



**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIODIVERSIDADE E  
BIOTECNOLOGIA - REDE BIONORTE**



**PRÉ-MELHORAMENTO EM FEIJÃO COMUM A PARTIR DA ANÁLISE DA  
VARIABILIDADE GENÉTICA**

**TANIELE CARVALHO DE OLIVEIRA**

**Cáceres - MT**

**2023**

**TANIELE CARVALHO DE OLIVEIRA**

**PRÉ-MELHORAMENTO EM FEIJÃO COMUM A PARTIR DA ANÁLISE DA  
VARIABILIDADE GENÉTICA**

Tese de doutorado apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia - Rede BIONORTE, na Universidade do Estado de Mato Grosso, como requisito parcial para a obtenção do Título de Doutora em Biodiversidade e Biotecnologia.

Orientador: Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli  
Coorientador: Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio

Cáceres - MT  
Outubro/2023

Walter Clayton de Oliveira CRB 1/2049

O48p	<p>OLIVEIRA, Taniele Carvalho de. Pré-Melhoramento em Feijão Comum a Partir da Análise da Variabilidade Genética / Taniele Carvalho de Oliveira – Cuiabá, 2023. 95 f.; 30 cm. (ilustrações) Il. color. (sim)</p> <p>Trabalho de Conclusão de Curso (Tese/Doutorado) – Curso de Pós-graduação Stricto Sensu (Doutorado) Rede em Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal: Rede Bionorte, Instituto Nacional de Pesquisas do Pantanal Cuiabá e Cidade Universitária Celbe Campus Univers. de Cáceres., Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação, Universidade do Estado de Mato Grosso, 2023. Orientador: Marco Antonio Aparecido Barelli Coorientador: Thiago Alexandre Santana Gilio</p> <p>1. Análise Multivariada. 2. Marcadores Microsatélites. 3. Phaseolus Vulgaris L.. 4. Variabilidade Genética. I. Taniele Carvalho de Oliveira. II. Pré-Melhoramento em Feijão Comum a Partir da Análise da Variabilidade Genética: .</p> <p>CDU 633.33/.35</p>
------	--

TANIELE CARVALHO DE OLIVEIRA

## PRÉ-MELHORAMENTO EM FEIJÃO COMUM A PARTIR DA ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA

Tese de doutorado apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia - Rede BIONORTE, na Universidade do Estado de Mato Grosso, como requisito parcial para a obtenção do Título de Doutora em Biodiversidade e Biotecnologia.

Aprovada em 20/10/2023.

### Banca examinadora

Documento assinado digitalmente



MARCO ANTONIO APARECIDO BARELLI

Data: 30/11/2023 17:55:34-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli (Orientador)

Universidade do Estado de Mato Grosso

Documento assinado digitalmente



ANA APARECIDA BANDINI ROSSI

Data: 30/11/2023 17:01:14-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Profa. Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi

Universidade do Estado de Mato Grosso

Documento assinado digitalmente



CAROLINA JOANA DA SILVA NOGUEIRA

Data: 05/12/2023 11:58:02-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Profa. Dra. Carolina Joana da Silva

Universidade do Estado de Mato Grosso

Documento assinado digitalmente



CELICE ALEXANDRE SILVA

Data: 01/12/2023 09:32:31-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Profa. Dra. Celice Alexandre Silva

Universidade do Estado de Mato Grosso

Documento assinado digitalmente



LEONARDA GRILLO NEVES

Data: 01/12/2023 16:44:02-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Profa. Dra. Leonarda Grillo Neves

Universidade do Estado de Mato Grosso

## TERMO DE AUTORIZAÇÃO PARA PUBLICAÇÃO

Eu, Taniele Carvalho de Oliveira, (X) autorizo ( ) não autorizo a publicação da versão final aprovada de minha Tese de Doutorado intitulada “Pré-melhoramento em feijão comum a partir da análise da variabilidade genética” no Portal do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia – Rede BIONORTE (PPG-BIONORTE), bem como no repositório de Teses da CAPES ou junto à biblioteca da Instituição Certificadora.

Local/Data: Cáceres-MT, 07 de dezembro de 2023.

Documento assinado digitalmente  
 TANIELE CARVALHO DE OLIVEIRA  
Data: 07/12/2023 09:54:07-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

(Taniele Carvalho de Oliveira)

CPF: 028.730.911-85

RG: 2179999-7 SSP/MT

## **AGRADECIMENTOS**

Primeiramente quero agradecer a Deus, pois foi Ele que levantou minha cabeça e me deu força para não desistir nos momentos mais difíceis.

À Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado” e ao Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia da Rede BIONORTE pela oportunidade da realização do doutorado e acolhida.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo.

Ao meu orientador Marco Antonio Aparecido Barelli, pelas valiosas contribuições dadas durante todo o processo.

À minha família e amigos tenho um agradecimento muito especial porque acreditaram em mim desde o primeiro instante.

OLIVEIRA, Taniele Carvalho de. **Pré-melhoramento em feijão comum a partir da análise da variabilidade genética**. 2023. 96 f. Tese (Doutorado em Biodiversidade e Biotecnologia) - Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres, 2023.

## RESUMO

O feijão comum é uma das principais culturas produzidas no Brasil e no mundo, é conhecida por sua diversidade, principalmente em relação às características da planta, que pode auxiliar os programas de melhoramento da cultura. Com isso, objetivou-se estimar a diversidade genética dos acessos de feijão comum com base na caracterização morfoagronômica e molecular. O estudo foi realizado na Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, Campus de Cáceres-MT, avaliando 143 acessos de feijão comum provenientes dos estados do Acre, Amazonas, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Pará, Paraná, Rio Grande do Sul, Santa Catarina, São Paulo e Tocantins. Os acessos foram analisados por meio das características morfológicas, agronômicas, e molecular com marcadores microssatélites. Para a análise dos dados utilizou-se técnicas de análise multivariadas, com base em variáveis multicategóricas para os dados morfológicos, a Distância de *Mahalanobis* para os dados agronômicos, a Distância de Nei para a obtenção da matriz de dissimilaridade molecular e também a análise conjunta dos dados com base no Algoritmo de Gower. As matrizes resultantes dos índices foram submetidas aos agrupamentos de Otimização de Tocher, Hierárquico do UPGMA, projeção 3D e Ward-MLM. Os dados moleculares ainda foram submetidos à análise de estruturação genética, empregando-se o método Bayesiano. Os acessos de feijão comum apresentaram variabilidade genética, sendo possível explorar esta variabilidade em programas de melhoramento da cultura. Com base nas análises moleculares o acesso 32 foi considerado o mais dissimilar, além disso os marcadores moleculares SSRs utilizados foram eficientes para detectar a variabilidade genética. Considerando o conjunto de características morfológicas avaliadas, os acessos que apresentaram maior dissimilaridade dentre os totais avaliados foram o 4, 45, 52, 63, 64, 94, 100 e 106 sugerindo a utilização dos mesmos em programas de melhoramento genético de feijão comum. De acordo com as características morfoagronômicas destaca-se o acesso 47 por apresentar semiprecocidade em relação ao ciclo, os acessos 52, 65 e 103 maior produção de sementes com base nos componentes de rendimento (número de sementes por vagem, número de sementes por planta e massa de 100 sementes) e produtividade, e os acessos 52, 100, 101, e 103 maior dissimilaridade genética. As características número de sementes por vagem, massa de 100 sementes e produtividade foram as que mais contribuíram para a divergência genética dos acessos. A divergência genética dos acessos demonstrou que a distribuição geográfica, neste estudo, não está relacionada com a distância genética dos mesmos. A análise conjunta foi eficiente na discriminação dos acessos, sendo os acessos 4,

37, 52, 106, 119, 121 e 123 os mais divergentes demonstrando que a análise simultânea de dados é viável e permitir maior eficiência no conhecimento da divergência entre os acessos de feijão comum. Nesse sentido, confirmou-se a diversidade através da dissimilaridade genética apresentada pelos acessos com base nos resultados morfoagronômicos e moleculares, sendo os acessos 4, 32, 37, 45, 52, 63, 64, 94, 100, 101, 103, 106, 119, 121 e 123 considerados mais divergentes podendo resultar em ganhos genéticos quando empregados em programas melhoramento via hibridação.

**Palavras-Chave:** Análise multivariada; Marcadores microssatélites; *Phaseolus vulgaris* L.; Variabilidade genética.

OLIVEIRA, Taniele Carvalho de. **Pre-breeding in common beans based on genetic variability analysis**. 2023. 96 f. Thesis (PhD in Biodiversity and Biotechnology) - State University of Mato Grosso, Cáceres, 2023.

## ABSTRACT

The common bean is one of the principal crops produced in Brazil and the world, known for its diversity, primarily regarding the characteristics of the plant. These characteristics can aid the improvement programs of the crop. Hence, the objective of this study was to estimate the genetic diversity of common bean accessions through morphoagronomic and molecular characterization. The study was conducted at the State University of Mato Grosso "Carlos Alberto Reyes Maldonado," Campus de Cáceres-MT, evaluating 143 accessions of common bean from the states of Acre, Amazonas, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Pará, Paraná, Rio Grande do Sul, Santa Catarina, São Paulo and Tocantins. These accessions were analyzed for morphological, agronomic, and molecular characteristics using microsatellite markers. Multivariate analysis techniques were employed for data analysis, with multicategorical variables for morphological data, *Mahalanobis* Distance for agronomic data, Nei Distance for the molecular dissimilarity matrix, and the joint analysis of the data based on the Gower Algorithm. The resulting matrices from the indices were submitted to Tocher Optimization, UPGMA Hierarchical, 3D projection, and Ward-MLM clustering. Genetic structuring analysis of the molecular data was also performed using the Bayesian method. Genetic variability was observed among the common bean accessions, making it possible to utilize this variability in crop improvement programs. Based on molecular analyses, accession 32 was deemed the most dissimilar, and the SSR molecular markers were efficient in detecting genetic variability. Considering the set of evaluated morphological characteristics, accessions 4, 45, 52, 63, 64, 94, 100, and 106 presented greater dissimilarity, suggesting their use in the genetic improvement programs of common bean. As per the morphoagronomic characteristics, accession 47 was notable for its semi-earliness in relation to cycle, while accessions 52, 65, 103 displayed higher seed production based on yield components (number of seeds per pod, number of seedes per plant and mass of 100 seeds) and yield, and accessions 52, 100, 101, and 103 exhibited higher genetic dissimilarity. The traits number of seeds per pod, mass of 100 seeds, and yield were the most significant contributors to the genetic divergence of the accessions. It was demonstrated that geographical distribution in this study is not related to genetic distance. The joint analysis proved efficient in discriminating the accessions, with accessions 4, 37, 52, 106, 119, 121, and 123 being the most divergent. This shows that simultaneous analysis of data is feasible and leads to a more profound understanding of the divergence between the accessions of common bean. In conclusion, the diversity was affirmed through the genetic dissimilarity exhibited by the accessions based on morphoagronomic and

molecular outcomes, with accessions 4, 32, 37, 45, 52, 63, 64, 94, 100, 101, 103, 106, 119, 121, and 123 considered more divergent, potentially resulting in genetic gains when utilized in breeding programs through hybridization.

**Keywords:** Multivariate analysis; Microsatellite markers; *Phaseolus vulgaris* L.; Genetic variability.

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1</b> - Dendrograma obtido por meio de marcadores SSR pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA de 143 acessos de feijão comum. ....	49
<b>Figura 2</b> - Análise de coordenadas principais de 143 acessos de feijão comum. ....	50
<b>Figura 3</b> - Gráfico de verificação do Delta K ( $\Delta K$ ) máximo e inferência do número ideal de grupos presentes nos acessos de feijão comum analisados, utilizando 25 loci microssatélites. ....	51
<b>Figura 4</b> - Estrutura populacional de 143 acessos de feijão comum com base em 25 marcadores moleculares SSR. $K = 3$ . Cada barra vertical representa um acesso e a porcentagem de adesão a cada grupo.....	52
<b>Figura 5</b> - Dendrograma obtido a partir do método de agrupamento UPGMA para 100 acessos de feijão comum avaliados com base nas características morfológicas. ....	56
<b>Figura 6</b> - Dendrograma representativo do agrupamento de 95 acessos de feijão comum, pelo Método hierárquico UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de nove características morfoagronômicas. ....	65
<b>Figura 7</b> - Dispersão gráfica de 95 acessos de feijão comum baseado na dissimilaridade estimada a partir de nove características morfoagronômicas.....	66
<b>Figura 8</b> - Gráfico da função logarítmica da probabilidade (Log-likelihood) em relação ao número de grupos formado pela estratégia Ward-MLM em acessos de feijão comum.....	68
<b>Figura 9</b> - Distribuição das duas primeiras variáveis canônicas (VC) demonstrando a formação de seis grupos pela estratégia Ward-MLM. ....	69

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1</b> - Identificação dos acessos de feijão comum.....	24
<b>Tabela 2</b> - Descrição dos marcadores moleculares SSR utilizados na identificação da variabilidade genética dos acessos de feijão comum.....	28
<b>Tabela 3</b> - Características químicas e físicas do Latossolo vermelho amarelo distrófico da área experimental, coletado na profundidade de 0-20 cm.....	30
<b>Tabela 4</b> - Esboço da estrutura da Análise de Variância Molecular (AMOVA). ....	35
<b>Tabela 5</b> - Esquema da análise de variância das características morfoagronômicas avaliadas. ....	40
<b>Tabela 6</b> - Estimativa de diversidade genética dos 143 acessos de feijão comum obtidos a partir de 25 marcadores microssatélites.....	47
<b>Tabela 7</b> - Análise de variância molecular (AMOVA) das 11 populações de feijão comum estudadas a partir de 25 marcadores microssatélites. ....	48
<b>Tabela 8</b> - Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher com base nas características morfológicas entre os 100 acessos de feijão comum. ....	54
<b>Tabela 9</b> - Distâncias médias intra e intergrupos estimados pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre 100 acessos de feijão comum. ....	55
<b>Tabela 10</b> - Análise de variância de nove características morfoagronômicas em 95 acessos de feijão comum. ....	58
<b>Tabela 11</b> - Agrupamento das médias dos acessos de feijão comum pelo método de Scott-Knott a partir de nove características morfoagronômicas.....	59
<b>Tabela 12</b> - Agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher obtido a partir de nove características agrônômicas em 95 acessos de feijão comum.....	63
<b>Tabela 13</b> - Distâncias médias intra e intergrupos estimados pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre 95 acessos de feijão comum. ....	64
<b>Tabela 14</b> - Contribuição relativa percentual de dez características morfoagronômicas avaliadas para divergência ( $Di^2$ ) entre 95 acessos de feijão comum.....	67
<b>Tabela 15</b> - Agrupamento dos 95 acessos de feijão comum gerado pelo método Ward-MLM. ....	68
<b>Tabela 16</b> - Distância entre os grupos formados pela estratégia Ward-MLM.....	69

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	14
1.1 Objetivo geral .....	16
1.2 Objetivos específicos.....	16
<b>2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	17
2.1 Origem e domesticação do feijão comum.....	17
2.2 Aspectos botânicos do feijão comum .....	18
2.3 Importância econômica do feijão comum.....	20
2.4 Caracterização morfológica, agrônômica e molecular do feijão comum .....	21
<b>3 MATERIAIS E MÉTODOS</b> .....	24
3.1 Material vegetal .....	24
3.2 Instalação e condução do experimento em laboratório.....	26
3.2.1 Coleta das amostras e extração do DNA .....	26
3.2.2 Amplificação e revelação dos amplicons.....	27
3.3 Instalação e condução do experimento à campo.....	29
3.3.1 Caracterização da área experimental.....	29
3.3.2 Delineamento experimental .....	30
3.3.3 Tratos culturais .....	30
3.3.4 Características morfoagronômicas avaliadas.....	31
3.4 Análises estatísticas .....	33
3.4.1 Análises estatísticas para os marcadores SSR .....	33
3.4.1.1 Diversidade genética .....	33
3.4.1.2 Análise de Variância Molecular (AMOVA) .....	35
3.4.1.3 Distância genética de Nei (1983) ( $D_A$ ) .....	36
3.4.1.4 Estrutura populacional.....	38
3.4.2 Análises estatísticas para características morfoagronômicas .....	38
3.4.2.1 Análise multivariada - Variáveis multicategóricas .....	38
3.4.2.2 Análise de agrupamento.....	39
3.4.2.3 Análises de variância.....	39
3.4.2.4 Agrupamento entre médias .....	41
3.4.2.5 Análise multivariada - Distância generalizada de <i>Mahalanobis</i> .....	42
3.4.2.6 Análise de agrupamento.....	42
3.4.2.7 Importância relativa dos caracteres .....	43
3.4.3 Análise conjunta .....	44
3.4.3.1 Matriz de dissimilaridade .....	44
3.4.3.2 Agrupamento pelo método Ward-MLM.....	45
<b>4 RESULTADOS</b> .....	46

4.1	Caracterização molecular .....	46
4.1.1	Diversidade genética .....	46
4.1.2	Agrupamento pelo método UPGMA .....	48
4.1.3	Análise de Coordenadas principais (PCoA) .....	50
4.1.4	Estrutura de população .....	51
4.2	Caracterização morfológica .....	53
4.2.1	Medidas de dissimilaridade .....	53
4.2.2	Agrupamentos de Tocher e UPGMA .....	53
4.3	Caracterização morfoagronômica .....	57
4.3.1	Análise de variância univariada e teste de Skott-Knott .....	57
4.3.2	Análise Multivariada .....	62
4.3.2.1	Distância generalizada de <i>Mahalanobis</i> .....	62
4.3.2.2	Agrupamentos de Tocher, UPGMA e Dispersão Gráfica .....	63
4.3.2.3	Contribuição relativa dos caracteres .....	66
4.4	Análise conjunta .....	67
4.4.1	Agrupamento Ward-MLM .....	67
<b>5</b>	<b>DISCUSSÃO</b> .....	<b>71</b>
5.1	Caracterização molecular .....	71
5.1.1	Diversidade genética .....	71
5.1.2	Agrupamento pelo método UPGMA .....	72
5.1.3	Análise de Coordenadas principais (PCoA) .....	73
5.1.4	Estrutura de população .....	73
5.2	Caracterização morfológica .....	74
5.2.1	Medidas de dissimilaridade .....	74
5.2.2	Agrupamentos de Tocher e UPGMA .....	74
5.3	Caracterização morfoagronômica .....	75
5.3.1	Análise de variância Univariada e teste de Skott-Knott .....	75
5.3.2	Análise Multivariada .....	77
5.3.2.1	Distância generalizada de <i>Mahalanobis</i> .....	77
5.3.2.2	Agrupamentos de Tocher, UPGMA e Dispersão Gráfica .....	78
5.3.2.3	Contribuição relativa dos caracteres .....	79
5.4	Análise conjunta .....	79
5.4.1	Agrupamento Ward-MLM .....	79
<b>6</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	<b>81</b>
	<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>82</b>
	<b>ANEXOS</b> .....	<b>95</b>

## 1 INTRODUÇÃO

O *Phaseolus vulgaris* L. pertence à família Fabaceae e ao gênero *Phaseolus*, este gênero possui aproximadamente 70 espécies das quais apenas cinco são cultivadas e dentre elas o feijão comum é uma das culturas americanas que se espalhou pelo mundo após as viagens de Colombo (ALMEIDA *et al.*, 2020). É originário da América Central e do Sul, e a domesticação ocorreu de forma independente na região Andina e Mesoamericana, resultando em dois pools gênicos altamente diferenciados (VOYSEST, 2000; GIOIA *et al.*, 2013; SHAMSELDIN e VELÁZQUEZ, 2020).

Além de estar entre as leguminosas de maior importância econômica, o feijão comum faz parte da cultura alimentar, principalmente no Brasil, sendo considerado ingrediente indispensável na dieta diária, representando uma das principais fontes de proteína vegetal (PITURA e ARNTFIELD, 2019; PAIXÃO e MELO, 2020). Segundo a FAO (2021) a cultura é produzida em todo o mundo, entretanto, a produção é especialmente maior nos continentes Asiático, Americano e Africano.

