicas da cultura do feijão. Botucatu: **Irriga**, v. 15, n. 4, p. 386-400, 2010b.

MOREIRA, R. M. P.; FERREIRA, J. M.; TAKAHASHI, L. S. A.; VANCONCELOS, M. E. C.; GEUS, L. C.; BOTTI, L. Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. Londrina: **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, n. suplemento 1, p. 1051-1060, 2009.

MOTA, F.S. da; ZAHLER, P.J.M. **Clima, agricultura e pecuária no Rio Grande do Sul**. Pelotas: Mundial, p.166, 1994.

MOTA, A.; MENEZES, I. P. P.; VEIGA, M. M. A.; BRONDANI, C.; BORBA, T. D. O.; PEREIRA, H. S.; VIANELLO, R. Caracterização de germoplasma cultivado de *Phaseolus vulgaris* que compõem ensaios de VCU utilizando marcadores microssatélites. In: **Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 10., 2011, Goiânia. Anais... Goiânia: Embrapa Arroz e Feijão, 2011.

OLIVEIRA, G. V.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; CRUZ, C. D. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. Brasília: **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 41, n. 2, p. 257-265, 2006.

OLIVEIRA, F.N.; TORRES, S.B.; BEBEDITO, C.P. 2011. Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão fava, em Mossoró, RN. Rio Grande do Norte: **Revista Caatinga**, v. 24, n. 1, p. 143-148, 2011.

OLIVEIRA, J.B. (Ed.). **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 3.ed. Brasília: Embrapa, 2013. 353p.

OLIVEIRA, T. C.; SILVA, J.; SANTOS, M. M.; CANCELLIER, E. L.; FIDELIS, R. R. Desempenho agrônômico de cultivares de feijão em função da adubação fosfatada no sul do estado do Tocantins. Rio Grande do Norte: **Revista Caatinga**, v. 27, n. 1, p. 50-59, 2014.

PACHECO, R. S.; BRITO, L. F.; FERREIRA, E. D. B.; STRALIOTTO, R.; ARAÚJO, A. Crescimento e produção de cultivares de feijoeiro sob inoculação com rizóbio em comparação à adubação nitrogenada. In: Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: REUNIÃO BRASILEIRA DE CIÊNCIA DO SOLO E NUTRIÇÃO DE PLANTAS, 30.; REUNIÃO BRASILEIRA SOBRE MICORRIZAS, 14.; SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MICROBIOLOGIA DO SOLO, 12.; REUNIÃO BRASILEIRA DE BIOLOGIA DO SOLO, 9.; SIMPÓSIO SOBRE SELÊNIO NO BRASIL, 1., 2012, Maceió. A responsabilidade socioambiental da pesquisa agrícola: anais. Viçosa, MG: SBCS, 2012. FERTBIO.

PARAN, I; AFTERGOOT, E.; SHIFRISS. Variation in *Capsicum annuum* revealed by RAPD and AFLP markers. Berlin, Alemanha: **Euphytica**, v. 99, n. 3, p. 167-173, 1998.

PEDRO, E. A.S.; HAKAKAVA, R.; LUCON, C. M. M.; GUZZO, S. D. Promoção do crescimento do feijoeiro e controle da antracnose por *Trichoderma* spp. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 11, p. 1589-1595, 2012.

PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; COUTO, K. R. Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 42, n. 5, p. 707-713, 2007.

PEREIRA, T.; COELHO, C. M.; SANTOS, J. P.; BOGO, A.; MIQUELLUTI, D. Diversidade no teor de nutrientes em grãos de feijão crioulo no Estado de Santa Catarina. Maringá: **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 33, n. 3, p. 477-485, 2011.

PEREIRA, H. S.; COSTA, A. F.; MELO, L. C.; PELOSO, M. D.; FARIA, L.; WENDLAND, A. Interação entre genótipos de feijoeiro e ambientes no Estado de Pernambuco: estabilidade, estratificação ambiental e decomposição da interação. 2013. Londrina: **Semina: Ciências Agrárias**, v. 34, n. 6, p. 2603-2614.

PERSEGUINI, J. M. K. C.; CHIORATTO, A. F.; ZUCCHI, M. I.; COLOMBO, C. A.; CARBONELL, S. A. M.; MONDEGO, J. M. C.; GAZAFFI, R.; GARCIA, A. A. F.; CAMPOS, T.; SOUZA, A. P.; RUBIANO, L. B. Genetic diversity in cultivated carioca common beans based on molecular marker analysis. São Paulo: **Genetics and molecular biology**, v. 34, n. 1, p. 88-102, 2011.