Em 2021 a produção mundial de feijão foi estimada em 27 milhões de toneladas, colhidos em 35,9 milhões de hectares, tendo como os maiores países produtores a Índia, Brasil e Myanmar (FAO, 2021). De acordo com a CONAB (2022) na safra de 2021/2022 o Brasil produziu cerca de 3,02 milhões de toneladas de feijão, em 2,9 milhões de hectares, com produtividade média de 1.033 kg ha<sup>-1</sup>, desse total, o estado de Mato Grosso contribuiu com 369,4 mil toneladas, com uma área de cultivo de 192,9 mil hectares e rendimento médio de 1.648 kg ha<sup>-1</sup>.

O feijão comum é conhecido por sua variabilidade, principalmente em relação aos tipos de grãos, por apresentarem diferentes formatos e matização de cores, nessa proporção estão os grãos do tipo carioca, rosinha, pintado, jalo, rajado graúdo, preto, mulatinho, roxinho, dentre outros (SOUSA e FERREIRA, 2021). A caracterização da variabilidade genética do feijão nos bancos de germoplasma podem identificar genótipos promissores para os trabalhos de melhoramento (COELHO *et al.*, 2010).

Os programas de melhoramento de feijão promovem a identificação das associações alélicas que apresentem características agrônômicas desejáveis. Com isso, a determinação do controle genético dos caracteres constitui uma etapa inicial, permitindo a escolha de procedimentos mais adequados, visando à obtenção de genótipos superiores de forma eficiente (BERTOLDO, 2011).

Nesse sentido, o pré-melhoramento é de alta importância dentro do processo, tendo em vista que possibilita ampliar a base genética dos programas de melhoramento (FALEIRO *et al.*, 2008). Para isso, realiza-se a caracterização e avaliação a nível morfológico, agrônômico, bioquímico, citogenético e/ou molecular são as atividades que permitem a

distinção entre os genótipos (NICK *et al.*, 2010), fornecendo informação a respeito da diversidade genética dos genótipos estudados.

O uso de análises multivariadas para o estudo da divergência genética é baseado em algoritmos, ou medidas de distância, que consideram simultaneamente inúmeras características consideradas nos experimentos de caracterização e avaliação de germoplasma (VILELA *et al.*, 2008). A análise conjunta dos dados, proposta por GOWER (1971), permite analisar concomitantemente um conjunto de variáveis gerando resultados consistentes e maiores informações sobre a variabilidade genética existente em bancos de germoplasma (QUINTAL *et al.*, 2012).

Técnicas multivariadas têm sido utilizadas para a quantificação da diversidade genética no feijão comum, como trabalho realizado por LEITE *et al.* (2019) em estudo da diversidade genética em cultivares e linhagens de feijão comum utilizando análises multivariadas; SANTOS *et al.* (2019) estimando a divergência genética entre genótipos de feijão comum na região centro-sul do estado de Mato Grosso; OLIVEIRA *et al.* (2021) avaliando a diversidade morfoagronômica e molecular de 22 linhagens recombinantes e seus genitores de feijão comum no Espírito Santo; e KLÄSENER *et al.* (2022) em pesquisa estimando divergência genética e seleção de cultivares de feijão de diferentes tipos de grãos baseada em características físicas em Santa Maria-RS.

De acordo com BURLE e OLIVEIRA (2010), a caracterização é uma atividade essencial no manejo das coleções de germoplasma, e consiste em tomar dados para descrever, identificar e diferenciar acessos de uma mesma espécie, fornecendo informações úteis para a conservação e o uso dos recursos genéticos. Com isso, a variabilidade genética encontrada em coleções de germoplasma de feijão comum deve ser caracterizada para identificar e recomendar os acessos mais promissores para programas de melhoramento genético da cultura, além disso, o uso racional destes acessos promove o desenvolvimento e a segurança alimentar.

Pesquisas realizadas em coleções de germoplasmas de feijão comum foram desenvolvidas por SCHMITZ *et al.* (2020), caracterizando nove acessos de feijão comum através de caracteres qualitativos e quantitativos e qualidade tecnológica de grãos da coleção de germoplasma do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul, no município de Ibirubá-RS; RODRIGUES *et al.* (2021) estimaram a caracterização morfoagronômica de 58 genótipos de feijão comum pertencentes à coleção de germoplasma da Universidade do Estado de Mato Grosso, em Cáceres-MT; e SIEGA *et al.* (2022) estudaram a formação de um banco ativo de germoplasma com sementes de feijão comum cultivadas e mantidas por pequenos agricultores no oeste de Santa Catarina e noroeste do Rio Grande do Sul.

O estudo e a exploração da diversidade genética encontrada nas coleções de germoplasma de feijão comum tem como finalidade identificar e indicar materiais promissores

para programas de melhoramento genético. Esta prática viabiliza a conservação dos recursos genéticos nos sistemas agropecuários por meio de seu uso social e da geração e divulgação do conhecimento da cultura. Além disso, traz como benefício do desenvolvimento sustentável da produção de feijão e da segurança alimentar, pois a cultura oferece proteína vegetal de baixo custo.

### **1.1 Objetivo geral**

Indicar os acessos de feijão comum com maior potencial para uso em programas de melhoramento genético considerando a análise conjunta das características morfológicas e morfoagronômicas, pertencentes à coleção de germoplasma do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia da Universidade do Estado de Mato Grosso.

### **1.2 Objetivos específicos**

Analisar a variabilidade genética em acessos de feijão comum utilizando marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*);

Analisar a diversidade morfológica qualitativa entre os acessos de feijão comum;

Avaliar o desempenho agronômico e a divergência genética dos acessos de feijão comum através de características morfoagronômicas;

Estimar a diversidade genética dos acessos de feijão comum com base na análise conjunta da caracterização morfoagronômica e molecular.

## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Origem e domesticação do feijão comum

As pesquisas sobre as origens e evolução do feijão comum são usadas para destacar a estrutura e organização de sua diversidade genética, além disso, o papel das forças evolutivas têm moldado essa diversidade ao longo do tempo (BITOCCHI *et al.*, 2012). Através de diversas análises descobriu-se que a cultura é considerada uma espécie não cêntrica, ou seja, de origem múltipla e com centros de domesticação independentes (VIEIRA *et al.*, 2005).

De acordo com VAVILOV (1931) a origem evolutiva do gênero *Phaseolus* e sua diversificação primária ocorreram nas Américas. Restos milenares de feijão comum foram descritos em outras partes da América Latina, mas nunca em outro continente (DINIZ, 2012). A distribuição do feijão comum silvestre compreende uma grande área geográfica, em geral, dois grandes pools gênicos são reconhecidos: o Mesoamericano, que inclui populações no México, América Central e Colômbia, e o Andino, que abrange populações no sul do Peru, Bolívia e norte da Argentina (TORO *et al.*, 1990; DEBOUCK *et al.*, 1993).

Esses dois pools gênicos foram reconhecidos em vários estudos baseados na morfologia (SINGH *et al.*, 1991a; DURÁN *et al.*, 2005), características agrônômicas (SINGH *et al.*, 1991b), isoenzimas (SINGH *et al.*, 1991a), constituição proteica de sementes (GEPTS e BLISS, 1986), marcadores moleculares e sequenciamento (ANGIOI *et al.*, 2009; CORTÉS *et al.*, 2011; BITOCCHI *et al.*, 2013; SCHMUTZ *et al.*, 2014).

Ambos deram a indicação geral da ocorrência de pelo menos dois eventos de domesticação independentes nos dois hemisférios, que se divergiram de uma população ancestral comum há aproximadamente 165 mil anos atrás, continuando com a domesticação independente (SCHMUTZ *et al.*, 2014; KUZAY *et al.*, 2020). É possível que tenha iniciado somente após a formação destes dois pools gênicos, e esta mesma estrutura genética pode ser vista tanto nas formas silvestres como domesticadas (SCHMUTZ *et al.*, 2014).

Os dois pools gênicos foram divididos em seis raças ecológicas: Mesoamérica, Durango e Jalisco (pool Mesoamericano) e Nuestra Granada, Chile e Peru (pool Andino). Estas raças representam os exemplares silvestres de feijão e as diversas formas cultivadas que se desenvolveram em consequência da domesticação. A determinação destas raças foi baseada em análise do DNA, hábito de crescimento, tipo de semente, dentre outras características (SINGH *et al.*, 1991a).

O feijão Andino é comumente conhecido pelo tamanho das sementes que podem ser médias (peso de 100 sementes entre 25 e 40 g) e grandes (peso de 100 sementes > 40 g), enquanto o feijão Mesoamericano em sua grande maioria possui sementes menores (peso de 100 sementes ≤ 25 g) (SINGH *et al.*, 1991a). Além disso, GEPTS *et al.* (1986) e SINGH *et al.* (1991c) afirmaram que as cultivares ou variedades do grupo mesoamericano possuem

padrões de faseolina dos tipos Sanilac (S) e Boyacá (B), enquanto as andinas possuem Tendergreen (T), Contender, (C) e Huevo de Huanchaco (H) tipos de faseolina.

Algumas dessas raças foram dispersas para outros continentes ou regiões, incluindo o Brasil, onde a produção de feijão é a mais importante fora dos centros de domesticação que dentro destes (GEPTS, 2005). No país, são comuns cultivares de sementes pequenas e faseolina do tipo "S", como os feijões Carioca, Enxofre, Rosinha e outros, e também feijões graúdos com faseolina do tipo "T", como as cultivares Manteigão Fosco, Jalo e outros (VASCONCELOS, 1995).

Feijões de ambos os pools gênicos podem ser encontrados no Brasil, decorrente a múltiplas introduções de germoplasma mesoamericano em períodos anteriores ou sucessivos à descoberta das Américas (GEPTS *et al.*, 1988). Uma situação particular surgiu no Brasil, embora o país esteja mais próximo dos Andes do que da Mesoamérica, inesperadamente é o feijão mesoamericano que é mais cultivado, o que pode ser justificado na semelhança das condições climáticas (BURLE *et al.*, 2010).

## 2.2 Aspectos botânicos do feijão comum

O feijão comum é classificado botanicamente como sendo pertencente a ordem Fabales, família Fabaceae, sub-família Faboideae (TROPICOS, 2022). O gênero *Phaseolus* compreende cerca de 70 espécies, das quais apenas cinco foram domesticadas em ambientes ecogeográficos contrastantes: *P. vulgaris* L., *P. lunatus*, *P. coccineus*, *P. dumosus* (anteriormente *P. polyanthus*) e *P. acutifolius* (DELGADO-SALINAS *et al.*, 2006; BITOCCHI *et al.*, 2017).

Dentre essas espécies o feijão comum é a mais cultivada e consumida, sendo diploide com  $2n = 22$  cromossomos, planta anual, herbácea e com mecanismo fotossintético C3 (CARBONELL *et al.*, 2021). O sistema radicular é constituído por uma raiz primária e de raízes basais e adventícias, onde a raiz primária do feijão comum tem gravitropismo positivo e cresce normalmente em linha reta descendente, atingindo aproximadamente 20 cm de comprimento, com maior parte localizada nos 10 cm superficiais do solo (LEON, 1968; VIEIRA, 1967; LYNCH e BROWN, 2001; BASU *et al.*, 2007).

O caule é anguloso e com pelos simples, de onde são emitidos os ramos laterais (CASTELLANE *et al.*, 1988). As folhas são pecioladas, trifolioladas, alternadas, exceto as primeiras que são simples e opostas. Nas folhas trifolioladas o folíolo central ou terminal é simétrico e acuminado e os folíolos laterais são assimétricos e acuminados (LEON, 1968; VIEIRA, 1967).

O porte da planta pode ser ereto, quando o caule possui posição vertical e o ângulo formado com os ramos é inferior a 90°; semiereto, o caule mantém a posição vertical, porém o ângulo ultrapassa os 90°; e prostrado, o caule apresenta-se inclinado, tendendo a prostrar-

se sobre o solo, e o ângulo formado pelo caule e os ramos atinge aproximadamente 120° (SILVA, 2005).

O hábito de crescimento é classificado como determinado ou indeterminado, definidos pela existência do meristema terminal do caule principal do feijão comum, e ser reprodutivo ou vegetativo, respectivamente. O desenvolvimento da planta a partir do hábito de crescimento, pode apresentar portes tipo I (determinado, ereto e arbustivo), II (indeterminado, ereto e arbustivo-trepador), III (indeterminado, semitrepador ou semiprostrado) e IV (indeterminado, trepador ou volúvel) (CARBONELL *et al.*, 2021).

A inflorescência é um racimo que pode ser axilar ou terminal (SILVA, 2005), sendo a flor é do tipo papilionácea, apresenta cálice gamossépalo e campanulado, e corola composta por cinco pétalas. A disposição de seus órgãos reprodutores favorece a autofecundação, a polinização ocorre no momento ou pouco antes da antese, o que caracteriza a cleistogamia na espécie (SANTOS e GAVILANES, 1998). A coloração da flor pode ser branca, rosa ou violeta, uniforme para toda a corola ou desuniforme, apresentando estandarte e asas com diferente coloração ou intensidade de cor (SILVA, 2005).

Devido à sua estrutura floral, o feijão comum é classificado como autógama (BORÉM *et al.*, 2006). A taxa de fecundação cruzada é de aproximadamente 3%, e dependendo de fatores, como umidade ambiental, temperatura, distância de semeadura entre as cultivares, coincidência e duração do período de florescimento, atividade de insetos polinizadores e tamanho de flor, pode atingir valores mais elevados (MARQUES JÚNIOR e RAMALHO, 1995).

O fruto é um legume, denominado de vagem, a polpa é espessa e formato afilado dentro do qual se desenvolvem as sementes (FILGUEIRA, 2003). As vagens podem ser de forma cilíndrica ou achatada, curta ou comprida, reta ou ligeiramente curva, com a cor variando entre verde ou amarelo-palha, uniformes ou com manchas vermelhas, violáceas ou roxas, com diferenças de coloração em função do estágio de desenvolvimento da planta. Podendo ser deiscentes ou não, determinadas pela presença de fibras nas suturas e nas capas pergaminhosas, aderidas à superfície interna das valvas (CARBONELL *et al.*, 2021).

A semente do feijão comum é exalbuminosa, ou seja, sem albume. O tegumento das sementes apresenta ampla diversidade de cores, variando do preto ao branco, bege, amarelo, marrom, vermelho, róseo, podendo ter coloração uniforme ou apresentar estrias, manchas ou pontuações; ser opaco, brilhoso ou de brilho intermediário; com presença ou ausência de halo (DEBOUCK, 1991; SANTOS e GAVILANES, 1998; SILVA, 2005).

O ciclo vegetativo do feijão comum é dividido em fase vegetativa e reprodutiva, onde a fase vegetativa é constituída pelas etapas: V0 - germinação, V1 - emergência, V2 - folhas primárias, V3 - primeira folha trifoliolada e V4 - terceira folha trifoliolada, e a reprodutiva pelas etapas: R5 - pré-floração, R6 - floração, R7 - formação das vagens, R8 - enchimento das vagens e R9 - maturação (LAING *et al.*, 1984; FERNÁNDEZ *et al.*, 1985). Dependendo da

cultivar utilizada o ciclo pode variar de 60 a 120 dias, e nesse período a planta deve ser abastecida de água e nutrientes (AIDAR e KLUTHCOUSKI, 2009; TEIXEIRA, 2014).

A cultura apresenta o mais alto nível de variação quanto as características das sementes, no mercado essa diversidade é bem evidente, podendo ser observados feijões dos tipos Preto, Carioca, Mulatinho, Rosinha, Manteigão entre outros (CHAVES e BASSINELLO, 2014). Além disso, as características visuais de qualidade, cor e granulometria definem a escolha do consumidor (SILOCHI *et al.*, 2021).

### **2.3 Importância econômica do feijão comum**

O feijão comum é uma das principais culturas produzidas no mundo e no Brasil, sua importância extrapola o aspecto econômico, por sua relevância enquanto fator de segurança alimentar e nutricional em diversos países, ocupando posição de destaque no cenário agrícola nacional, sendo cultivada em diversos sistemas produtivos (BARBOSA *et al.*, 2018).

Produzido em mais de 100 países, o cultivo dessa leguminosa abrange a área total de 35,9 milhões de hectares. A produção mundial estimada no ano de 2021 foi de 27,7 milhões de toneladas de grãos de feijão, com produtividade estimada em 7.716 kg ha<sup>-1</sup>. Dentre os países que mais produziram feijão no mundo, destacam-se a Índia, Brasil e Myanmar (FAO, 2021).

De acordo com estimativa de produção mundial da FAO (2021), a Índia foi o país que mais produziu feijão com aproximadamente 6,12 milhões de toneladas, colhidos em 14,64 milhões de hectares. Em seguida está o Brasil com produção de 2,89 milhões de toneladas, colhidos em 2,61 milhões de hectares, e Myanmar em terceiro lugar, com aproximadamente 2,48 milhões de toneladas de grãos colhidos em 2,67 milhões de hectares. Entretanto, o Brasil apresentou a maior produtividade com 1.109 kg ha<sup>-1</sup>, seguido de Myanmar com 929 kg ha<sup>-1</sup>, e a Índia foi de 417 kg ha<sup>-1</sup>.

Devido à plasticidade da cultura por se adaptar a diferentes condições climáticas e tipos de solo, e as diversas cultivares disponíveis no mercado permite que a produção do feijão no Brasil ocorre durante todo o ano (CONAB, 2019). O cultivo de feijão concentra-se em três épocas ou safras distintas: “águas” ou primeira época, “seca” ou segunda época e “outono-inverno” ou terceira época. Para o estado de Mato Grosso essas épocas são divididas em outubro-novembro, fevereiro-março e maio-junho, respectivamente (BARBOSA e GONZAGA, 2012).

Na safra 2021/2022 a produção nacional atingiu 3.027 mil toneladas, cultivado em 2.930,1 mil hectares, esse total engloba os feijões preto, cores e caupi. Aproximadamente 42,4% da produção brasileira de feijão é de segunda safra, nas safras “das águas”, “da seca” e “de inverno” apresentaram produtividade média de 1.030 kg ha<sup>-1</sup>, 881 kg ha<sup>-1</sup> e 1.426 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente (CONAB, 2022).

No Brasil, as maiores produções de feijão comum (cores e preto) são dos estados do Paraná, Minas Gerais e Mato Grosso, com produção de 556,5 mil toneladas, 503,7 mil toneladas e 192,9 mil toneladas, respectivamente. Mesmo o estado do Paraná apresentando a maior produção, a maior produtividade foi do estado de Minas Gerais com 2.108 kg ha<sup>-1</sup>, na sequência está Mato Grosso com 1.648 kg ha<sup>-1</sup> e Paraná com 1.377 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2022).

O cultivo do feijão em Mato Grosso está distribuído ao longo do ano nas três safras (águas, seca e inverno), em nenhuma das safras o estado produziu grãos de feijão preto, apenas feijão cores. A maior área plantada foi na terceira safra, cultivado em 67,9 mil hectares com produção de 153,2 mil toneladas (CONAB, 2022).

A preferência pelos consumidores dos diferentes tipos de feijão varia de acordo com as regiões do Brasil, nas regiões sul e sudeste do país os consumidores preferem o feijão preto (KLÄSENER *et al.*, 2020). Nas demais regiões a preferência é pelo de cores, predominando o carioca, tipo mais produzido no país, cultivado somente para o mercado interno, pois não há demanda do mercado internacional. Em Mato Grosso, o favoritismo é do tipo carioca (93%), o feijão preto e outros somam 6% e 0,3% respectivamente (FERREIRA e FIGUEIREDO, 2021).

A cultura tem o maior consumo direto como parte da dieta humana, e o valor nutricional intrínseco ao grão e os potenciais benefícios para a saúde definem a relevância que está leguminosa tem, como fonte de proteínas, hidratos de carbono, fibras, vitaminas e minerais (BROUGHTON *et al.*, 2003). De acordo com BELLUCCI *et al.* (2014) estudos indicam um crescimento populacional contínuo e, portanto, espera-se que o consumo de feijão continue a aumentar nos próximos anos.

#### **2.4 Caracterização morfológica, agrônômica e molecular do feijão comum**

O feijão comum apresenta grande variabilidade genética, principalmente para características morfológicas, que vão desde o hábito de crescimento até ao tamanho das folhas, flores, vagens, e tamanho, cor e forma das sementes (SINGH *et al.*, 1991b; PEREIRA *et al.*, 2019). A caracterização morfológica em sua amplitude fornece uma série de informações a respeito da variabilidade genética de cada genótipo estudado. Esses dados auxiliam na caracterização de germoplasma, possibilitando grandes avanços na descrição da divergência genética entre acessos (SINGH, 2001).

Os estudos de diversidade genética são de grande importância para os programas de melhoramento, pois fornecem informações valiosas para a efetiva conservação e aplicação do germoplasma disponível (CHENG *et al.*, 2016). Tais estudos facilitam o entendimento das relações genéticas entre acessos, identificação de redundâncias e misturas no germoplasma, e determinação de pares de genitores com distância genética adequada (DELFINI *et al.*, 2021).

Esses estudos sobre a diversidade genética nas coleções de germoplasma podem ser realizados também a partir de caracteres agronômicos de natureza qualitativa ou quantitativa (SILVEIRA *et al.*, 2019). Os descritores morfoagronômicos, são ferramenta de extrema importância e aplicabilidade para a maioria das espécies vegetais, além de não exigir laboratórios especializados de alto custo. A obtenção e a caracterização morfoagronômica de genótipos com elevada capacidade de produção, portadores de características agronômicas superiores e aptos a substituírem as cultivares tradicionais, são meios utilizados para aumentar o rendimento da cultura (FUKUDA, 1999).

A diversidade genética pode ser analisada através de técnicas multivariadas, que permitem avaliar um conjunto de variáveis aleatórias relacionadas entre si, onde cada uma possui o mesmo grau de importância, fornecendo coeficientes de distância genética entre os genótipos. Quanto maior a distância genética entre dois genótipos, maiores são as chances de combinações promissoras (CHIORATO, 2004; TOQUICA *et al.*, 2003).

Além disso, a análise conjunta dessas variáveis quantitativas e qualitativas são potencialmente um indicador mais completo da variabilidade existente nos bancos de germoplasma (GONÇALVES *et al.*, 2008). Esse método possibilita a análise simultânea desses dados por meio de um algoritmo que estima a similaridade entre dois indivíduos utilizando dados com distribuições contínuas e discretas (GOWER, 1971).

Essa variabilidade genética de caracteres morfológicos e agronômicos, entre e dentro de agrupamentos de acessos do banco de germoplasma de feijão tem sido foco de diversos estudos. Diversos trabalhos têm demonstrado diversidade quanto ao ciclo, hábito de crescimento, cor e forma do grão, produtividade, resistência a doenças, entre outros caracteres, como GUIDOTI *et al.* (2018), SILVEIRA *et al.* (2019), SILVA *et al.* (2020) e RODRIGUES *et al.* (2021).

Diversos métodos de análise molecular ao nível de DNA (ácido desoxirribonucleico) também têm sido utilizados em estudos de variabilidade em plantas no intuito de identificar e determinar relações ao nível de espécies e cultivares (ALMEIDA *et al.*, 2009). Na caracterização do germoplasma, um grande destaque vem sendo dado aos marcadores moleculares os quais permitem acessar uma ampla cobertura genômica, não dependem de condições ambientais e são extremamente úteis para estudos de genética populacional (SALLA *et al.*, 2002).

Os marcadores moleculares são divididos em três categorias principais: (I) baseados em hibridização, de baixo rendimento, como o Polimorfismo no Comprimento de Fragmento de Restrição (RFLPs - *Restriction Fragment Length Polymorphisms*); os baseados em PCR (Reação em cadeia da Polimerase - *Polymerase Chain Reaction*) de médio rendimento, que englobam à Amplificação Aleatória de DNA Polimórfico (RAPD - *Random Amplified Polymorphic*), Polimorfismo de Comprimento de Fragmento Amplificado (AFLP - *Amplified Fragment Length Polymorphism*), Repetições de Sequência Simples (SSR - *Single Sequence*

*Repeats*) e por fim, marcadores baseados em sequenciamento como o Polimorfismo de Nucleotídeo Simples (SNP - *Single Nucleotide Polymorphisms*) (BERNARDO, 2008; TURCHETTO-ZOLET *et al.*, 2017).

Embora vários tipos de marcadores tenham sido usados nas últimas décadas para estudos genéticos, os marcadores moleculares baseados em repetições de microssatélites ou SSR têm sido usados com frequência em feijão comum por causa de sua distribuição abundante e bastante uniforme no genoma, sua herança codominante, seus altos níveis de polimorfismo e reprodutibilidade, e sua simplicidade de análise e comparação entre estudos e conjuntos de germoplasma (GIOIA *et al.*, 2019).

Entre as aplicações desses marcadores, está, estimar as distâncias genéticas entre indivíduos de uma mesma população e de populações diferentes e, a partir da matriz de distâncias, analisar a dispersão dos indivíduos, identificando a formação de grupos e a estrutura da população. Marcadores moleculares podem fornecer uma quantidade muito grande de informações a respeito da variabilidade e grau de relação genética, tanto em populações naturais como em espécies sob cultivo (CAVALLI, 2003).

Os marcadores SSR têm sido confirmados como uma ferramenta genética eficiente para avaliar a diversidade genética e a estrutura da subpopulação em coleções de germoplasma de feijão comum, conforme trabalhos realizados por GIOIA *et al.* (2019), ŠAJGALÍK *et al.* (2019), MIR *et al.* (2021) e OLIVEIRA *et al.* (2021).

### 3 MATERIAIS E MÉTODOS

#### 3.1 Material vegetal

Foram avaliados 143 acessos de feijão comum pertencentes à coleção de germoplasma do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia (LRG&B), da Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado” (UNEMAT), Campus de Cáceres-MT em duas etapas, análise em laboratório e à campo (Tabela 1).

**Tabela 1** - Identificação dos acessos de feijão comum.

Nº	Nome comum	<sup>1</sup> Pool gênico	<sup>2</sup> Pop	Nº	Nome comum	<sup>1</sup> Pool gênico	<sup>2</sup> Pop
1	Miranda 72 - peruano	M	AC	25	Carioca pé curto	M	MT
2	Miranda 65	A	AC	26	Carioca	A	MT
3	Miranda 65 - peruano	A	AC	27	Carioca	A	MT
4	Bolinha	A	AC	28	Rosinha	M	MT
5	Jalinho amarelo claro	M	PA	29	Carioca	A	MT
6	Rosinha pé curto	A	AC	30	Carioca	A	MT
7	Paco mineiro	A	AC	31	Rosado	M	MT
8	Carioca (mistura varietal)	A	AC	32	Manteiguinha	M	MT
9	Pardo (mistura varietal)	A	AC	33	Preto pinheirinho	M	MT
10	Rosinha	M	AC	34	Rosinha	M	MT
11	Bico de ouro	A	AC	35	Preto caeté	M	MT
12	Peruano	M	AC	36	Tibagi	M	MT
13	Rosinha	M	AC	37	Bico de ouro	A	MT
14	Mulatinho	M	AC	38	Carioca	A	MT
15	Mulatinho	A	AC	39	Paquinha	M	MT
16	Peruano	A	AC	40	Carioca	M	MT
17	Jalinho	A	PA	41	Rosado	M	MT
18	Carioca	A	MT	42	Paquinha	M	MT
19	Rosinha	M	MT	43	Paquinha	M	MT
20	Rosinha cipó	M	MT	44	Carioca	A	MT
21	Carioca	A	MT	45	Rosinha	M	MT
22	Rosinha	M	MT	46	Roxinho mineiro	M	MT
23	Rosinha	M	MT	47	Rosinha de 1984	M	MT
24	Carioca	A	MT	48	Preto	M	TO

Continua...

Tabela 1 - Continuação.

N°	Nome comum	<sup>1</sup> Pool gênico	<sup>2</sup> Pop	N°	Nome comum	<sup>1</sup> Pool gênico	<sup>2</sup> Pop
49	Branquinho 60 dias	M	TO	82	UNEMAT-46	M	MT
50	Santa Helena	M	TO	83	UNEMAT-72	M	MT
51	Enxofre	M	TO	84	UNEMAT-55	M	MT
52	Gurgutuba vermelho	A	AM	85	UNEMAT-16	M	MT
53	Enxofre	A	AM	86	UNEMAT-60	M	MT
54	Feijão Ashaninka	M	AC	87	UNEMAT-58	M	MT
55	Branco - MT	M	MT	88	UNEMAT-07	A	MT
56	UNEMAT-18	M	MT	89	UNEMAT-13	M	MT
57	UNEMAT-28	M	MT	90	UNEMAT-20	M	MT
58	UNEMAT-11	A	MT	91	UNEMAT-21	M	MT
59	UNEMAT-27	M	MT	92	Pérola	M	GO
60	UNEMAT-22	M	MT	93	IPR Uirapuru	M	PR
61	UNEMAT-40	M	MT	94	CNFP 10104	M	GO
62	UNEMAT-17	M	MT	95	C 4-7-7-2-2	M	SP
63	UNEMAT-32	M	MT	96	C 4-7-8-1-2	M	SP
64	UNEMAT-04	M	MT	97	CHC 98-42	M	SC
65	UNEMAT-30	M	MT	98	CHP 01-238	M	SC
66	UNEMAT-03	M	MT	99	CNFC 10762	M	GO
67	UNEMAT-06	M	MT	100	CNFP 10794	M	GO
68	UNEMAT-29	M	MT	101	FT 08-75	M	PR
69	UNEMAT-35	M	MT	102	LEC 01-11	M	PR
70	UNEMAT-42	M	MT	103	LEP 02-11	M	PR
71	UNEMAT-23	M	MT	104	LP 09-192	M	PR
72	UNEMAT-26	M	MT	105	LP 09-40	M	PR
73	UNEMAT-31	M	MT	106	TB 02-23	M	RS
74	UNEMAT-37	M	MT	107	TB 03-13	A	RS
75	UNEMAT-38	A	MT	108	Rosinha opaco	M	MS
76	UNEMAT-75	M	MT	109	Rosinha A	M	MS
77	UNEMAT-01	M	MT	110	Roxinho A	M	MS
78	UNEMAT-56	M	MT	111	Carioquinha limpo	M	MS
79	UNEMAT-50	M	MT	112	Rosado	M	MS
80	UNEMAT-49	M	MT	113	Roxinho B	M	MS
81	UNEMAT-45	M	MT	114	Mulatão lustroso	M	MS

Continua...

Tabela 1 - Continuação.

N°	Nome comum	<sup>1</sup> Pool gênico	<sup>2</sup> Pop	N°	Nome comum	<sup>1</sup> Pool gênico	<sup>2</sup> Pop
115	Bico de ouro A	M	MS	130	Carioca com cipó	M	MS
116	Mulatinho vagem roxa A	M	MS	131	Bolinha	A	MS
117	Carioca vagem rosada	A	MS	132	Mulatinho vagem roxa B	M	MS
118	Jalo	A	MS	133	Rosinha B	M	MS
119	Manteiguinha	A	MS	134	Roxinho mineiro	M	MS
120	Uberabinha preto	M	MS	135	Preto guamirim	M	MS
121	Manteiguinha de cipó	A	MS	136	Manteigão	A	MS
122	Carioca novo	M	MS	137	Rosinha C	M	MS
123	Jalo sem cipó	A	MS	138	Rosinha guaicurus	M	MS
124	Carioca sem cipó	M	MS	139	Cara suja	M	MS
125	Bodequena	A	MS	140	Manteiga	A	MS
126	Chita bonita	A	MS	141	Bico de ouro B	M	MS
127	Rosinha sem cipó	M	MS	142	Rosinha D	A	MS
128	Manteiga sem cipó	A	MS	143	BRS FC104	M	GO
129	Manteiga com cipó	A	MS				

<sup>1</sup>A: Andino e M: Mesoamericano. <sup>2</sup>População = AC: Acre, AM: Amazonas, GO: Goiás, MS: Mato Grosso do Sul, MT: Mato Grosso, PA: Pará, PR: Paraná, RS: Rio Grande do Sul, SC: Santa Catarina, SP: São Paulo e TO: Tocantins.

### 3.2 Instalação e condução do experimento em laboratório

#### 3.2.1 Coleta das amostras e extração do DNA

Os 143 acessos foram semeados em bandejas com substrato comercial na casa de vegetação pertencente ao LRG&B, nas coordenadas "16°04'36" sul e 57°39'09,3" oeste. As plantas foram irrigadas diariamente, e ao atingirem o estágio V2 o primeiro trifólio os mesmos foram coletados em microtubos de 2 ml identificados. As amostras de material vegetal coletadas foram conduzidas até o LRG&B (16°05'08,2" sul e 57°39'00,3" oeste) e acondicionados no ultrafreezer a -80 °C.

A extração do DNA foi de acordo com o kit Wizard® Genomic DNA Purification Promega, seguindo as recomendações do fabricante. Para início do processo os microtubos com os trifólios de feijão comum foram retirados do ultrafreezer e adicionado duas beats em

cada. Foi acrescentado 600  $\mu\text{L}$  de “*Nucleilysis Solucion*” em cada microtubo e posteriormente levado ao tissuelyser por 15 minutos para a maceração.

Finalizado o tempo de maceração retirou-se as beats de cada microtubo e estes foram incubados em banho-maria a 65 °C por 15 minutos. Em seguida, adicionou três  $\mu\text{L}$  de RNase em cada microtubo, e os mesmos foram vertidos delicadamente por cinco vezes e incubados novamente em banho-maria a 37 °C, por 15 minutos.

Posteriormente deixou-se esfriar por cinco minutos em temperatura ambiente, e adicionados 200  $\mu\text{L}$  de “*Protein Precipitation Solution*” nos microtubos e levados ao vórtex em alta velocidade por 20 segundos. Em seguida, colocou-se os microtubos na centrífuga a 14.000 rpm com temperatura de -4 °C por cinco minutos e o sobrenadante foi transferido para novo microtubo de 1,5 ml, com 600  $\mu\text{L}$  de isopropanol em temperatura ambiente, onde a solução foi misturada por inversão.

Os microtubos foram ainda centrifugados a 14.000 rpm com temperatura de 22 °C por cinco minutos, o sobrenadante foi descartado e no precipitado foi adicionado 600  $\mu\text{L}$  de etanol 70% em temperatura ambiente. Posteriormente os microtubos foram novamente centrifugados por 14.000 rpm por três minutos. O sobrenadante foi retirado por decantação, deixando apenas o pellet aderido à parede do microtubo, e para secagem do precipitado os microtubos foram colocados vertidos sobre papel absorvente por 15 minutos.

Os DNAs precipitados foram ressuspensos com água ultrapura autoclavada e colocados na geladeira em *overnight* para serem utilizados posteriormente, foram extraídos os DNAs de todos os acessos de feijão. A qualidade do DNA foi analisada por meio de eletroforese em gel de agarose a 1,0%, corados com Gel Red e Blue Juice 6X tendo como solução tampão de corrida o Tris borato EDTA a 1,0%, corrido por uma hora à 60 Volts.

### **3.2.2 Amplificação e revelação dos amplicons**

Na amplificação, foram utilizados 25 primers para os loci SSR (Tabela 2), para representar a variabilidade genética dos acessos de feijão comum. As amostras de DNAs utilizadas na PCR foram diluídas para a concentração de 10  $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$  utilizando-se água ultrapura autoclavada como diluente.

O mix de PCR foi preparado conforme quantidade e concentração a seguir: 2  $\mu\text{L}$  de DNA (10  $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ ); 0,5  $\mu\text{L}$  do mix de desoxirribonucleotídeos (dATP, dCTP, dGTP e dTTP) (10 mM); 1,25  $\mu\text{L}$  de cada primer (forward e reverse) (10  $\mu\text{M}$ ); 5  $\mu\text{L}$  de buffer (5X) contendo magnésio (7,5 mM); 0,2  $\mu\text{L}$  taq polimerase (5U) e 14,8  $\mu\text{L}$  de água ultrapura autoclavada, totalizando um volume final de reação de 25  $\mu\text{L}$ .

**Tabela 2** - Descrição dos marcadores moleculares SSR utilizados na identificação da variabilidade genética dos acessos de feijão comum.

N°	Locus	Tipo de repetição	Sequencia 5' a 3' do primer	RA (pb) <sup>1</sup>	TA (°C) <sup>2</sup>
1	PV-cct001	(CCT) <sub>7</sub>	F: CCAACCACATTCTTCCCTACGTC R: GCGAGGCAGTTATCTTTAGGAGTG	149	56,9
2	PV-at006	(AT) <sub>5</sub>	F: CCGTTGCCTGTATTTCCCCAT R: CGTGTGAAGTCATCTGGAGTGGTC	132	52,4
3	BM143	(GA) <sub>35</sub>	F: GGGAAATGAACAGAGGAA A R: ATGTTGGGAACCTTTTAGTGTG	143	54,5
4	BM158	(CT) <sub>22</sub>	F: CCGAGCACCGTAACTGAATGC R: CGCTCGCTTACTCACTGTACGC	130	57,5
5	BM170	(CT) <sub>5</sub> CCTT(CT) <sub>12</sub>	F: AGCCAGGTGCAAGACCTTAG R: AGATAGGGAGCTGGTGGTAGC	179	52,1
6	BM184	(AC) <sub>11</sub>	F: AGTGCTCTATCAAGATGTGTG R: ACATAATCAATGGGTCCTG	160	50,5
7	BM187	(CT) <sub>10</sub> T(CT) <sub>14</sub>	F: TTTCTCCAACCTCACTCCTTTCC R: TGTGTTTGTGTTCCGAATTATGA	191	48,1
8	PV-BR25	(CT) <sub>23</sub>	F: GAGCTTCTCCGTCCTGTGT R: CGAACTGAATCAGAAAGGAA	158	50,5
9	PV-BR35	(TC) <sub>10</sub>	F: TCTACGCGTTCCCTCTGTCT R: AGTGGATGTGTGGGAAAAGC	214	52,1
10	PV-BR60	(CT) <sub>9</sub>	F: CTTAACAACCCCTCCGACAA R: AGTGTGAAAACCGCCCTCT	171	50,2
11	PV-BR112	(TC) <sub>13</sub>	F: AACAACACCACCCTGGAGAC R: ACAAAAAGCGAGGAATCACG	183	48,1
12	PV-BR167	(AT) <sub>7</sub> (AG) <sub>9</sub>	F: GGCAAAAACAAAACCATTTC R: GCCATTTCTCCACTGTCTGG	158	43,8
13	PV-BR185	(TC) <sub>11</sub>	F: TGGTAAAGCAAA ACGATGG R: GACAGAAGAGTGAGGGTGTGAA	153	50,5
14	SSR-IAC10	(GA) <sub>12</sub> (AG) <sub>6</sub>	F: AGGAACTAAAAGCCGAACCTGG R: GCCTCCGCGGATCAACACTA	290	50,5
15	SSR-IAC14	(GT) <sub>7</sub>	F: GCTGCATGTTTATCCACCTT R: TTGTTACTCACCCACCATAC	221	48,1
16	SSR-IAC24	(AC) <sub>7</sub> (AT) <sub>6</sub>	F: TTGGGAAAATTATAGAGAACA R: AGCCACTGACCCTTACAT	165	43,8
17	SSR-IAC62	(AG) <sub>14</sub>	F: AACCCGTGAATCTTTGAGG R: ATTGATGGTGGATTTTGAA	211	49,5
18	SSR-IAC74	(CA) <sub>9</sub> (TA) <sub>7</sub>	F: GGAATCGAAGTTTGAAGTGAGG R: AAATGACCAAGCCAAGAATGTT	271	48,1
19	BMd-12	(AGC) <sub>7</sub>	F: CATCAACAAGGACAGCCTCA R: GCAGCTGGCGGGTAAAACAG	167	52,1
20	BMd-20	(TA) <sub>5</sub>	F: GTTGCCACCGGTGATAATCT R: GTGAGGCAAGAAGCCTTCAA	123	55,7
21	BMd-25	(GAT) <sub>6</sub>	F: GCAGATCGCCTACTCACAAA R: CGTTGACGAGAAGCATCAAG	118	55,7
22	BMd-26	(GAT) <sub>6</sub>	F: CTTGCCTTGTGCTTCCTTCT R: TCCATTCCCAACCAAGTTTC	141	53,2
23	BMd-36	(TA) <sub>8</sub>	F: CATAACATCGAAGCCTCACAGT R: ACGTGCCTACGAATACTCAGTC	164	53,0
24	BM152	(GA) <sub>34</sub>	F: CCGGGACTTGCCAGAAGAAC R: AAGAGGAGGTCGAAACCTTAAATCG	127	50,5
25	BM210	(CT) <sub>15</sub>	F: CCCTCATCCTCATTCTTATCG R: ACCACTGCAATCCTCATCTTTG	166	50,5

<sup>1</sup>Região de amplificação, em pares de base (pb); <sup>2</sup>Temperatura de anelamento.