PIC Calculator. Disponível em: < <https://www.liverpool.ac.uk/~kempsj/pic.html> >. Acesso em: 9 fev. 2019, 20:35:57.

PERRIER, X.; JACQUEMOND-COLLET J. P.: **DARwin software**. 2006.

POLHILL, R.M.; RAVEN, P.H.; STIRTON, C.H. Evolution and systematics of the Leguminosae. In: Advances in legume systematics. **Royal Botanic Gardens**, p.1- 26, 1981.

PREZZI, H. A.; COELHO, C. M. M.; HEBERLE, I.; PARIZOTTO, C.; SOUZA, C. A. Potencial de uso de cultivares crioulas de feijoeiro no sistema de cultivo orgânico. Recife: **Agrária** [online], v. 9, p. 394-400, 2014.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945-959, 2000.

QUEROL, D. **Recursos genéticos, nosso tesouro esquecido, abordagem técnica e socioeconômica**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1993. 206p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Lavras: UFLA, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. (2015) Obtenção de Cultivares. In: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J. de; BORÉM, A. (ed.). **Feijão: do plantio a colheita**. UFV, Viçosa, p. 384.

RIBEIRO, N. D.; STORCK, L.; POERSCH, N. L. Classificação de lotes comerciais de feijão por meio da claridade do tegumento dos grãos. Santa Maria: **Ciência Rural** [online]. 2008, vol.38, n.7, pp.2042-2045. ISSN 0103-8478.

RIBEIRO, N. D.; DOMINGUES, L. S.; ZEMOLIN, A. E. M. Avaliação dos componentes da produtividade de grãos em feijão de grãos especiais. Jaboticabal: **Científica**, v. 42, n. 2, p. 178-186, 2014.

ROHLF, F. J. Numeric taxonomy and multivariate analysis system. **NTSYS-pc**, 1993.

ROCHA, F.; BARILI, L. D.; GARCIA, S. H.; MODENA, R.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; BERTOLDO, J. G. Seleção em populações mutantes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para caracteres adaptativos. **Biotemas**, v. 22, n. 2, p. 19-27, 2009.

SALGADO, F. H. M.; SILVA, J.; DE OLIVEIRA, T. C.; TONELLO, L. P.; DOS PASSOS, N. G., FIDELIS, R. R. Efeito do nitrogênio em feijão cultivado em terras altas no sul do estado de Tocantins. Guarapuava: **Ambiência**, v. 8, n. 1, p. 125-136, 2012.

SANTOS, D.; CORLETT, F.M.F.; MENDES, J.E.M.F.; WANDERLEY JÚNIOR, J.S.A. Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.10, p.1407-1412, 2002.

SANTOS, E. P. A. Caracterização preliminar quantitativa de acessos de feijão caupi introduzidos no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. Teresina: **Horticultura Brasileira**, v. 22, n. 2, 2004.

SANTOS, J. B.; GAVILANES, M. L. Botânica. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Eds). **Feijão**. 2ª.ed. Viçosa-MG: Universidade Federal de Viçosa, p. 41-65. 2006.

SANTOS, H.G.; JACOMINE, P.K.T.; ANJOS, L.H.C.; OLIVEIRA, V.A.; LUMBRERAS, J.F.; COELHO, M.R.; ALMEIDA, J.A.; CUNHA, T.J.F.; OLIVEIRA, J.B. Sistema brasileiro de classificação de solos. 3.ed. rev. e ampl. Brasília: Embrapa, 2013. 353p.

SANTOS, J. B.; GAVILANES, M. L.; VIEIRA, R. F. PINHEIRO, L. R. Botânica. In: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J. de; BORÉM, A. (ed.). **Feijão: do plantio a colheita**. UFV, Viçosa, p. 384, 2015a.

SANTOS, M. P.; VALE, L. S. R.; REGES, N. P. R.; CARVALHO, B. M. Desempenho de sementes de quatro cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) na microregião de Ceres – GO. Rio Verde: **Global and Science Technology**, v.08, n.03, p.41 – 49, set/dez. 2015b.

SEBIM, D. E.; OLIVEIRA, P. H.; BRUSAMARELLO, A. P.; BARETTA, D. R. Diversidade genética entre populações de feijão crioulo através da análise multivariada de caracteres morfoagronômicos. Venezuela: **Revista Espacios** Vol. 37 (Nº 16), 2016.