As reações em cadeia da polimerase (PCR) foram conduzidas conforme metodologia de WILLIAMS *et al.* (1990), GAITÁN-SOLÍS *et al.* (2002) e BLAIR *et al.* (2003) com modificações em termociclador Perkin Elmer modelo 9600. Cada ciclo compreendeu em uma etapa de desnaturação inicial a 94 °C por cinco minutos, seguido por 35 ciclos de desnaturação a 94 °C por 30 s, anelamento conforme a temperatura específica do primer (1 ao 18) por 30 s, extensão a 72 °C por 30 s, e uma fase de extensão final a 72 °C por cinco minutos.

Os primers 19 ao 23, consistiu em uma fase de desnaturação inicial a 92 °C por cinco minutos, seguido por 30 ciclos de desnaturação a 92 °C por um minuto, anelamento conforme a temperatura específica do primer por 1 minuto, extensão a 72 °C por dois minutos, e uma fase de extensão final a 72 °C por cinco minutos. E para os primers 24 e 25 consistiu em uma fase de desnaturação inicial a 94 °C por dois minutos, seguido por 35 ciclos de desnaturação a 94 °C por 15 s, anelamento conforme a temperatura específica do primer por 15 s, extensão a 65 °C por 15 s, e uma fase de extensão final a 72 °C por 15 segundos.

Os produtos de amplificação de PCR foram corados com Gel Red e Blue Juice 6X e visualizados em gel de agarose a 3,0%, tendo como solução tampão de corrida o Tris borato EDTA a 1,0%, corrido em cinco horas à 60 Volts. Os géis foram digitalizados em sistema de fotodocumentação Locus Biotecnologia/LPix Image versão 2.7.

Após a fotodocumentação dos géis contendo os fragmentos de DNA amplificados, o tamanho dos fragmentos amplificados foi medido pelo programa LabImage 1D Revisão 1.10 (Locus Biotecnologia), fazendo a comparação entre bandas de DNA com um padrão (Ladder) de 1000 pares de base (pb).

### **3.3 Instalação e condução do experimento à campo**

#### **3.3.1 Caracterização da área experimental**

Dos 143 acessos de feijão comum, apenas 100 acessos tinham sementes suficientes para a avaliação em campo. O experimento foi conduzido na área experimental do LRG&B em Cáceres-MT, situada na latitude 16°05'11,8" sul e 57°38'59,9" oeste, com altitude de 118 metros, o solo foi classificado como Latossolo Vermelho-Amarelo distrófico (SANTOS *et al.*, 2018).

O clima da região é tropical megatérmico subúmido, com temperaturas médias anuais variando de 25°C e 26°C, enquanto as máximas ultrapassam, frequentemente, 35°C durante quase todo o ano. O período seco ocorre geralmente entre os meses de abril-maio a setembro-outubro, e a precipitação média anual é de aproximadamente 104 mm (SANCHES *et al.*, 2020).

### 3.3.2 Delineamento experimental

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados (DBC), com três repetições. Efetuou-se semeadura manual com 10 sementes por metro, em parcelas constituídas de uma linha de 1,5 metros de comprimento, com espaçamento de 0,50 metros entre linhas e 0,10 metros entre as plantas.

### 3.3.3 Tratos culturais

O experimento foi conduzido na safra da “seca” ou “segunda época” compreendida nos meses de fevereiro-março. A abertura de sulcos foi feita com enxada, as sementes foram distribuídas uniformemente a uma profundidade de aproximadamente 3 a 4 cm. A adubação básica foi realizada com base nos resultados da análise do solo, aplicando 200 kg ha<sup>-1</sup> do formulado mineral MAP (11% N e 52% P), 70 kg ha<sup>-1</sup> de KCL e 20 kg ha<sup>-1</sup> de FTE-BR 12 (1,8% B, 0,8% Cu, 2% Mn, 9% Zn e 1% S), e em cobertura, 25 dias após o plantio foram aplicados 30 kg ha<sup>-1</sup> de Uréia (45% de N) (Tabela 3).

**Tabela 3** - Características químicas e físicas do Latossolo vermelho amarelo distrófico da área experimental, coletado na profundidade de 0-20 cm.

Química										
Camada	pH	pH	P	K	Ca+Mg	Ca	Mg	Al	H+Al	M.O
	H <sub>2</sub> O	CaCl <sub>2</sub>	mg dm <sup>-3</sup>		cmol <sub>c</sub> dm <sup>-3</sup>					g dm <sup>-3</sup>
0 - 20	6,0	5,4	1,0	0,1	1,5	0,9	0,6	0,0	1,4	21,0
Física				Complementação						
Camada	Areia	Silte	Argila	S	CTC	V	Al saturado			
	g Kg			cmol <sub>c</sub> dm <sup>-3</sup>			%			
0 - 20	760	60	180	1,6	3,0	53	0,0			

Análise realizada no Núcleo de Laboratórios da Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural (EMPAER).

Os tratos culturais foram de acordo com a necessidade da cultura, incluindo a irrigação suplementar por aspersão quando necessário, e a colheita dos acessos foi realizada no período de maturidade fisiológica no estágio R9, quando 90% das vagens de toda a parcela estavam secas.

### 3.3.4 Características morfoagronômicas avaliadas

As características morfológicas foram avaliadas em uma planta de cada acesso com base nos descritores para feijão comum (GENCHEV e KIRYAKOV, 2005; SILVA, 2005):

1. Coloração de antocianina do hipocótilo (CAH): presença/ausência de coloração (violeta profundo) do hipocótilo - (1) ausente e (9) presente;
2. Coloração verde da folha (CVF): (1) muito clara, (3) clara, (5) médio, (7) escura e (9) muito escura;
3. Rugosidade da folha (RF): (3) fraco, (5) médio e (7) forte;
4. Tamanho da folha (TF): (3) pequeno, (5) médio e 7 grande;
5. Formato da folha (FF): realizado apenas nas últimas folhas totalmente desenvolvidas - (1) triangular, (2) triangular para circular, (3) circular, (4) circular para quadrangular e (5) quadrangular;
6. Forma do ápice terminal (FAT): mensurado pelo alongamento do ápice da folha - (3) curto acuminado, (5) acuminado médio e (7) longo acuminado;
7. Pilosidade na superfície da folha (PS): em folhas terminais recém-abertas, dobrada levemente e usando uma lupa - (1) ausente, (3) fraco, (5) médio, (7) forte e (9) muito forte;
8. Pilosidade no verso da folha (PV): em folhas terminais recém-abertas, dobrada levemente e usando uma lupa - (1) ausente, (3) fraco, (5) médio, (7) forte e (9) muito forte;
9. Cor padrão da flor (CP): a avaliação visual é feita antes do meio-dia - (1) branco, (2) rosa, (3) violeta e (4) verde;
10. Cor das asas da flor (CA): a avaliação visual é feita antes do meio-dia - (1) branco, (2) rosa e (3) violeta;
11. Coloração da última curva da quilha da flor (CQ): (1) verde e (2) branco;
12. Tamanho da bráctea da flor (TB): a avaliação visual é feita antes do meio-dia - (3) pequeno, (5) médio e (7) grande;
13. Hábito de crescimento (HC): (1) arbustivo determinado I, (2) arbustivo indeterminado II, (3) prostrado indeterminado III e (4) trepador indeterminado IV;
14. Porte da planta (PP): (3) ereto, (5) semiereto (7) prostrado;
15. Grau de curvatura da vagem (GCV): grau de curvatura, feito em plena maturidade fisiológica - (1) ausente ou muito leve, (3) leve, (5) médio, (7) forte e (9) muito forte;
16. Curvatura da vagem (CUV): a vagem é côncava quando a curva está na sutura dorsal e convexa vice-versa - (1) côncavo, (2) em forma de S e (3) convexa;
17. Formato da parte distal da vagem (FPD): nota-se a vagem sem o bico está mais distante ou próxima da última semente - (1) agudo, (2) agudo para truncado e (3) truncado;

18. Comprimento do bico da vagem (COB): feito na fase de plena maturidade - (3) curto, (5) médio e (7) longo;
19. Curvatura do bico da vagem (CBV): pode seguir o dorso curva de sutura, ou o contrário, que é mais típico - (1) ausente ou muito fraca, (3) fraca, (5) média, (7) forte e (9) muito forte;
20. Textura da superfície da vagem (TSV): (3) suave, (5) áspero e (7) duro;
21. Cor de fundo da vagem (CFV): feito no final do inchaço da vagem até o início da maturidade fisiológica - (1) amarelo, (2) verde e (3) violeta;
22. Cor secundária da vagem (CSV): observação da presença ou ausência de cor secundária - (1) ausente e (9) presente;
23. Consistência da vagem (COV): a vagem é quebrada manualmente em duas metades e observa-se a presença/ausência de fibrosidade - (1) ausente e (9) presente;
24. Formato da seção transversal da vagem (FSTV): feito em seções transversais antes de inchamento de vagens - (1) elíptico a oval, (2) cordado, (3) circular e (4) em forma de oito;
25. Brilho da semente (BS): (1) brilho muito fraco, (3) fraco, (5) médio, (7) forte e (9) muito forte;
26. Forma de seção longitudinal mediana da semente (FSL): (1) circular, (2) circular para elíptico, (3) elíptica e (4) forma de rim;
27. Forma de seção transversal mediana da semente (FSTS): (1) achatado, (2) elípticas estreitas, (3) elíptica, (4) elíptica larga e (5) circular;
28. Largura na seção transversal da semente (LST): (3) estreito, (5) médio e (7) largo;
29. Número de cores da semente (NCS): (1) um, (2) dois e (3) mais de dois;
30. Cor do anel hilar da semente (CAH): (1) mesma cor da semente e (2) não é a mesma cor da semente;
31. Grupo comercial da semente (GC): cor principal - (1) branco, (2) carioca, (3) jalo, (4) mulatinho, (5) preto, (6) rosinha, (7) roxo e (8) outros; e
32. Ciclo (CIC): em dias, razão entre o número de dias decorridos da semeadura até a colheita - (3) <75 super precoce, (5) 75-85 precoce, (7) 85-95 médio e (9) tardio.

As características morfoagronômicas avaliadas foram de acordo com SANTOS *et al.* (2019), avaliando dez plantas por parcela:

1. Número de dias para o florescimento (NDF): contagem do número de dias desde a emergência até a abertura completa da primeira flor, em 50% das plantas em cada parcela;
2. Ciclo (CIC): razão entre o número de dias da emergência até a época de colheita;
3. Altura média da inserção primeira vagem (AIV): em centímetro, medida com uma régua graduada da base do solo até a inserção da primeira vagem;

4. Altura média das plantas (AP): expressa em centímetro, medida do nível do solo até a extremidade da planta, utilizando uma trena graduada;
5. Comprimento médio longitudinal das vagens (CLV): expresso em centímetro, mensurada com uma régua graduada, de uma extremidade longitudinal a outra da vagem, em uma amostra ao acaso de dez vagens;
6. Número médio de sementes por vagem (NSV): contagem de sementes de uma amostra ao acaso de dez vagens;
7. Número médio de sementes por planta (NSP): média entre o número de sementes produzidas por planta;
8. Massa média 100 sementes (M100): em gramas, pesagem de quatro amostras de 100 sementes de cada parcela, com teor de umidade de 12%; e
9. Produtividade de grãos (PROD): relação entre o peso total dos grãos de cada parcela e o respectivo número de plantas, estimado em kg ha<sup>-1</sup>.

### **3.4 Análises estatísticas**

#### **3.4.1 Análises estatísticas para os marcadores SSR**

##### **3.4.1.1 Diversidade genética**

Os parâmetros da diversidade genética foram calculados pelo programa computacional Power Marker v. 3.25 (LIU e MUSE, 2005), através dos procedimentos descritos a seguir.

##### **a) Número de alelos por loco (Na)**

O número de alelos (Na) corresponde ao número de alelos diferentes em um loco j variando em um intervalo de  $1 < k < n_j$ , conforme TRONCOSO (2017). O número total de alelos é a soma total dos alelos dos n loci estudados na população i, obtido por:

$$Na = \sum n_j$$

##### **b) Heterozigosidade observada (H<sub>o</sub>)**

A quantificação da heterozigose de um determinado loco seguiu os procedimentos propostos por BROWN e WEIR (1983):

$$H_o = 1 - \sum P_{ii}$$

Sendo,  $P_{ii}$  a frequência observada de genótipos homocigotos do alelo  $i$ .

A heterozigosidade média observada foi obtida pela soma dos valores de cada loco dividindo-se pelo número total de locos avaliados.

### c) Heterozigosidade esperada ( $H_e$ )

A quantidade de heterozigose esperada teve como base NEI (1978):

$$H_e = 1 - \sum P_i^2$$

Sendo,  $P_i$  a frequência estimada do  $i$ ésimo alelo.

A heterozigosidade média esperada foi obtida pela média aritmética de todos os locos avaliados.

### d) Índice de fixação de WRIGHT ( $f$ )

O índice de fixação proposto por WRIGHT (1965) ou o coeficiente de endogamia foi estimado com base na heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ), utilizando a fórmula:

$$f = 1 - \frac{H_o}{H_e}$$

### e) Conteúdo de informação polimórfica (PIC)

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) estabelecido por descrito por BOTSTEIN *et al.* (1980), foi calculado em função do número de alelos detectados, da sua distribuição e frequência na população avaliada. Os valores de PIC para cada marcador foram determinados pela fórmula:

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

Sendo,  $P_{ij}$  a frequência do alelo " $j$ " no marcador " $i$ " (a soma se estende por todos os alelos).

Segundo a classificação de BOTSTEIN *et al.* (1980), marcadores com valores de PIC superiores a 0,5 são considerados muito informativos, com valores entre 0,25 e 0,50 mediamente informativos, e com valores inferiores a 0,25, pouco informativos.

O valor do PIC varia de "0", para perfis monomórficos, até "1", para perfis altamente polimórficos. Entretanto, se houver mais de dois alelos por loco e estes encontrarem-se em heterozigose, o valor de PIC supera a unidade (1,0). Assim, esse valor está relacionado com o número de alelos, que está diretamente associado à divergência genética e ao número de genótipos estudado (MALONE *et al.*, 2007).

O cálculo foi baseado no número de alelos detectados por marcador molecular para um determinado loco e a frequência relativa de cada alelo no conjunto dos 143 acessos avaliados.

### 3.4.1.2 Análise de Variância Molecular (AMOVA)

Na Análise de Variância Molecular (AMOVA) proposta por EXCOFFIER *et al.* (1992) e MICHALAKIS e EXCOFFIER (1996), as estatísticas F são calculadas a partir de um conjunto de componentes de covariância, correspondentes aos diferentes níveis hierárquicos assumidos como presentes na estrutura populacional (COCKERHAM, 1973; WEIR e COCKERHAM, 1984).

**Tabela 4** - Esboço da estrutura da Análise de Variância Molecular (AMOVA).

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Entre Populações	P - 1	SQa	QMa	$\sigma_b^2 + 2\sigma_a^2$
Dentro das Populações	N - P	SQb	QMb	$\sigma_b^2$
Total	N - 1			

Onde:

P: número total de populações;

N: número total de dados genotípicos.

Os componentes de variâncias de cada nível de hierarquia são extraídos das esperanças dos quadrados médios.

De acordo com COCKERHAM (1969), temos:

$$\phi_{ST} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma^2}$$

Onde,  $\phi_{ST}$  é a proporção da variabilidade molecular de haplótipos entre populações e  $\sigma^2 = \sigma_b^2 + \sigma_a^2$ .

A significância foi testada utilizando 1.000 permutações com um intervalo de confiança de 95%, com auxílio do suplemento do Excel GenALEx 6.5 (PEAKALL e SMOUSE, 2012).

### 3.4.1.3 Distância genética de Nei (1983) ( $D_A$ )

Esta distância assume que as diferenças genéticas surgem devido à mutação e deriva genética, mas esta medida de distância é conhecida por fornecer árvores populacionais mais confiáveis do que outras distâncias particularmente para dados de DNA de microssatélites (NEI *et al.*, 1983; TAKEZAKI, 1996).

A partir de simulações realizadas pelo programa Power Marker v. 3.25, NEI *et al.* (1983) chegaram à conclusão que a distância é dada por:

$$D_A = 1 - \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{a_j} \sqrt{p_{ij}q_{ij}}$$

Onde:

$p_{ij}$  e  $q_{ij}$ : são as frequências do  $i$  alelo no  $j$  locos nas populações X e Y respectivamente;

$a_j$ : o número de alelos no  $j$  locos;

$m$ : o número de loco avaliados.

#### a) Agrupamento pelo método hierárquico UPGMA

A partir da matriz resultante da distância genética de Nei (1983), obtida no programa Power Marker v. 3.25, foi importada para o software MEGA-X v. 10.1 para a construção do dendrograma utilizando o método de agrupamento hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average*).

Este método descreve que a distribuição dos indivíduos no dendrograma não segue um critério de formação de grupos, pois o principal aspecto desse método consiste nas ramificações que são obtidas. O agrupamento se dá em pares, utilizando-se médias aritméticas da dissimilaridade. O dendrograma prioriza os acessos com maior similaridade, e as distâncias entre um indivíduo e um grupo formado pelos indivíduos  $i$  e  $j$  são calculadas por:

$$d_{(ij)k} = \text{média} \{d_{ik} + d_{jk}\} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

Onde:

$d_{(ij)k}$ : distância entre o grupo  $ij$  e o acesso  $k$ ;

$d_{ik}$ : distância entre os acessos  $i$  e  $k$ ;

$d_{jk}$ : distância entre os acessos  $j$  e  $k$ .

### b) Coeficiente de correlação cofenética (CCC)

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) mensura o ajuste entre a matriz de dissimilaridade (matriz fenética) e a matriz resultante da simplificação proporcionada pelo método de agrupamento (matriz cofenética) (SOKAL e ROHLF, 1962). Sendo assim, o CCC avalia a consistência do agrupamento por meio da obtenção do dendrograma, de acordo com a expressão proposta por BUSSAB *et al.* (1990):

$$CCC = \frac{\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})(d_{ij} - \bar{d})}{\left(\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})^2\right)^{1/2} \left(\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (d_{ij} - \bar{d})^2\right)^{1/2}}$$

Em que:

n: é a dimensão da matriz;

c<sub>ij</sub>: é o valor de similaridade entre os indivíduos i e j, obtidos a partir da matriz cofenética;

d<sub>ij</sub>: o valor de similaridade entre os indivíduos i e j, obtidos a partir da matriz de similaridade;

$$\bar{c} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n c_{ij}, \quad \bar{d} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n d_{ij}$$

Os resultados da validação dos agrupamentos foram determinados pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC) (SOKAL e ROHLF, 1962) e a significância da correlação cofenética foram calculadas pelo Teste de MANTEL (1967) (1.000 permutações). De acordo com CRUZ e CARNEIRO (2003), quanto maior o valor de CCC menor será a distorção provocada ao agrupar os indivíduos, o que normalmente é obtido pelo método UPGMA. As análises de divergência genética, de agrupamento e coeficiente de correlação cofenética foram realizadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2016).

### c) Análise de Coordenadas principais (PCoA)

A Análise de Coordenadas Principais (PCoA) estabelecido por GOWER (1966) é um método de escalonamento ou ordenação que começa com uma matriz de semelhanças ou diferenças entre um conjunto de indivíduos e tem como objetivo produzir um gráfico de baixa dimensão dos dados de tal forma que as distâncias entre os pontos do gráfico sejam próximas das diferenças originais (PETIT *et al.*, 1998).

As relações genéticas entre todos os acessos avaliados foram visualizadas por meio da Análise de Coordenadas Principais, obtidas pelo suplemento do Excel GenALEX 6.5.