SCHIAVON, A. L.; SANTOS, M. A.; SOUZA, R. C.; HUNGRIA, M. Transferibilidade de marcadores microsatélites de soja para feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Londrina. **Anais...** Londrina: Embrapa Soja, 2009. p. 180-185. (Embrapa Soja. Documentos, 312).

SGARBIERI, V. C. Estudo do conteúdo e de algumas características das proteínas e sementes de plantas leguminosas. São Paulo: **Ciência e Cultura**, v. 32, n. 1, p. 78-84, jan./fev. 1980.

SICARD, D.; NANNI, L.; PORWRI, O.; BULFON, D.; Papa, R. Genetic diversity of *Phaseolus vulgaris* L. and *P. coccineus* L. landraces in central Italy. Berlin, Alemanha: **Plant Breeding**, v.124, p.464-472, 2005.

SILVA, H. T.; COSTA, A. O. **Caracterização botânica de espécies silvestres do gênero *Phaseolus* L. (Leguminosae)**. 2003. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, Documentos 156.

SILVA, H. T. **Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2005. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 32p.

SILVA, V. R.; REICHERT, J. M.; REINERT, D. J. Variação na temperatura do solo em três sistemas de manejo na cultura do feijão. Viçosa: **Revista Brasileira de Ciência do Solo** [online]. 2006, vol.30, n.3, pp.391-399. ISSN 1806-9657.

SILVA, C. M.; GNIECH KARASAWA, M. M.; VENCOVSKY, R.; VEASEY, E. A. Elevada diversidade genética interpopulacional em *Oryza glumaepatula* Steud. (Poaceae) avaliada com microsatélites. **Biota Neotropica**, v. 7, n. 2, 2007.

SILVA, B. B. da.; RODRIGUES, E. V.; SILVA, K. J. D.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. de M. Variabilidade genética entre acessos de feijão-caupi de porte semiereto e ereto. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2., 2008, Brasília. **Anais...**Brasília: CENARGEN, 2008. p. 265.

SILVA, F. C. **Otimização da técnica de PCR para detecção de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em sementes de feijão**. Lavras: UFLA, 49p, 2008.

SILVA, A.; SANTOS, I.; BALBINOT, A. L.; MATEI, G.; OLIVEIRA, P. H. (2009). Reação de genótipos de feijão ao crestamento bacteriano comum, avaliado por dois métodos de inoculação. Lavras: **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, p. 2019-2024, 2009.

SILVA, R. N. O. **Diversidade genética em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) por marcadores morfoagronômicos e moleculares**. Teresina: UFPI, 175p., 2011a.

SILVA, G. M. B. **Formação de um painel de diversidade genética em feijão comum**. Dissertação de Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical. Campinas: Instituto Agrônomo de Campinas, 2011b. 57 p.

SILVA, F. C., SOUZA, R. M. D., ZACARONI, A. B., LELIS, F. M. V., FIGUEIRA, A. D. R. (2013). Optimization of PCR technique for detection of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* in bean seeds. Botucatu: **Summa Phytopathologica**, v. 39, n. 1, p. 45-50, 2013.

SILVA, V. B.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A.; DIAS, C. T. S.; SILVA, R. N. O. Diversidade genética e indicação de cruzamentos promissores entre acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*). 2015. Londrina: **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 2, p. 683-692.

SILVA, M. A.; CARVALHO, M. S.; CARIAS, C. M. O. M.; POSSE, S. C. P.; FERREIRA, A.; FERREIRA, M. F. S. Diversidade genética por marcadores microssatélites de feijão preto cultivado no Espírito Santo. São José dos Campos. **Anais...** São José dos Campos: UNIVAP, 2017.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabriceae). **Economic Botany**, v. 45, p. 379-396, 1991.

SINGH, S.P. **Breeding for seed yield**. In: Shoonhoven, A. van; Voysest, O. (eds). Common beans – Research for crop improvement. Cali, CAB International, CIAT, p. 383-443, 1993.

SOARES, A. G. Consumo e qualidade nutritiva. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 5., 1996, Goiânia. **Anais...** Goiânia: UFGO, 1996. v. 2, p. 73-79.

SOBRAL, P. V. C.; RAMOS, S. R. R.; ROCHA, M. de M.; FREIRE FILHO, F. R.; SANTOS, J. O.; MEIRELLES, A. C. S. Caracterização agrônômica de variedades tradicionais de feijão caupi do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. Teresina: In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA**. 2006.

SUTTON, B. C. The Genus *Glomerella* and its anamorph *Colletotrichum*. In: Bailey, J. A.; Jeger, M. J. **Colletotrichum – Biology, pathology and control**. C.A.B. International, Wallingford, UK. p. 1-16. 1992.

SZILAGYI, L.; TAYYAR, Ş.; CIUCĂ, M. Evaluation of genetic diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using RAPD markers and morpho-agronomic traits. Romênia: **Romanian Biotechnol. Lett**, v. 16, n. 1, p. 98-105, 2011.

TORO, O.; THOME, J.; DEBOUCK, D. G. **Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.) description and distribution**. Cali: CIAT, 1990. 106 p. (CIAT. Publication, 181).

TOQUICA, S.P.; RODRÍGUEZ, F.; MARTINEZ, E.; DUQUE, M.C.; TOHME, J. Molecular characterization by AFLPs of *Capsicum* germplasm from the Amazon department in Colombia. Berlin, Alemanha: **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.50, n.6, p.639-647, 2003.

TU, J. C. *Colletotrichum lindemuthianum* on bean. Population dynamics of the pathogen and breeding for resistance. In: **Colletotrichum – Biology, pathology and**

control. Bailey, J. A.; Jeger, M. J. C.A.B. International, Wallingford, UK., p. 203-224. 1992.

TREMEA, A.; BRIDI, M.; MEDEIROS, C.; FARIA, M. V. Divergência genética entre variedades crioulas e melhoradas de feijão. Paraná. **Anais...** 2007.

VIEIRA, C. **Memórias de meio século de estudo sobre a cultura do feijão.** Viçosa. Editora UFV. 214p. 2004.

VIEIRA, E. S. N.; SCHUSTER, I.; SILVA, R.B.; OLIVEIRA, M. A. R. (2009) Genetic variability in soybean cultivars determined with microsatellite markers in agarose gel. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 44:1460-1466.

XAVIER, G. R; MARTINS, L. M. V.; RUMJANEK, N. G.; FREIRE FILHO, F. R. Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 4, p. 353-359, 2005.

ZILIO, M.; COELHO, C. M. M.; SOUZA, C. A.; SANTOS, J. C. P.; MIQUELLUTI, D. J. Contribuição dos componentes de rendimento na produtividade de genótipos crioulos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.).Fortaleza: **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 429-438, 2011.

WELSH, W.; BUSHUK, W.; ROCA, W.; SINGH, S.P. Characterization of agronomic traits and markers of recombinant inbred lines from intra- and interracial populations of *Phaseolus vulgaris* L. **Theoretical and Applied Genetics**, v.91, p.169-177, 1995.

ANEXO

ANEXO A - Descritores Mínimos - Características morfológicas e agronômicas – Segundo formulário de descritores morfológicos mínimos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), recomendado pelo SNPC, de acordo com Silva (2005), e as avaliações de antracnose, crestamento bacteriano comum nas folhas e nas vagens (na floração e na maturação fisiológica, respectivamente), acamamento e nota geral, foram baseadas nos estádios de crescimento da cultura do feijoeiro segundo a escala proposta pelo CIAT (1987).

1. Presença ou ausência de antocianina nos cotilédones. Avaliado no estágio de plântula.

Ausente

Presente

2. Presença ou ausência de antocianina no hipocótilo. Avaliado no estágio de plântula.

Ausente

Presente

3. Dimensão da folha primária. Avaliado no estágio de plântula.

Comprimento (cm)

Largura (cm)

4. Tipo de planta (Hábito de Crescimento). Avaliado na floração.

Arbustivo determinado I

Arbustivo indeterminado II

Prostrado indeterminado III

Trepador indeterminado IV

5. Presença de antocianina no caule. Avaliado na floração.

Ausente

Presente

6. Dimensões da folha. Avaliado na floração.

Pequena (P)

Média (M)

Grande (G)

7. Folha. Avaliado na floração.

Comprimento (cm)

Largura (cm)

8. Flor. Cor das asas. Avaliado na floração em flores recém-abertas).

Branca

Rosa

Roxa

9. Cor do estandarte. Avaliado na floração em flores recém-abertas).

Branca

Rosa

Roxa

10. Vagem cor primária. Avaliado na maturação fisiológica.

Amarela

Verde

Roxa

11. Vagem cor secundária (no caso de vagens com duas cores = bicolor). Avaliado na maturação fisiológica.

Vermelha

Roxa

12. Cor da semente. Avaliado após a colheita.

Cor primária (% de ocorrência)

Cor secundária (% de ocorrência)

13. Presença de venações (retículos) no tegumento (testa). Avaliado após a colheita.

Ausente (1)

Presente (2)

14. Forma da semente, baseada no coeficiente J (mm) = Comprimento/Largura, segundo Puerta Romero (1961). Avaliado após a colheita.