### 3.4.1.4 Estrutura populacional

Para definir a estrutura da população foi empregado o método bayesiano através do software Structure versão 2.1 (PRITCHARD *et al.*, 2000). O programa foi executado com número de populações estabelecido inicialmente (K) variando de K=1 a K=10. Foram executadas 20 simulações independentes para cada K, usando o modelo “admixture”, frequências alélicas correlacionadas, 5.000 “burn-in” e 100.000 simulações de Monte Carlo de Cadeias de Markov (MCMC). A determinação do número K mais provável em relação aos propostos foi realizada utilizando valores de  $\Delta K$ , proposto por EVANNO *et al.* (2005).

### 3.4.2 Análises estatísticas para características morfoagronômicas

#### 3.4.2.1 Análise multivariada - Variáveis multicategóricas

A divergência genética entre os acessos de feijão comum foi avaliada com base nas características morfológicas utilizando a metodologia de variáveis multicategóricas ( $d_{ii'}$ ) (CRUZ e CARNEIRO, 2003). As análises de agrupamento foram realizadas pelos métodos de otimização de Tocher (RAO, 1952) e UPGMA. O CCC foi estimado para verificar a confiabilidade dos dados e a consistência do agrupamento (SOKAL e ROHLF, 1962). Para todas as análises foi utilizado o software Genes (CRUZ, 2016).

A dissimilaridade foi estimada considerando um conjunto de variáveis multicategóricas por meio do índice:

$$S_{ii'} = \frac{C}{C + D}$$

Em que:

C = total de concordância de categorias para todas as variáveis consideradas; e

D = total de discordância de categoria para todas as variáveis consideradas.

Com este índice, um determinado valor expressa a porcentagem de coincidência de similaridade considerando os vários caracteres analisados. Assim, um valor de  $S_{ii'}$  igual a 0,40 revela que os dois acessos (i e i') são similares em 40% das características multicategóricas estudadas. A dissimilaridade é dada por:

$$d_{ii'} = 1 - S_{ii'} = \frac{D}{C + D}$$

Alternativamente, tem-se:

$$d_{ii'} = \frac{1}{S_{ii'}} = \frac{C + D}{C}$$

### 3.4.2.2 Análise de agrupamento

#### a) Método de otimização de Tocher

O agrupamento dos acessos foi realizado a partir da matriz de distâncias multicategóricas, para a formação do grupo inicial utilizando a menor distância de  $d_{ii}$ , na matriz de dissimilaridade entre as linhas. A inclusão de novos indivíduos foi baseada no critério de que a distância média intragrupo é inferior às distâncias intergrupos (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Para formação dos grupos, sendo a distância entre o indivíduo k e o grupo formado pelos indivíduos ij é dado por:

$$d_{(ij)k} = d_{ij} + d_{jk}$$

Para a inclusão, ou não, do indivíduo k no grupo é considerado:

Se  $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$ , inclui-se o indivíduo k no grupo;

Se  $\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$ , o indivíduo k não é incluído no grupo;

sendo n o número de indivíduos que constitui o grupo original.

Na determinação da distância média intragrupo tem-se:

$$\bar{d}_i = \frac{2 \sum_{j>}^n \sum_{j'}^n d_{jj'}}{n(n-1)}$$

E para determinar a distância média intergrupo temos:

$$\bar{d}_{ii'} = \frac{\sum_{j=1}^{n_1} \sum_{j'=1}^{n_2} d_{jj'}}{n_1 n_2}$$

Onde, n1 e n2 são o número de acessos dentro dos grupos i e i', respectivamente.

### 3.4.2.3 Análises de variância

Os dados obtidos para todas as características foram testados quanto aos pressupostos da análise de variância (ANOVA), realizando os testes de normalidade e homogeneidade. Posteriormente foram submetidos à análise de variância univariada,

considerando o delineamento experimental em blocos casualizado, com três repetições, sendo o valor de cada observação fornecido pelo modelo estatístico, considerando o efeito de acesso como fixo.

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + E_{ij}$$

Em que:

$Y_i$  = observação do tratamento  $i$  no bloco  $j$  ( $i = 1, 2, \dots, g = 6$ ;  $j = 1, 2, \dots, b = 10$ );

$m$  = média geral;

$g_i$  = efeito do acesso  $i$ ;

$b_j$  = efeito do bloco  $j$ ;

$E_{ij}$  = erro experimental.

O esquema da análise de variância e as esperanças de quadrados médios para a fonte de variação do modelo estatístico encontram-se na tabela 5:

**Tabela 5** - Esquema da análise de variância das características morfoagronômicas avaliadas.

FV	GL	SQ	QM	E (QM)	F
Blocos	$b-1$	SQB	QMB	$\sigma_e^2 + g\sigma^2 b$	
Acessos	$g-1$	SBG	SQG	$\sigma_e^2 + b\phi g^2$	$\frac{QMg}{QM_r}$
Resíduo	$(b-1)(g-1)$	SQR	SQR	$\sigma_e^2$	$\frac{QM_r}{QM_r}$
Total	$ij-1$	SQT			

onde:

$$SQB = \frac{1}{g} \sum_{j=1}^b Y_{.j}^2 - \frac{Y_{..}^2}{gb}$$

$$SQG = \frac{1}{b} \sum_{i=1}^g Y_{i.}^2 - \frac{Y_{..}^2}{gb}$$

$$SQT = \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^b Y_{ij}^2 - \frac{Y_{..}^2}{gb}$$

$$SQR = SQT - SQG - SQB$$

### 3.4.2.4 Agrupamento entre médias

As médias dos acessos para todas as características morfoagronômicas foram agrupadas pelo teste de SCOTT e KNOTT (1974) a 5% de probabilidade, utilizando o programa Genes (CRUZ, 2016). A análise tem por finalidade dividir o grupo original de médias em subgrupos, em que as médias não diferem estatisticamente entre si. Com isso deve-se obter:

$$\lambda = \frac{\pi}{2(\pi-2)} \chi^2 \frac{B_0}{\hat{\sigma}_0^2},$$

onde:

$B_0$  = valor máximo da soma de quadrados entre grupos, considerando-se todas as partições possíveis dos  $g$  tratamentos (no caso genótipos) em dois grupos. Existem  $2^{g-1} - 1$  partições possíveis das  $g$  médias dos tratamentos em dois grupos

$\hat{\sigma}_0^2$ : variância obtida por meio de:

$$\hat{\sigma}_0^2 = \frac{1}{g+v} \left[ \sum_{i=1}^g (\bar{Y}_i - \bar{Y})^2 + v s_y^2 \right]$$

Em que:

$\bar{Y}_i$  = média do tratamento  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, g$ );

$\bar{Y}$  = média geral dos tratamentos a serem separados;

$g$  = número de médias a serem separadas;

$v$  = número de graus de liberdade do resíduo; e

$s_y^2 = \frac{QMR}{r}$ , sendo QMR = quadrado médio do resíduo e  $r$  número de observações que

deram origem às médias a serem agrupadas.

A regra de decisão para estabelecer os grupos é a seguinte:

Se  $\lambda < \chi_{(\alpha, v_0)}^2$ , todas as médias serão consideradas homogêneas, não havendo mais partições dentro do grupo considerado.

Se  $\lambda > \chi_{(\alpha, v_0)}^2$ , os dois grupos diferem significativamente. Estes dois grupos devem ser testados, separadamente, para novas possíveis divisões. O teste prossegue até que sejam encontrados grupos com apenas uma média e, ou, grupos de médias homogêneas.

O valor de qui-quadrado referencial é estabelecido em função do nível de significância  $\alpha$  preestabelecido e do número de graus de liberdade, que é dado por:

$$V_0 = \frac{g}{\pi - 2}$$

Este grau de liberdade será um número fracionário, uma vez que é função do número irracional  $\pi$ .

### 3.4.2.5 Análise multivariada - Distância generalizada de *Mahalanobis*

A divergência genética entre os acessos de feijão comum foi avaliada com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis* ( $D_{ii'}^2$ ), posteriormente, foram realizadas as análises de agrupamento pelos métodos de otimização de Tocher, método hierárquico de UPGMA e dispersão gráfica 3D. Foi realizado a análise de importância relativa dos caracteres utilizando o programa computacional Genes (CRUZ, 2016).

As estimativas da distância generalizada de *Mahalanobis*  $D_{ii'}^2$  foram obtidas através da expressão:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

Onde:

$D_{ii'}^2$ : é a distância de *Mahalanobis* entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$\psi$ : matriz da variância e covariâncias residuais;

$\delta$ :  $[d_1, d_2, \dots, d_v]$ , sendo  $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$ ;

$Y_{ij}$ : é a média do  $i$ -ésimo genótipo em relação a  $j$ -ésima variável.

A partir da distância de *Mahalanobis* é possível estimar a diversidade genética, além da quantificação da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética utilizando-se o critério proposto por SINGH (1981), baseado na estatística  $S_j$ . Sendo:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta = \sum_{j=i}^n \sum_{j'=i}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

Em que  $\omega_{jj'}$  é o elemento da  $j$ -ésima linha e  $j'$ -ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

### 3.4.2.6 Análise de agrupamento

#### a) Dispersão gráfica 3D

A dispersão gráfica permite a avaliação da diversidade genética pela visualização da posição relativa de acessos em gráfico 3D. Neste procedimento as medidas de dissimilaridade

são convertidas em escores relativos a três variáveis X, Y e Z, que, quando apresentadas em gráficos de dispersão, refletirá no espaço tridimensional as distâncias originalmente obtidas a partir do espaço n-dimensional (n = número de características utilizados para obtenção das distâncias) (CRUZ, 2006).

A análise foi feita a partir de um arquivo de dados contendo a matriz de dissimilaridade, obtida pela distância generalizada de *Mahalanobis*, entre os acessos que foram agrupadas. Esse procedimento baseia-se em princípios gráficos de triangulação, assim, algumas vezes torna-se mais apropriado fazer projeções a partir de distâncias transformadas por raiz quadrada.

#### 3.4.2.7 Importância relativa dos caracteres

O estudo de diversidade genética entre um conjunto de acessos é feito partir de um conjunto de informações. Nesses casos, é preciso avaliar a importância de cada um deles, identificando aqueles que menos contribuem, sendo recomendável seu descarte em estudos futuros. Caracteres possíveis de descarte são aqueles invariantes ou redundantes (CRUZ, 2006).

A Importância Relativa dos Caracteres pode ser quantificada por intermédio das Variáveis Canônicas. Deste modo, os coeficientes  $a_j$ 's devem ser multiplicados pelo desvio padrão do erro experimental, de modo que:

$$\theta_j x_j = a_j \hat{\sigma}_j \left( X_j / \hat{\sigma}_j \right)$$

onde:

$$\theta_j = a_j \hat{\sigma}_j$$

Portanto, os valores  $\theta_j$  medem a importância relativa de uma característica em cada Variável Canônica (CRUZ e CARNEIRO, 2006). Com base no princípio de que a importância relativa das Variáveis Canônicas decresce da primeira para a última, a variável com maior coeficiente de ponderação no componente de menor autovalor por ser descartada, por apresentar relevância para uma Variável Canônica de participação pequena, na variação total (AMARAL JUNIOR, 1996).

O descarte de novas variáveis procede-se da seguinte forma: na penúltima Variável Canônica, identifica-se o maior elemento e, caso este esteja associado à característica já descartada, passa-se imediatamente para a antepenúltima Variável Canônica, sem identificar na Variável Canônica anterior uma segunda característica de menor importância.

Caso contrário, identifica-se o maior elemento na penúltima Variável Canônica, e, conseqüentemente, a segunda característica menos importante torna-se definida. De acordo com AMARAL JUNIOR (1996) este procedimento continua até alcançar-se a primeira Variável Canônica, classificando-se as características originais quanto aos graus relativos de participação na dispersão geral dos genótipos avaliados.

### 3.4.3 Análise conjunta

A análise conjunta proposta por Gower (1971), é uma técnica que permite a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos, por meio de um algoritmo que estima a similaridade entre dois indivíduos utilizando dados com distribuições contínuas e discretas.

#### 3.4.3.1 Matriz de dissimilaridade

A análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos foi realizada para determinação da distância genética, com base no algoritmo de GOWER (1971), expressa pela equação:

$$S_{ijk} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

Onde:

$k$ : é o número de variáveis ( $k = 1, 2, \dots, p$ );

$i$  e  $j$  = dois indivíduos que representem o acesso;

$W_{ijk}$  = peso dado à comparação  $ijk$ , atribuindo valor 1 para comparações válidas e valor 0 para comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou ambos indivíduos);

$S_{ijk}$  = contribuição da variável  $k$  na similaridade entre os indivíduos  $i$  e  $j$ , com valores entre 0 e 1.

Sendo que:

Para uma variável nominal, se o valor da variável  $k$  é o mesmo para ambos os indivíduos ( $i$  e  $j$ ), então  $S_{ij} = 1$ , caso contrário, é igual a zero;

Para uma variável contínua,  $S_{ij} = 1 - \frac{|x_{ik} - x_{jk}|}{R_k}$ , em que  $x_{ik}$  e  $x_{jk}$  são os valores da variável  $k$  para os genótipos  $i$  e  $j$ , respectivamente, e  $R_k$  é a amplitude da variável  $k$  na amostra. A divisão por  $R_k$  elimina as diferenças entre as escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo [0, 1] e pesos iguais (ROCHA *et al.*, 2010).

### 3.4.3.2 Agrupamento pelo método Ward-MLM

O agrupamento dos acessos foi obtido por meio do emprego do método Ward-MLM, foi utilizado a função CLUSTER e IML para a composição dos grupos por meio do procedimento Ward-MLM, considerando a matriz conjunta obtida a partir do algoritmo de Gower (GOWER, 1971). As variáveis canônicas (VC) foram analisadas graficamente usando o procedimento CANDISC, sendo todas as análises realizadas através do software estatístico SAS (SAS, 2009).

A definição do número ideal de grupos foi realizada de acordo com os critérios *pseudo-F* e *pseudo-t<sup>2</sup>* combinado com o perfil da verossimilhança, obtendo-se o gráfico logaritmo da função da verossimilhança, maximizada, conforme o método MLM, para diferentes números prováveis de grupos.

De acordo com os picos de verossimilhança para os diferentes números de grupos formados pelo gráfico, foi definido o melhor número de grupos para a análise. Com base na definição do número ótimo de grupos, uma classificação hierárquica foi obtida pelo método Ward, o qual disponibiliza um valor inicial necessário para programar o passo final do modelo MLM (FRANCO *et al.*, 1998; CROSSA e FRANCO, 2004).

## 4 RESULTADOS

### 4.1 Caracterização molecular

#### 4.1.1 Diversidade genética

Os 25 *primers* SSR utilizados na genotipagem dos 143 acessos de feijão comum amplificaram um total de 105 alelos, com média de 4,20. O número máximo de alelos por iniciador foi de sete (PV-cct001 e PV-BR185) e o mínimo três (BM143, BM187, PV-BR025, PV-BR60, PV-BR112, PV-BR167, SSR-IAC14 e BMd-20). Todos os *primers* foram capazes de detectar pelo menos três alelos em cada um dos acessos analisados (Tabela 6).

A heterozigosidade observada foi menor do que a esperada em todos os locos, variando de 0,0000 a 0,0500, com média de 0,0026, e a heterozigosidade esperada variou de 0,2677 a 0,7695, com média de 0,6406. Esses altos valores de heterozigosidade esperada em contraste com baixos valores de heterozigosidade observada, indicam diversidade genética entre os acessos e alta taxa de endogamia, visualizada pelos altos valores dos índices de fixação para cada um dos locos analisados.

Dessa forma, destaca-se que há excesso de homozigotos entre as populações de feijão comum, uma vez que o valor do índice de fixação foi positivo em todos os locos e com média de 0,9960 indicando ocorrência de endogamia nas populações o que é esperado para populações autógamas. O baixo polimorfismo encontrado pode ser causado pela predominância da reprodução sexual ser de autopolinização.

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) variou de 0,2418 (PV-at006) a 0,7334 (PV-cct001), com média de 0,5821. Do total de 25 locos avaliados, 22 foram considerados altamente informativos, dois medianamente informativo e um pouco informativo, de modo geral, os locos SSR mostraram-se eficientes e polimórficos para revelar a diversidade genética dos acessos de feijão comum.

A AMOVA foi realizada para quantificar a variação entre e dentro das populações, a maior variabilidade foi observada dentro das populações (84%) e a menor variação entre as populações (16%). O índice  $F_{ST}$ , que estima a diferenciação genética entre as populações foi baixo ( $F_{ST} = 0,157$ ), sugerindo baixa estrutura populacional (Tabela 7).

Como o feijão comum é uma planta autógama os acessos possuem um alto nível de homozigose, essa baixa variação entre as populações indica que os acessos em cada população são muito diferentes entre si, mas semelhantes aos acessos das outras populações.

**Tabela 6** - Estimativa de diversidade genética dos 143 acessos de feijão comum obtidos a partir de 25 marcadores microssatélites.

<b>SSR Locus</b>	<b>N<sub>a</sub></b>	<b>H<sub>e</sub></b>	<b>H<sub>o</sub></b>	<b>f</b>	<b>PIC</b>
PV-cct001	7	0,7695	0,0070	0,9910	0,7334
PV-at006	4	0,2677	0,0000	1,0000	0,2418
BM143	3	0,6504	0,0000	1,0000	0,5751
BM158	4	0,4878	0,0000	1,0000	0,4470
BM170	6	0,7296	0,0000	1,0000	0,6810
BM184	4	0,6661	0,0000	1,0000	0,6037
BM187	3	0,6666	0,0000	1,0000	0,5925
PV-BR025	3	0,6130	0,0000	1,0000	0,5310
PV-BR35	5	0,7342	0,0000	1,0000	0,6898
PV-BR60	3	0,5892	0,0071	0,9880	0,5237
PV-BR112	3	0,4975	0,0000	1,0000	0,4422
PV-BR167	3	0,6289	0,0000	1,0000	0,5575
PV-BR185	7	0,6879	0,0000	1,0000	0,6319
SSR-IAC10	4	0,6793	0,0500	0,9269	0,6266
SSR-IAC14	3	0,5913	0,0000	1,0000	0,5100
SSR-IAC24	4	0,6331	0,0000	1,0000	0,5575
SSR-IAC62	5	0,7076	0,0000	1,0000	0,6591
SSR-IAC74	4	0,6136	0,0000	1,0000	0,5520
BMd-12	4	0,6994	0,0000	1,0000	0,6459
BMd-20	3	0,6195	0,0000	1,0000	0,5387
BMd-25	5	0,6961	0,0000	1,0000	0,6419
BMd-26	4	0,7111	0,0000	1,0000	0,6604
BMd-36	5	0,6706	0,0000	1,0000	0,6128
BM152	4	0,7087	0,0000	1,0000	0,6559
BM210	5	0,6959	0,0000	1,0000	0,6399
<b>Média</b>	<b>4,20</b>	<b>0,6406</b>	<b>0,0026</b>	<b>0,9960</b>	<b>0,5821</b>

N<sub>a</sub> = Número de alelos; H<sub>e</sub> = Heterozigosidade esperada; H<sub>o</sub> = Heterozigosidade observada; f = índice de fixação (endogamia); PIC = Conteúdo de informação polimórfica.

**Tabela 7** - Análise de variância molecular (AMOVA) das 11 populações de feijão comum estudadas a partir de 25 marcadores microssatélites.

Fonte de Variação	GL	SQ	CV	VT (%)	P
Entre populações	10	342,520	1,344	16	<0,000
Dentro de populações	275	1986,008	7,222	84	
Total	285	2328,528	8,566	100	
Índice de Fixação	$F_{ST}$	0,157			

GL = Grau de liberdade; SQ = Soma dos quadrados; CV = Componente de variância; VT = Variância total e P = probabilidade de ter um componente de variância maior que os valores observados ao acaso. As probabilidades foram calculadas por 1.000 permutações ao acaso.

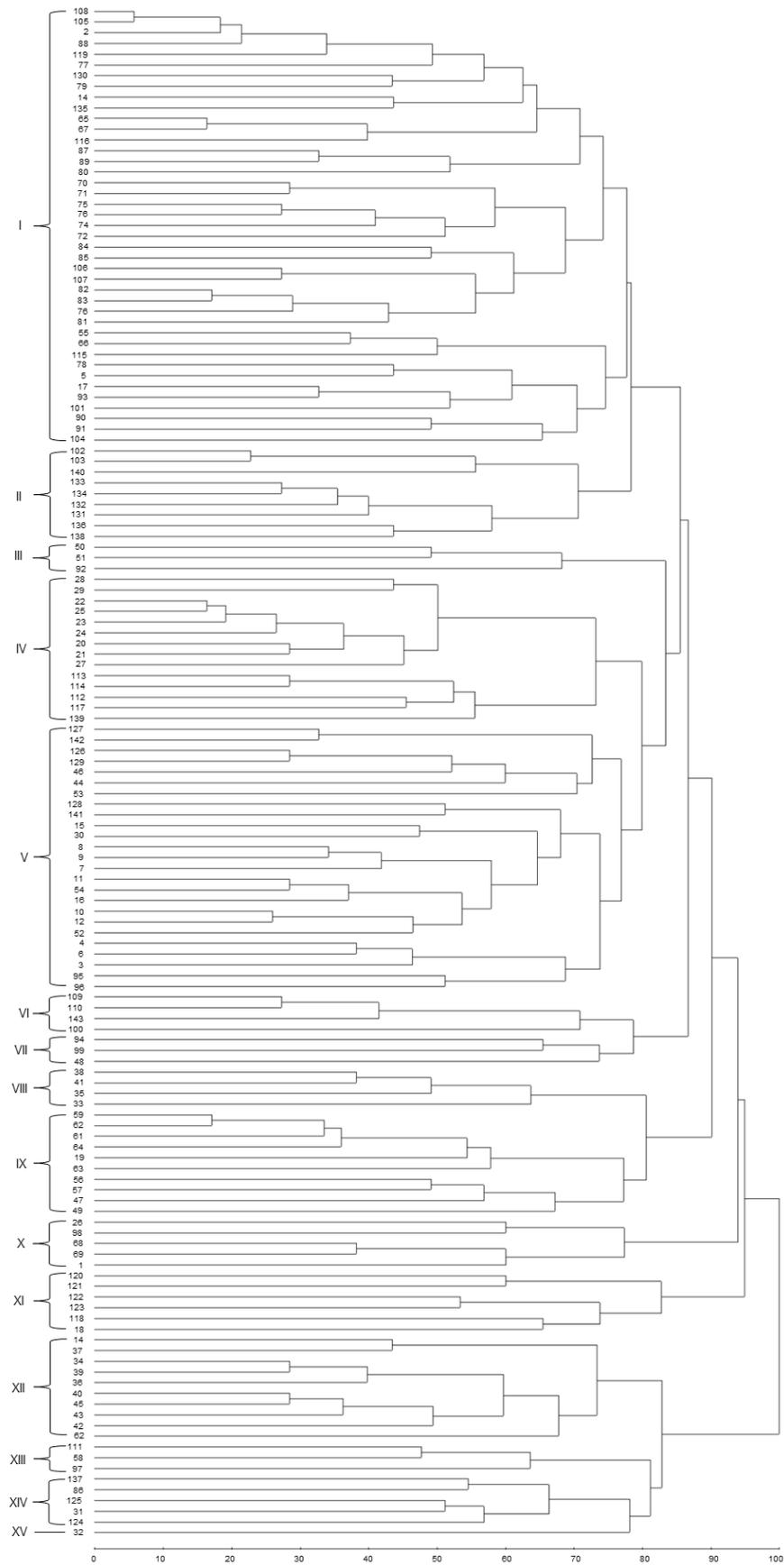
#### 4.1.2 Agrupamento pelo método UPGMA

O agrupamento pelo método hierárquico de UPGMA obtido através da distância genética de NEI (1983), com um corte significativo a 78% possibilitou a divisão dos acessos de feijão comum em 15 grupos (Figura 3). O grupo I foi o mais numeroso, alocando 50 acessos pertencentes aos estados AC, MS, MT, PA, PR e RS, desse total 41 são mesoamericanos e nove andinos. Seguido do grupo V com 25 acessos do AC, AM, MS, MT e SP, sendo 17 andinos e oito mesoamericanos, já o grupo IV foi constituído por 14 acessos dos estados do MS e MT, onde cinco são andinos e nove mesoamericanos.

Os grupos IX e XII foram compostos por dez acessos cada, pertencentes de MT e TO, e AC e MT respectivamente. Os acessos do grupo IX são todos mesoamericanos e os do grupo XII, apenas um andino e demais mesoamericanos. O grupo II constitui-se por nove acessos do MS e PR, onde seis são mesoamericanos e três andinos, já os acessos do grupo XI são dos estados do MS e MT, sendo quatro andinos e dois mesoamericanos.

A formação dos grupos X e XIV foi composta por cinco acessos cada, provenientes do AC, MT e SC, e MS e MT, respectivamente. Em ambos os grupos quatro acessos são mesoamericanos e apenas um acesso andino. Os grupos VI e VIII alocaram quatro acessos cada, proveniente de GO e MS (mesoamericanos), e MT (um andino e três mesoamericano) respectivamente.

Do total de 15 grupos formados, três grupos foram compostos por três acessos cada (III, VII e XIII), os acessos dos grupos III e VII são de GO e TO e todos mesoamericanos, já no grupo XIII os acessos são dos estados de MS, MT e SC (um andino e dois mesoamericanos). Apenas o grupo XV foi constituído por apenas um acesso proveniente de MT e mesoamericano, sugerindo que este é o mais dissimilar em relação aos demais avaliados.



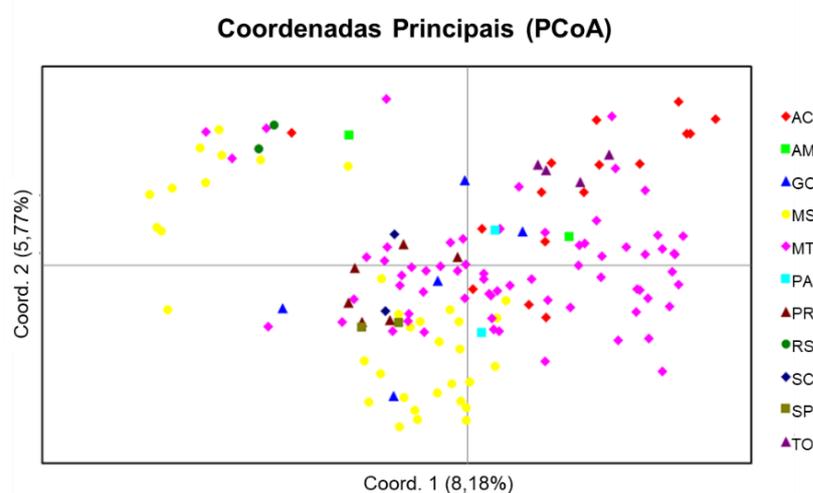
**Figura 1** - Dendrograma obtido por meio de marcadores SSR pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA de 143 acessos de feijão comum.

Os acessos não formaram grupos específicos de acordo com as regiões geográficas de aquisição/coleta e nem por pool gênico, esse resultado pode ser explicado pela extensa troca de germoplasma entre produtores. Na maioria dos casos, os pequenos agricultores cultivam feijão comum a partir de sementes coletadas/trocadas em sua vizinhança ou de sementes compradas no mercado local.

Com base no coeficiente de correlação cofenética (CCC), aplicado ao método de agrupamento pelo teste t, observou-se valor significativo ( $P \leq 0,01$ ) para o método hierárquico de UPGMA com  $r \geq 0,66$ , indicando precisão no ajuste da projeção gráfica da matriz de distâncias genéticas. Esses resultados mostram que o dendrograma reflete a matriz de dissimilaridade genética de forma adequada, e com isso os métodos estatísticos utilizados foram eficazes para detectar a dissimilaridade entre as populações de feijão comum estudadas com base nos marcadores SSR.

#### 4.1.3 Análise de Coordenadas principais (PCoA)

Através da análise de coordenadas principais (PCoA) é possível observar a distribuição espacial das 11 populações e como os 143 acessos de feijão comum se apresentam dentro das populações. As duas primeiras coordenadas explicam 13,95% da variação total entre os acessos, com as dimensões 1 e 2 explicando 8,18 e 5,77%, respectivamente (Figura 4).



**Figura 2** - Análise de coordenadas principais de 143 acessos de feijão comum.

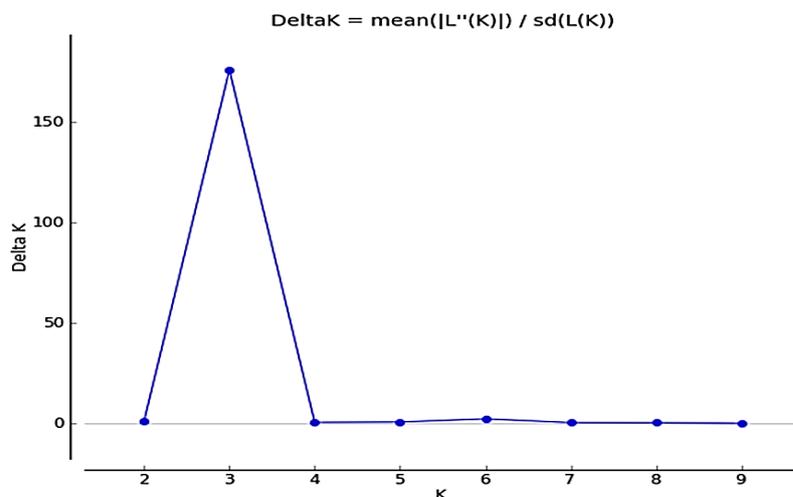
Os acessos das populações de PR, RS, SC, SP e TO ficaram agrupados próximos demonstrando homogeneidade na população, as demais populações estão separadas no gráfico possuindo uma separação interna na própria população, já que alguns acessos estão

na extremidade superior e outros na extremidade inferior do eixo, sugerindo uma grande variação dentro das populações.

Os resultados da análise de PCoA confirma a variabilidade vista na AMOVA e no agrupamento pelo método UPGMA na forma de mistura das populações, além disso, as populações AC, GO, MS, MT e PA são formadas por ambos pools gênicos (andino e mesoamericano), sugerindo que os acessos tenham vindo de outras localidades. No gráfico de dispersão as distâncias entre os acessos refletem as distâncias genéticas entre eles, portanto, os acessos mais próximos podem ser interpretados como intimamente relacionadas e compartilhando características genéticas semelhantes, enquanto aqueles que se agrupavam distantes estão relacionadas distantemente.

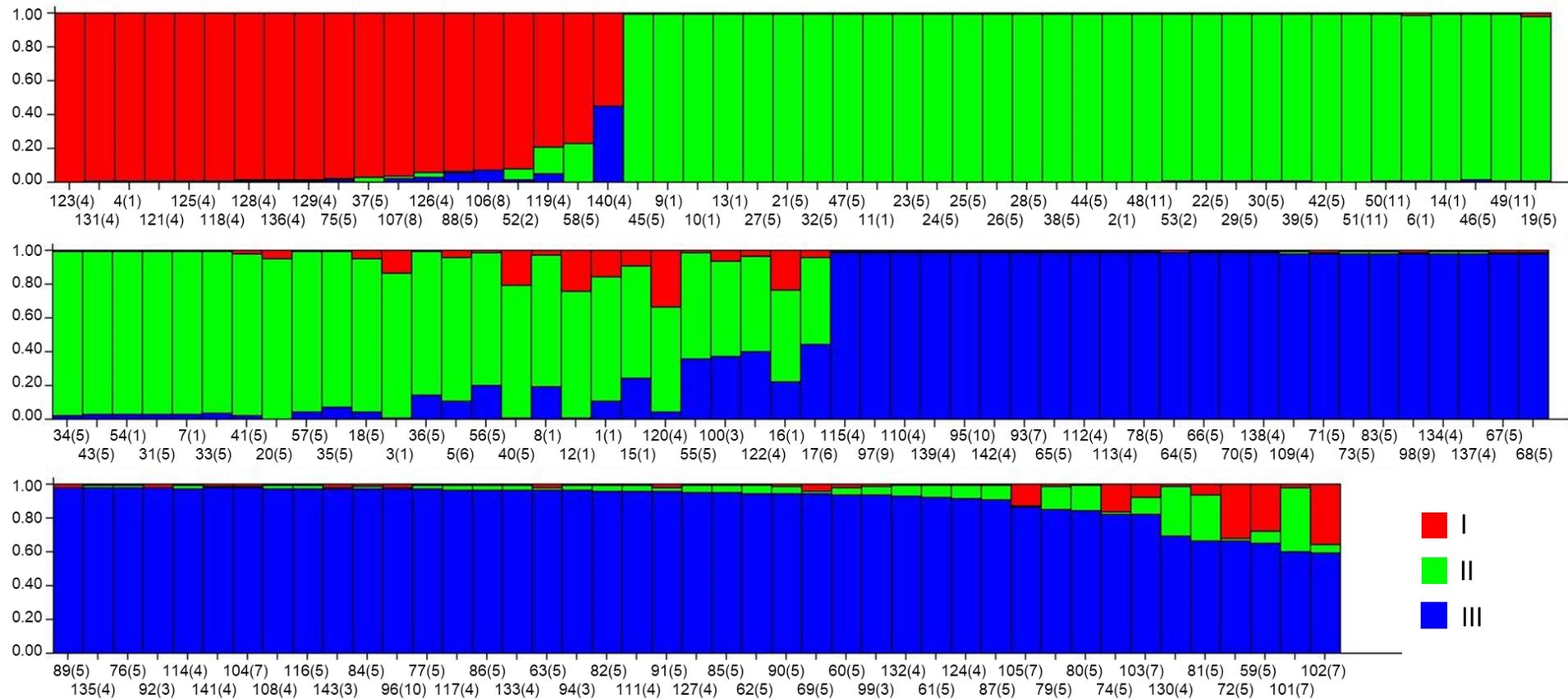
#### 4.1.4 Estrutura de população

A estrutura populacional dos 143 acessos de feijão comum foi avaliada usando o método de agrupamento baseado em modelo Bayesiano. O número de subpopulações (K) foi identificado de acordo com os valores de máxima verossimilhança e Delta K, observa-se na figura 5 a separação em três grandes grupos dentre os acessos analisados (K = 3).



**Figura 3** - Gráfico de verificação do Delta K ( $\Delta K$ ) máximo e inferência do número ideal de grupos presentes nos acessos de feijão comum analisados, utilizando 25 loci microssatélites.

O agrupamento dos acessos de feijão comum através da análise de estrutura populacional (Figura 6) possibilitou a formação de três grupos, corroborando com os resultados obtidos pelo gráfico de variação de Delta K (Figura 5). Parte dos acessos de origem andina ficaram em um grupo (grupo I), e parte dos acessos mesoamericanos em outro grupo (grupo III) e a mistura dos pools gênicos, grupo II.



**Figura 4** - Estrutura populacional de 143 acessos de feijão comum com base em 25 marcadores moleculares SSR. K = 3. Cada barra vertical representa um acesso e a porcentagem de adesão a cada grupo.

O grupo I foi composto por 19 acessos (18 andinos e um mesoamericano), provenientes das populações AC, AM, MS, MT e RS, o grupo II alocou 57 acessos das populações AC, AM, GO, MS, MT, PA e TO, sendo 20 andinos e 37 mesoamericanos. E o grupo III foi o mais numeroso, formado por 67 acessos (66 mesoamericanos e um andino) das populações de GO, MS, MT, PR, SC e SP. Observa-se que os grupos não foram formados por suas respectivas populações e nem pelo pool gênico, sugerindo a ocorrência de troca significativa de sementes entre os produtores.

A presença de introgressões está relacionada com acessos que contêm cores diferentes na mesma barra de bar plot (Figura 6), a proporção média de fragmentos introgrididos foi de aproximadamente 61%, apresentando a ocorrência de acessos agrupados em mais de um grupo. Considerando que 88 acessos do total avaliado apresentam a presença de introgressão, a maior intensidade de introgressão foi observada no acesso 16 (Peruano) do grupo II. Além disso, foi possível identificar que os acessos mesoamericanos apresentaram a maior taxa de introgressão.

## **4.2 Caracterização morfológica**

### **4.2.1 Medidas de dissimilaridade**

Através das medidas de dissimilaridade genética estimadas a partir das características morfológicas observa-se que a menor distância foi entre as combinações dos acessos 30 x 31 e 42 x 73 ( $d_{ii}' = 0,15$  para ambas as combinações), e as maiores distâncias foram de  $d_{ii}' = 0,81$  entre as combinações dos acessos 1 x 83 e 28 x 71. Os menores valores de distância representam acessos intimamente relacionados, enquanto os maiores valores indicam a alta dissimilaridade entre os acessos, evidenciando, assim, a existência de diversidade genética.

### **4.2.2 Agrupamentos de Tocher e UPGMA**

O agrupamento gerado pelo método de Tocher possibilitou a divisão dos acessos em 15 grupos (Tabela 8). O grupo I foi o mais numeroso (59%), os acessos desse grupo apresentaram semelhança para o formato do ápice terminal da folha curto acuminado, curvatura côncava da vagem, formato da seção transversal da vagem elíptico a oval e consistência da vagem com presença de fibrosidade. O grupo II reuniu 16% dos acessos por apresentarem ausência de coloração de antocianina do hipocótilo, cor padrão da flor e cor das asas das flores brancas, e semente com duas cores.

O grupo III alocou 4% acessos com similaridade para as características hábito de crescimento arbustivo determinado I, coloração de fundo da vagem verde, coloração secundária da vagem ausente, forma da seção transversal mediana da semente elíptica larga.

Já o grupo IV foi constituído por 7% dos acessos com semelhança para as características coloração verde da última curva da quilha da flor, presença de cor secundária da vagem, forma elípticas estreitas da seção transversal mediana da semente, apenas uma cor na semente e ciclo tardio.

**Tabela 8** - Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher com base nas características morfológicas entre os 100 acessos de feijão comum.

<b>Grupos</b>	<b>Acessos</b>
I	35, 36, 48, 62, 104, 103, 98, 120, 115, 19, 15, 49, 93, 55, 20, 40, 7, 9, 14, 5, 24, 22, 31, 57, 72, 47, 65, 68, 73, 50, 44, 110, 11, 86, 54, 83, 77, 10, 66, 96, 99, 69, 87, 6, 23, 17, 39, 28, 51, 91, 92, 81, 32, 85, 8, 109, 112, 46 e 60
II	30, 122, 29, 80, 82, 18, 38, 89, 26, 111, 101, 28, 67, 21, 108 e 25
III	37, 119, 121 e 123
IV	41, 114, 43, 13, 42, 113 e 59
V	33 e 116
VI	34 e 100
VII	53, 56, 52, 74 e 64
VIII	45
IX	63
X	4
XI	94
XII	106

Os grupos V e VI foram formados por 2% dos acessos, tendo os acessos do grupo V como principais características a presença de coloração de antocianina do hipocótilo, formato da folha triangular para circular, pilosidade forte na superfície da folha, pilosidade média no verso da folha e porte da planta ereto. No grupo VI a semelhança dos acessos foi para a coloração verde médio da folha, rugosidade fraca da folha, tamanho médio da folha, tamanho grande da bráctea da flor e coloração do anel hilar mesma cor da semente.

O grupo VII alocou 5% dos acessos, sendo similares para características forma de rim de seção longitudinal mediana da semente, formato acuminado médio do ápice terminal da folha, coloração verde de fundo da vagem e formato achatado da seção transversal mediana da semente. E os grupos VIII, IX, X, XI e XII foram constituídos por um único acesso cada (1%), sugerindo que são os mais dissimilares do total de acessos avaliados.

A partir do agrupamento de Tocher estimou a distância intra e intergrupos (Tabela 9), a maior distância média intragrupo foi observada no grupo VII ( $d_{VII} = 0,431$ ), enquanto as menores distâncias foram nos grupos V e VI ( $d_V$  e  $d_{VI} = 0,375$ ). Para as distâncias intergrupos, as maiores distâncias foram entre os grupos VIII e XI ( $d_{VIII;XI} = 0,688$ ) e entre os

grupos X e XI ( $d_{X;XI} = 0,688$ ). E as menores distâncias entre os grupos III e IX ( $d_{III;IX} = 0,453$ ) e VI e VIII ( $d_{VI;VIII} = 0,453$ ), indicando diversidade genética máxima e mínima, respectivamente. Os resultados sugerem que a descendência do cruzamento entre os acessos divergentes, ou seja, grupos VIII, X e XI, teria uma base genética mais ampla do que a descendência do cruzamento entre os grupos III, VI, VIII e IX.