Esférica (1.16 a 1.42) (1)

Elíptica (1.43 a 1.65) (2)

Oblonga/Reniforme curta (1.66 a 1.85) (3)

Oblonga/Reniforme média (1.86 a 2.00) (4)

Oblonga/Reniforme longa (> 2.00) (5)

15. Forma - Grau de achatamento, baseada no coeficiente H (mm) = Espessura/Largura, segundo Puerta Romero (1961). Avaliado após a colheita.

Achatada (< 0,69) (1)

Semicheia (0,70 a 0,79) (2)

Cheia (> 0,80) (3)

16. Brilho da semente. Avaliado após a colheita.

Opaco (1)

Intermediário (3)

Brilhoso (5)

17. Halo da semente. Avaliado após a colheita.

Ausente (1)

Presente (2)

18. Cor do halo da semente. Avaliado após a colheita.

Mesma cor da semente (1)

Cor diferente da semente (2)

19. Cultivar - Grupo Comercial a que pertence. Avaliado após a colheita.

Branco (1)

Carioca (2)

Jalo (3)

Mulatinho (4)

Preto (5)

Rosinha (6)

Roxo (7)

Outros (8)

* **Ciclo (CC)** - Dias da emergência à maturação colheita – número médio de dias, transcorridos da emergência até aproximadamente 90 - 95% das vagens secas (maturação colheita).

* **Número de dias até a floração (NDF)** - Dias da emergência à floração – número médio de dias transcorridos da emergência a 50% das flores abertas.

Os genótipos também foram avaliados quanto as principais doenças, acamamento e nota geral.

* **Antracnose foliar (ANT F)**

(1) Ausência de sintomas.

(2) Até 1% das nervuras necróticas apenas na face inferior.

(3) Maior frequência dos sintomas do grau anterior.

(4) Até 1% das nervuras necróticas perceptíveis na face superior da folha.

(5) Maior frequência dos sintomas do grau anterior.

- (6) Manchas necróticas abundantes nas nervuras com algumas lesões nos caules, ramos e pecíolos.
- (7) Mancha na maioria das nervuras e tecidos adjacentes, lesões abundantes caules ramos e pecíolos.
- (8) Manchas em quase todas as nervuras, rupturas, desfolhação acentuada, redução do crescimento e lesões muito abundantes nos caules, ramos e pecíolos.
- (9) Maioria das plantas mortas.

*** Crestamento foliar (CRES F)**

Porcentagem de infecção (%)

- (1) 0%
- (2) 1%
- (3) 5%
- (4) 10%
- (5) 20%
- (6) 40%
- (7) 60%
- (8) 80%
- (9) 100%

*** Mancha angular (MA)**

- (1) 0%
- (2) 1%
- (3) 5%
- (4) 10%
- (5) 20%
- (6) 40%
- (7) 60%
- (8) 80%
- (9) 100%

*** Antracnose nas vagens (ANT V)**

- (1) Ausência de sintomas.
- (3) Até 1% das vagens com lesão.

- (5) Entre 1 e 5% das vagens com lesões.
- (7) Entre 5 e 20% das vagens com lesões.
- (9) Mais de 20% das vagens com lesões.

*** Crestamento nas vagens (CRES V)**

- (1) Ausência de sintomas.
- (3) Até 1% das vagens com lesão.
- (5) Entre 1 e 5% das vagens com lesões.
- (7) Entre 5 e 20% das vagens com lesões.
- (9) Mais de 20% das vagens com lesões.

*** Acamamento (ACAM)**

- (1) Todas as plantas eretas.
- (2) Poucas plantas caídas ou levemente inclinadas.
- (3) 25% das plantas caídas ou todas as plantas inclinadas em torno de 25°.
- (5) 50% das plantas caídas ou todas as plantas inclinadas a de 45°.
- (7) 75% das plantas caídas ou todas as plantas inclinadas a de 65°.
- (8) Poucas plantas não estão caídas ou quase todas tocando o solo.
- (9) Todas as plantas caídas, tocando o solo.

*** Nota Geral (NG)**

Refere-se a carga de vagens, enchimento de grãos e aspecto geral das plantas.

- (1) Excelente
- (3) Bom
- (5) Regular
- (7) Ruim
- (9) Péssimo