**Tabela 9** - Distâncias médias intra e intergrupos estimados pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre 100 acessos de feijão comum.

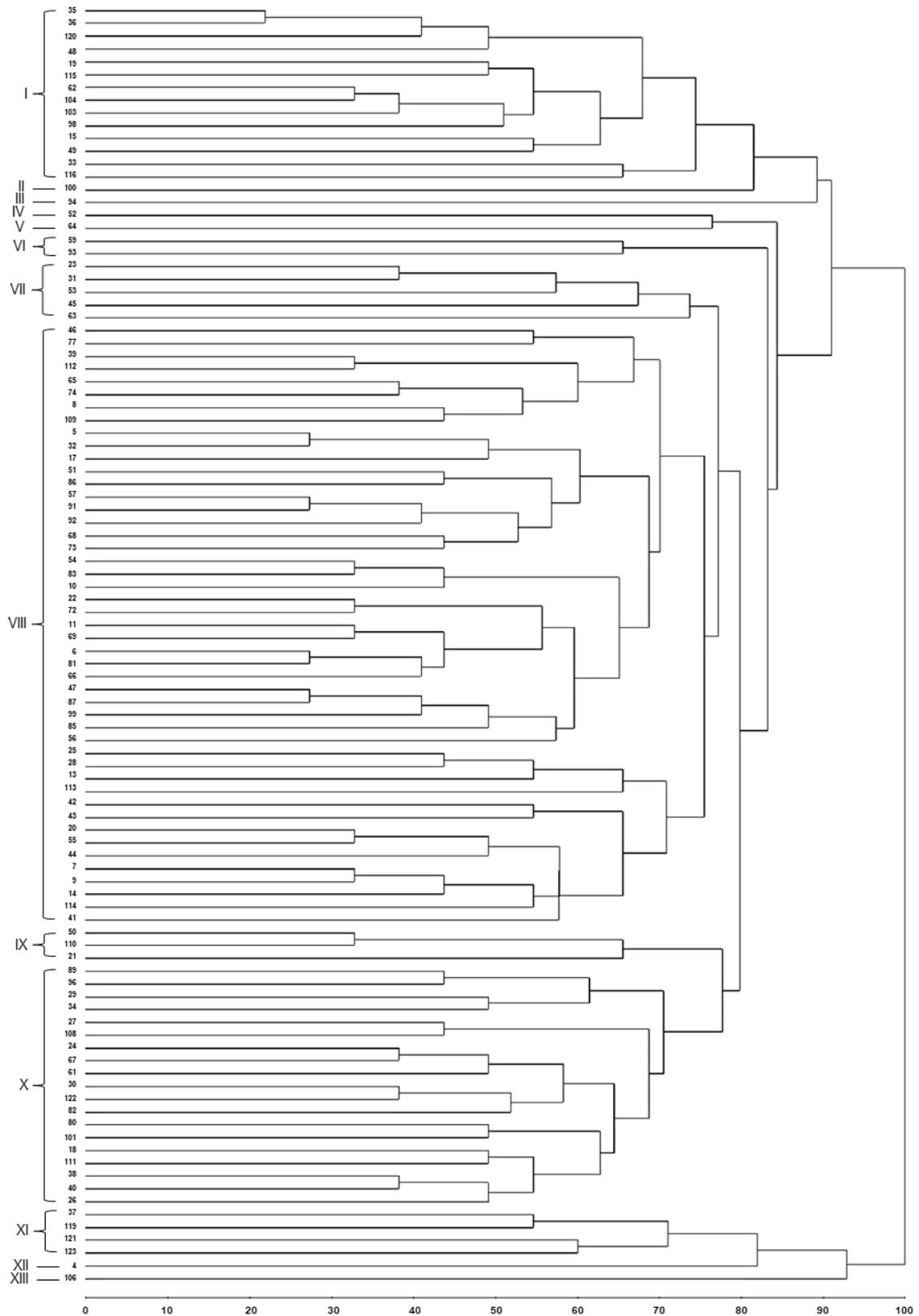
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI	XII
I	0,421	0,463	0,548	0,462	0,545	0,490	0,475	0,463	0,489	0,556	0,558	0,591
II		0,387	0,616	0,498	0,603	0,521	0,488	0,541	0,574	0,611	0,574	0,639
III			0,380	0,589	0,641	0,586	0,520	0,609	0,453	0,469	0,633	0,531
IV				0,396	0,551	0,533	0,510	0,460	0,558	0,576	0,531	0,661
V					0,375	0,648	0,606	0,609	0,594	0,625	0,484	0,547
VI						0,375	0,538	0,453	0,563	0,672	0,563	0,547
VII							0,431	0,513	0,525	0,531	0,613	0,625
VIII								-	0,500	0,531	0,688	0,625
IX									-	0,469	0,594	0,594
X										-	0,688	0,531
XI											-	0,625
XII												-

A análise de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA resultou na formação de 13 grupos adotando-se 76% de similaridade como critério de definição (Figura 7). O grupo I foi formado por 14% dos acessos, caracterizados pela coloração padrão da flor e coloração das asas da flor violeta, coloração verde da última curva da quilha da flor, curvatura côncava da vagem e sementes com uma coloração.

O grupo VI compreendeu 2% dos acessos com semelhança para a rugosidade forte da folha, hábito de crescimento arbustivo determinado I, planta de porte ereto, comprimento do bico da vagem médio, curvatura do bico da vagem médio, textura áspera da superfície da vagem e ciclo tardio. O grupo VII alocou 5% dos acessos, similar para o comprimento curto do bico da vagem, forma de seção transversal mediana da semente achatada, curvatura fraca do bico da vagem e cor de fundo da vagem verde.

No grupo VIII está incluído 47% dos acessos que possuem ausência de coloração de antocianina do hipocótilo, forma do ápice terminal acuminado médio e coloração branca das asas da flor. Já o grupo IX reuniu 3% dos acessos com coloração verde muito escuro da folha, pilosidade muito forte na superfície da folha, pilosidade média no verso da folha, coloração

padrão da flor branco, hábito de crescimento arbustivo indeterminado II, formato agudo para truncado da parte distal da vagem e coloração secundária da vagem ausente.



**Figura 5** - Dendrograma obtido a partir do método de agrupamento UPGMA para 100 acessos de feijão comum avaliados com base nas características morfológicas.

O grupo X foi composto por 19% dos acessos, com similaridade para a coloração branca das asas da flor e tamanho da bráctea da flor grande. No grupo XI foi incluído 4% dos acessos, com semelhança para o formato da seção transversal da vagem em forma de oito, coloração do anel hilar da semente diferente da cor da semente e grupo comercial jalo. Os grupos II, III, IV, V, XII e XIII foram compostos por um acesso cada (1%), sugerindo serem os mais dissimilares em relação aos demais grupos avaliados.

O CCC aplicado ao método de agrupamento pelo teste t apresentou ajuste satisfatório ( $r \geq 0,65$ ), com valores significativos ( $P \leq 0,01$ ), demonstrando a adequação entre a matriz original e a matriz resultante do processo de agrupamento.

O número de grupos formados pelo método de agrupamento de UPGMA foi maior do que aqueles pelo o método de Tocher, os dois métodos mostraram pouca similaridade nos agrupamentos de acessos. Os grupos X, XI e XII gerados pelo método de Tocher alocaram os mesmos acessos dos grupos XII, III e XIII do método UPGMA, os demais grupos não foram idênticos na disposição dos acessos.

Considerando o conjunto de características morfológicas avaliadas, os acessos que apresentaram maior dissimilaridade dentre os totais avaliados foram o 4, 45, 52, 63, 64, 94, 100 e 106 sugerindo a utilização dos mesmos em programas de melhoramento genético de feijão comum.

### **4.3 Caracterização morfoagronômica**

#### **4.3.1 Análise de variância univariada e teste de Skott-Knott**

Os dados atenderam os pressupostos da ANOVA para o teste de homogeneidade de Bartlett e o teste de normalidade de Lilliefors, e os resultados da análise de variância para as nove características avaliadas são apresentados na Tabela 10, onde observam-se diferenças significativas ( $P \leq 0,01$ ) pelo teste F para todas as características indicando a existência de diversidade genética entre os acessos.

Os coeficientes de variação (CV) apresentaram valores adequados, indicando uma boa condução experimental e pouca influência do ambiente. O menor coeficiente de variação observado foi para a característica CIC, com valor de 5,75% e a característica PROD apresentou o maior coeficiente de variação com 23,23%.

Na Tabela 11 estão os valores obtidos pelo teste de agrupamento de média de Scott-Knott ( $P \leq 0,05$ ) entre os acessos para todas as características avaliadas. A característica NDF formou dois grupos, os acessos floresceram em torno de 43 dias, sendo que os mais precoces floresceram entre os 35 e 42 dias (4, 6, 10, 11, 13, 24, 25, 29, 37, 38, 41, 45, 47, 54, 66, 67, 68, 69, 74, 86, 87, 98, 106, 108, 113, 114, 119, 121 e 123).

**Tabela 10** - Análise de variância de nove características morfoagronômicas em 95 acessos de feijão comum.

FV	GL	Quadrados Médios				
		NDF	CIC	AIV	AP	CLV
Blocos	2	19,34	5,28	46,95	169,03	0,74
Acessos	94	43,20 **	64,64 **	20,14 **	235,89 **	1,69 **
Resíduo	188	9,90	30,09	5,67	42,68	0,53
Média	-	43,87	95,41	14,99	44,45	9,44
CV (%)	-	7,18	5,75	15,89	14,70	7,74

FV	GL	Quadrados Médios			
		NSV	NSP	M100	PROD
Blocos	2	0,33	4013,98	4,756	59147,43
Acessos	94	0,894 **	15766,23 **	92,84 **	457705,56 **
Resíduo	188	0,27	1340,56	9,50	38864,84
Média	-	5,14	170,51	25,05	848,62
CV (%)	-	10,28	21,47	12,31	23,23

<sup>1</sup>NDF: número de dias para o florescimento (dias); CIC: ciclo (dias); AIV: altura média da inserção primeira vagem (cm); AP: altura média das plantas (cm); CLV: comprimento médio longitudinal das vagens (cm); NSV: número médio de sementes por vagem; NSP: número médio de sementes por planta; M100: massa média de 100 sementes (g); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>).

(\*\*) significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste de F.

Em relação a característica CIC os acessos foram divididos em dois grupos, a média geral foi de 95 dias, com amplitude de 83 dias para o acesso 47 a 105 dias para o acesso 94. Os acessos 4, 6, 8, 10, 11, 13, 15, 18, 21, 22, 27, 29, 30, 34, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 46, 47, 48, 54, 55, 60, 64, 66, 69, 72, 74, 80, 81, 83, 87, 89, 96, 98, 99, 101, 103, 106, 108, 110, 112, 113, 115, 119, 120, 122 e 123 apresentaram as menores médias de dias, variando de 83 a 96 dias. O ciclo dos acessos é classificado em precoce (<75 dias), semiprecoce (75 a 85 dias), médio (85 a 95 dias) e tardio (>95 dias). Dentre os acessos que apresentaram as menores médias para a característica, um acesso foi caracterizado em ciclo semiprecoce (47), 43 acessos com ciclo médio e sete acessos com ciclo tardio.

A média dos acessos para AIV foi de 14,99 cm, com amplitude de 9 cm para o acesso 81 a 22,60 cm para o acesso 15, ocorrendo à formação de dois grupos. Os acessos 6, 7, 9, 10, 11, 13, 14, 15, 17, 21, 22, 23, 24, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 43, 48, 49, 50, 52, 55, 60, 62, 69, 91, 92, 93, 94, 101, 103, 106, 110, 111, 112, 115 e 120 apresentaram maiores altura de inserção de vagem. Essa característica favorece o processo de colheita mecanizada, além das vagens estarem menos susceptíveis a ocorrências de doenças devido ao contato direto com solo.

**Tabela 11** - Agrupamento das médias dos acessos de feijão comum pelo método de Scott-Knott a partir de nove características morfoagronômicas.

<b>Acessos</b>	<b>NDF</b>	<b>CIC</b>	<b>AIV</b>	<b>AP</b>	<b>CLV</b>	<b>NSV</b>	<b>NSP</b>	<b>M100</b>	<b>PROD</b>
4	35,00b	88,00b	14,63b	27,50d	9,17c	4,43b	87,40f	37,00c	649,75e
5	46,33a	101,00a	14,47b	53,83a	9,33c	5,03a	148,03e	23,33e	678,59e
6	38,67b	90,09b	15,72a	32,17d	9,04c	4,90b	88,20f	23,40e	401,36f
7	47,67a	98,00a	21,23a	57,90a	10,03b	5,23a	201,23d	25,67d	1024,96e
8	43,67a	89,33b	14,60b	45,40b	9,80b	5,27a	209,83d	28,33d	1180,79d
9	45,33a	100,00a	15,37a	55,77a	9,90b	5,07a	240,23d	26,00d	1266,97d
10	38,33b	90,67b	17,33a	26,17d	8,50c	4,67b	87,83f	24,67d	433,16f
11	39,00b	88,00b	18,53a	40,17c	9,13c	4,70b	141,90e	24,67d	699,16e
13	41,67b	95,33b	17,57a	49,60b	8,77c	4,77b	144,60e	24,00e	689,02e
14	44,67a	101,33a	16,03a	47,60b	8,43c	4,47b	101,73f	19,33e	395,30f
15	45,67a	95,67b	22,60a	47,13b	9,47c	4,47b	94,67f	22,67e	427,43f
17	46,00a	102,00a	16,77a	51,37a	10,13b	5,33a	113,77f	21,00e	479,93f
18	45,67a	91,67b	14,80b	37,07c	10,27b	5,50a	136,33e	27,00d	737,38e
19	46,67a	99,67a	12,23b	35,23c	9,37c	4,90b	206,03d	21,33e	881,10e
20	44,67a	101,00a	14,57b	45,93b	8,67c	4,93b	119,07f	20,00e	473,99f
21	46,33a	89,67b	17,47a	38,60c	9,85b	5,58a	125,65e	27,62d	695,09e
22	50,67a	94,09b	18,67a	54,70a	9,33c	5,30a	181,10e	19,00e	693,09e
23	43,33a	100,33a	17,97a	52,73a	9,47c	4,90b	165,20e	26,33d	868,18e
24	42,00b	98,00a	18,17a	40,50c	10,07b	5,27a	196,17d	28,00d	1104,71d
25	41,67b	99,67a	13,80b	38,87c	9,47c	5,70a	191,57e	24,67d	945,12e
26	44,67a	99,33a	16,00a	52,97a	9,93b	5,53a	217,33d	25,33d	1095,45d
27	42,67a	93,00b	15,57a	44,40b	9,27c	5,00a	135,23e	25,67d	692,85e
28	42,67a	97,33a	15,23a	43,47b	9,20c	4,67b	127,13e	26,00d	656,96e
29	42,33b	91,67b	18,10a	42,67c	9,63b	5,30a	170,43e	27,33d	938,57e
30	44,00a	93,00b	16,73a	46,53b	10,00b	5,33a	139,03e	26,33d	734,30e
31	46,67a	101,00a	15,13a	46,13b	9,20c	5,17a	167,70e	22,67e	792,21e
32	46,67a	101,33a	12,47b	42,47c	7,87c	3,60c	64,13f	23,00e	295,62f
33	48,00a	99,59a	16,43a	52,33a	9,27c	5,70a	229,87d	16,67e	780,57e
34	45,00a	94,33b	15,67a	39,53c	9,37c	5,77a	146,63e	21,67e	637,64e
35	46,67a	89,67b	17,07a	43,37b	8,80c	5,90a	169,13e	22,33e	746,63e
36	50,00a	94,33b	16,10a	44,00b	8,37c	5,53a	276,03c	19,33e	1042,47e
37	37,15b	100,54a	17,10a	40,52c	9,81b	4,32c	95,45f	42,98b	806,89e
38	41,00b	94,33b	15,17a	47,07b	9,37c	5,23a	125,77e	23,67e	606,77f
39	46,00a	93,00b	17,17a	39,83c	8,77c	5,37a	151,33e	20,33e	622,14f

Continua...

Tabela 11 - Continuação.

<b>Acessos</b>	<b>NDF</b>	<b>CIC</b>	<b>AIV</b>	<b>AP</b>	<b>CLV</b>	<b>NSV</b>	<b>NSP</b>	<b>M100</b>	<b>PROD</b>
40	42,67a	91,67b	17,57a	50,30b	10,37b	5,53a	143,07e	24,67d	706,20e
41	42,33b	97,67a	14,00b	48,17b	8,73c	4,83b	245,03d	28,33d	1388,45c
42	43,00a	95,33b	17,40a	58,20a	9,30c	5,77a	203,03d	23,67e	963,88e
43	46,00a	95,33b	17,17a	50,63b	9,10c	5,63a	252,83d	20,00e	1006,89e
44	45,67a	99,00a	12,70b	43,80b	9,13c	4,57b	154,73e	26,00d	800,45e
45	36,67b	97,00a	14,03b	44,10b	9,87b	5,43a	115,90f	25,67d	595,73f
46	45,33a	90,00b	13,17b	39,37c	7,53c	5,10a	115,65f	19,20e	507,24f
47	42,33b	82,67b	13,17b	39,87c	8,90c	5,20a	151,57e	24,00e	731,38e
48	48,67a	94,09b	18,52a	50,97b	10,29b	5,55a	182,24e	20,40e	747,69e
49	44,67a	101,87a	16,57a	55,00a	11,50a	5,28a	173,90e	27,12d	945,10e
50	48,33a	100,59a	18,20a	54,57a	9,80b	5,93a	244,77d	23,00e	1130,45d
51	45,00a	96,09a	11,17b	43,83b	9,70b	5,23a	143,13e	23,67e	677,55e
52	44,24a	98,37a	17,42a	63,40a	12,30a	4,13c	110,60f	60,12a	1348,63c
53	48,33a	104,67a	13,30b	52,13a	9,80b	5,17a	165,27e	21,33e	704,45e
54	39,00b	93,33b	14,17b	36,67c	8,90c	4,80b	112,63f	24,33d	544,38f
55	45,67a	95,33b	16,33a	47,73b	9,87b	5,57a	149,07e	21,67e	646,58e
57	47,33a	100,00a	10,00b	40,90c	9,33c	4,97b	143,47e	22,00e	631,03f
59	43,33a	100,33a	12,07b	42,13c	9,90b	5,30a	307,80c	23,33e	1435,28c
60	45,33a	95,33b	15,00a	54,67a	9,47c	5,10a	360,43b	26,40d	1870,77b
62	44,33a	96,67a	15,80a	47,47b	9,50c	6,00a	310,25c	25,48d	1589,87c
64	49,67a	94,54b	11,90b	28,43d	9,27c	4,70b	143,90e	21,33e	627,47f
65	49,67a	101,87a	11,40b	53,03a	9,90b	5,73a	421,10a	23,67e	2005,53b
66	39,67b	94,09b	10,22b	33,47d	8,94c	5,25a	231,59d	21,90e	1017,10e
67	41,00b	97,67a	14,43b	43,93b	9,97b	5,60a	263,50c	26,00d	1306,50c
68	37,33b	98,54a	12,50b	35,12c	9,76b	5,57a	143,05e	27,48d	775,53e
69	37,65b	92,04b	15,65a	41,72c	11,01a	4,92b	98,00f	24,98d	489,13f
72	49,00a	94,09b	14,62b	43,87b	7,64c	3,90c	72,15f	24,90d	341,22f
74	38,65b	89,54b	11,95b	63,62a	9,53c	5,90a	175,57e	23,00e	740,04e
80	47,67a	93,33b	13,33b	44,90b	10,17b	5,20a	248,75d	29,00d	1467,93c
81	49,67a	94,33b	9,00b	28,77d	8,37c	4,47b	86,30f	18,57e	326,32f
83	43,24a	93,87b	14,02b	30,25d	9,00c	4,51b	66,60f	23,62e	317,46f
85	48,67a	102,00a	9,43b	22,30d	8,80c	4,93b	84,40f	20,00e	337,36f
86	41,00b	95,87a	13,07b	39,00c	9,47c	4,77b	144,63e	23,33e	675,50e
87	39,00b	88,33b	10,27b	37,33c	9,23c	5,40a	193,20e	25,90d	1002,75e
89	44,33a	95,00b	14,10b	38,43c	9,13c	5,20a	171,27e	23,33e	785,35e

Continua...

Tabela 11 - Continuação.

Acessos	NDF	CIC	AIV	AP	CLV	NSV	NSP	M100	PROD
91	50,60a	100,59a	18,37a	66,37a	10,64b	5,35a	177,80e	24,90d	880,84e
92	46,67a	99,59a	18,23a	54,67a	10,70b	5,63a	276,69c	27,33d	1516,11c
93	47,74a	99,37a	19,02a	59,25a	9,89b	6,12a	201,55d	23,62e	950,58e
94	44,00a	105,00a	15,43a	46,33b	8,80c	4,77b	91,75f	28,33d	541,90f
96	45,74a	93,87b	13,52b	46,40b	9,75b	5,28a	239,50d	26,12d	1266,57d
98	39,33b	86,00b	13,93b	46,93b	9,43c	5,30a	245,35d	22,33e	1106,47d
99	48,24a	90,37b	14,52b	34,15c	10,45b	5,18a	236,65d	16,94e	796,39e
100	46,00a	99,67a	13,67b	49,00b	10,17b	5,97a	275,50c	28,67d	1819,22b
101	44,15a	90,04b	15,10a	39,22c	9,81b	6,26a	219,35d	32,48d	1408,27c
103	45,10a	95,59b	15,62a	53,12a	9,49c	5,20a	443,00a	28,40d	2520,22a
104	47,33a	101,33a	14,10b	48,37b	9,83b	5,10a	143,00e	24,02e	765,84e
106	40,10b	88,59b	15,52a	37,52c	8,29c	3,60c	74,00f	30,40d	457,02f
108	38,00b	94,67b	12,87b	29,93d	8,87c	5,17a	110,33f	21,00e	460,66f
109	46,33a	99,59a	12,07b	49,40b	9,43c	5,30a	156,70e	23,33e	727,69e
110	45,00a	91,59b	18,77a	54,33a	9,23c	5,50a	167,50e	24,00e	803,90e
111	44,33a	96,67a	16,23a	47,67b	9,90b	5,07a	166,57e	27,67d	922,60e
112	43,00a	93,00b	16,67a	44,17b	9,43c	4,93b	146,17e	25,67d	746,84e
113	40,33b	90,33b	12,90b	38,77c	9,43c	5,63a	147,00e	22,67e	664,77e
114	37,67b	100,87a	11,70b	46,87b	10,00b	4,43b	131,30e	32,00d	810,11e
115	44,00a	89,00b	17,63a	45,23b	8,73c	5,33a	164,33e	23,33e	769,99e
116	47,00a	96,67a	13,33b	41,37c	9,60b	5,30a	133,27e	17,33e	458,48f
119	36,24b	86,37b	10,27b	20,15d	8,50c	3,88c	83,40f	26,62d	443,30f
120	44,00a	91,67b	15,90a	53,07a	9,23c	6,00a	232,77d	21,33e	990,74e
121	36,33b	97,00a	12,63b	45,67b	8,80c	4,27c	95,83f	36,67c	702,31e
122	44,00a	92,00b	14,37b	41,13c	10,00b	5,50a	230,97d	24,33d	1128,36d
123	35,33b	88,33b	11,40b	32,27d	7,63c	3,87c	82,87f	35,40c	598,22f

<sup>1</sup>NDF: número de dias para o florescimento (dias); CIC: ciclo (dias); AIV: altura média da inserção primeira vagem (cm); AP: altura média das plantas (cm); CLV: comprimento médio longitudinal das vagens (cm); NSV: número médio de sementes por vagem; NSP: número médio de sementes por planta; M100: massa média de 100 sementes (g); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>).

Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem entre si (Scott-Knott, P≤0,05).

A característica AP teve média de 44,45 cm, variando de 20,14 cm para o acesso 119 a 66,37 cm para o acesso 91, dividindo os acessos em quatro grupos. A altura ideal para a plantas de feijão é acima de 40,00 cm considerando a colheita mecanizada, nesse caso os

acessos 5, 7, 9, 17, 22, 23, 26, 33, 42, 49, 50, 52, 53, 60, 65, 74, 91, 92, 93, 103, 110 e 120 apresentaram maiores médias, considerados aptos para a colheita mecanizada.

A média do CLV foi de 9,44 cm entre os acessos, para essa característica ocorreu a formação de três grupos de médias, e a amplitude para essa característica foi de 7,53 cm para o acesso 46 a 12,30 cm para o acesso 52. Os acessos 49, 52 e 69 apresentaram maiores médias de CLV.

Em relação ao NSV houve a formação de três grupos, a média desta característica foi de cinco sementes por vagem, com amplitude de quatro sementes para o acesso 32 a seis sementes para o acesso 101. As maiores médias foram observadas nos acessos 5, 7, 8, 9, 17, 18, 21, 22, 24, 25, 26, 27, 29, 30, 31, 33, 34, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 53, 55, 59, 60, 62, 65, 66, 67, 68, 74, 80, 87, 89, 91, 92, 93, 96, 98, 99, 100, 101, 103, 104, 108, 109, 110, 111, 113, 115, 116, 120 e 122.

O NSP teve média de 170 sementes por planta e dividiu os acessos em seis grupos, os acessos 103 (443) e 65 (421) foram os que apresentaram maior quantidade de sementes por planta. E para a característica M100 os acessos foram divididos em cinco grupos com média geral de 25,05 g, apenas o acesso 52 apresentou a maior massa de grão (60,12 g). O NSV, NSP e a M100 são considerados componentes de produção de grãos de feijão, o aumento dessas características resultará em maior produção da cultura.

A característica PROD formou seis grupos, e a média dos acessos foi de 848,62 kg ha<sup>-1</sup>. De acordo com a CONAB (2022), na safra 21/22 a produtividade foi estimada em 1.152 kg ha<sup>-1</sup>, e o acesso 103 (LEP 02-11) destaca-se com maior média produtividade (2.520,22 kg ha<sup>-1</sup>), seguido dos acessos 65 (UNEMAT-30) com produtividade de 2.005,53 kg ha<sup>-1</sup>, 60 (UNEMAT-22) com 1.870,77 kg ha<sup>-1</sup> e 100 (CNFP 10104) com 1.819,22 kg ha<sup>-1</sup>.

### 4.3.2 Análise Multivariada

#### 4.3.2.1 Distância generalizada de *Mahalanobis*

A partir da distância generalizada de *Mahalanobis* ( $D_{ii'}^2$ ) em relação às nove características avaliadas, foi possível identificar a combinação com menor magnitude no valor de dissimilaridade entre os acessos 27 e 112 ( $D_{ii'}^2 = 0,53$ ), e a combinação mais divergente entre os acessos 52 e 103 com valor de magnitude da dissimilaridade de  $D_{ii'}^2 = 268,10$ . Em termos genéticos, as combinações com menor valor de magnitude são mais similares, e as com maior valor, as mais dissimilares em relação às características avaliadas.

#### 4.3.2.2 Agrupamentos de Tocher, UPGMA e Dispersão Gráfica

O agrupamento dos acessos pelo método de Tocher, estimado a partir da distância generalizada de *Mahalanobis* formou três grupos (Tabela 12). O grupo I foi o mais numeroso alocando 97,90% dos acessos, os possíveis cruzamentos entre eles diminuem a possibilidade de obtenção de acessos superiores. Os acessos desse grupo apresentaram parcial semelhança para as características NSP, M100 e PROD por possuírem menores médias.

**Tabela 12** - Agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher obtido a partir de nove características agrônômicas em 95 acessos de feijão comum.

Grupos	Acessos
I	27, 112, 28, 30, 111, 29, 40, 38, 55, 23, 31, 5, 89, 13, 44, 109, 26, 104, 51, 86, 34, 20, 53, 25, 113, 122, 57, 54, 39, 116, 17, 18, 115, 24, 11, 94, 110, 21, 47, 8, 48, 14, 45, 96, 42, 35, 19, 6, 67, 87, 9, 93, 50, 120, 7, 98, 22, 46, 72, 64, 83, 32, 68, 41, 66, 108, 43, 49, 33, 15, 10, 69, 106, 81, 91, 80, 92, 114, 62, 59, 101, 74, 99, 85, 119, 121, 36, 4, 123, 60, 37, 100 e 65
II	103
III	52

Os grupos II e III foram constituídos por apenas um acesso cada (1,05%), o acesso 103 pertencente ao grupo II apresentou maior média para as características NSP e PROD, e o acesso 52 do grupo III maior média para CLV e M100. Os acessos reunidos em grupos mais distantes dão o indicativo de serem os mais dissimilares, podendo ser considerados como promissores em cruzamentos.

Observa-se na Tabela 13 as médias da distância intragrupos e intergrupos, a distância intragrupo foi observada apenas no grupo I ( $d_i = 26,89$ ), nos grupos II e III não foi possível estimar as distâncias, uma vez que cada um deles foi constituído por um acesso. A distância intergrupo de menor proporção foi observada entre os grupos I e II ( $d_{i,ii} = 103,11$ ), e a maior distância intergrupos foi verificada entre os grupos II e III ( $d_{ii,iii} = 268,10$ ), sugerindo que os cruzamentos realizados entre os acessos desses dois grupos tendem a produzir maior diversidade formando uma base genética ampla.

O método de agrupamento hierárquico UPGMA dividiu os acessos em cinco grupos adotando-se 26% de similaridade como critério de definição (Figura 8) e a análise do CCC apresentou coeficiente de alta magnitude ( $r \geq 0,89$ ) e significativo a  $P \leq 0,01$  pelo teste t, indicando ajuste satisfatório entre a matriz de representação gráfica e a matriz original de dissimilaridade, tornando possível a execução de inferências através da análise visual do dendrograma.

**Tabela 13** - Distâncias médias intra e intergrupos estimados pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre 95 acessos de feijão comum.

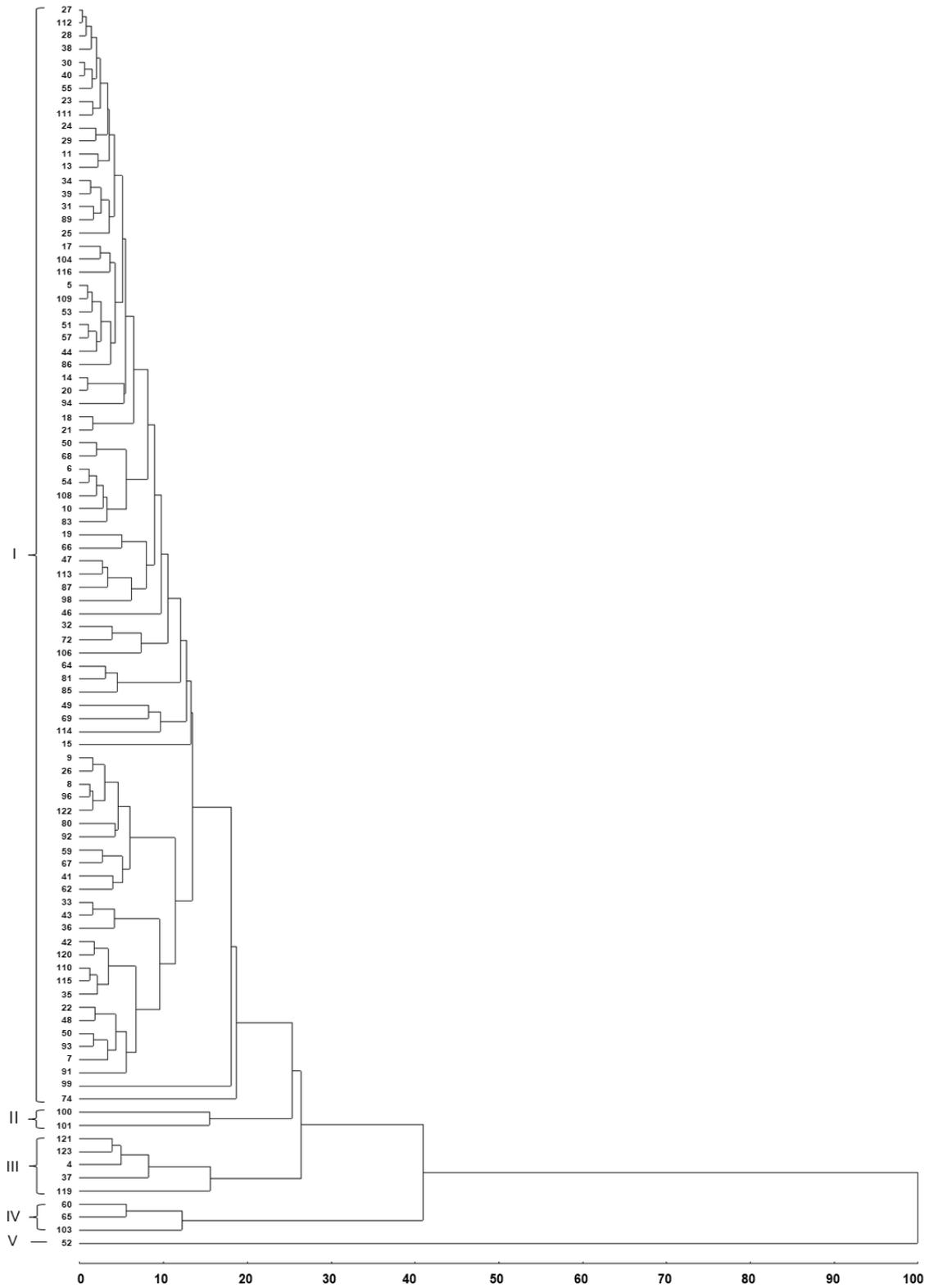
	I	II	III
I	26,89	103,11	190,82
II		-	268,10
III			-

Dentre os grupos formados, o grupo I é constituído pelo maior número de acessos (88,42%), esses resultados sugerem que cruzamentos entre os acessos deste grupo diminuem a possibilidade de obtenção de genótipos superiores, além disso, os acessos apresentaram os menores valores para as características NSP, M100 e PROD.

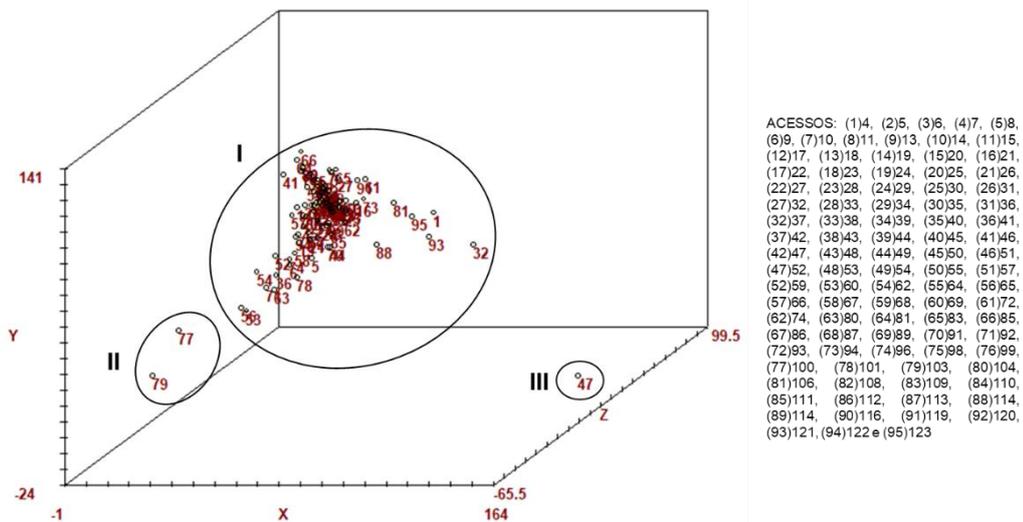
O grupo II reuniu os acessos 100 e 101 dos acessos (2,11%), ambos com maiores médias da característica NSV. No grupo III foram alocados cinco acessos (5,26%) com menores médias para FLOR e NSP. O grupo IV foi formado por três acessos (3,16%) apresentando maiores médias para PROD e o grupo V foi formado por apenas pelo acesso 52 (1,05%), respectivamente, a ocorrência de grupos com apenas um acesso sugere que sejam os mais dissimilares do total avaliado.

O número de grupos formados pelo método de agrupamento UPGMA foi maior do que o método de Tocher (Tabela 12), onde ambos os métodos apresentaram semelhança parcial na formação dos grupos. O grupo V gerado pelo método UPGMA alocou o mesmo acesso do grupo III de Tocher, os acessos dos grupos III e IV do método UPGMA fazem parte do grupo I do método de Tocher respectivamente. Os métodos são complementares e precisam ser analisados concomitantemente devido às informações das distâncias apresentadas pelo método de Tocher.

O gráfico de dispersão dos acessos de feijão de comum utilizando o modelo tridimensional (3D) permitiu visualizar a formação de três grupos, com correlação significativa entre as distâncias originais e as estimadas de 0,92 (Figura 9). A projeção 3D ilustra um grupo adensado (grupo I) constituído por 92,65% acessos, compostos pelos acessos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 78, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94 e 95, onde esses acessos apresentaram menores médias para as características NSP, M100 e PROD.



**Figura 6** - Dendrograma representativo do agrupamento de 95 acessos de feijão comum, pelo Método hierárquico UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de nove características morfoagronômicas.



**Figura 7** - Dispersão gráfica de 95 acessos de feijão comum baseado na dissimilaridade estimada a partir de nove características morfoagronômicas.

Alguns acessos ficaram incluídos em grupos distintos, o grupo II (2,11%) alocou os acessos 100 e 103 por apresentarem maiores valores para a característica PROD, e o grupo III (1,05%) incluiu o acesso 52 com maior média para o CLV e M100, a formação de grupos constituídos por um único acesso indica que este seja mais dissimilar em relação ao total avaliado.

A formação dos grupos foi parcialmente semelhante com os agrupamentos anteriores, onde apenas o grupo III gerado pela projeção 3D foi similar aos grupos III e V dos métodos de Tocher (Tabela 12) e UPGMA (Figura 8) respectivamente, os demais grupos não foram idênticos na disposição dos acessos, sendo o uso desse método adequado para visualização da dispersão dos acessos obtendo sucesso na distinção dos grupos.

#### 4.3.2.3 Contribuição relativa dos caracteres

Utilizando a distância generalizada de *Mahalanobis* foi estimado a contribuição relativa de cada característica, para a expressão da divergência genética segundo o método de Singh (1981). É possível identificar que as características agrônômicas que mais contribuiriam para a diferenciação dos acessos de feijão comum foram M100, PROD e NSP (Tabela 14).

No desenvolvimento de cultivares superiores devem ser realizados cruzamentos entre acessos de alta produtividade de grãos, que não fazem parte do mesmo grupo, e que possuem características agrônômicas desejáveis. Com isso, destacam-se os acessos 47 apresentou semiprecocidade em relação ao CIC, os acessos 52, 65 e 103 maior produção de sementes com base nos componentes de rendimento (NSV, NSP e M100) e PROD, e os acessos 52, 100, 101, e 103 maior dissimilaridade genética.

**Tabela 14** - Contribuição relativa percentual de dez características morfoagronômicas avaliadas para divergência ( $D_{ii'}^2$ ) entre 95 acessos de feijão comum.

Características <sup>1/</sup>	S. j	Contribuição (%)
NDF	12826,17	8,66
AIV	10179,21	6,87
AP	17449,35	11,79
CLV	10465,60	7,07
NSV	6955,50	4,70
NSP	22825,13	15,41
M100	32631,66	22,03
CIC	5422,15	3,66
PROD	29335,97	19,81

<sup>1/</sup>NDF: número de dias para o florescimento (dias); CIC: ciclo (dias); AIV: altura média da inserção primeira vagem (cm); AP: altura média das plantas (cm); CLV: comprimento médio longitudinal das vagens (cm); NSV: número médio de sementes por vagem; NSP: número médio de sementes por planta; M100: massa média de 100 sementes (g); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>).

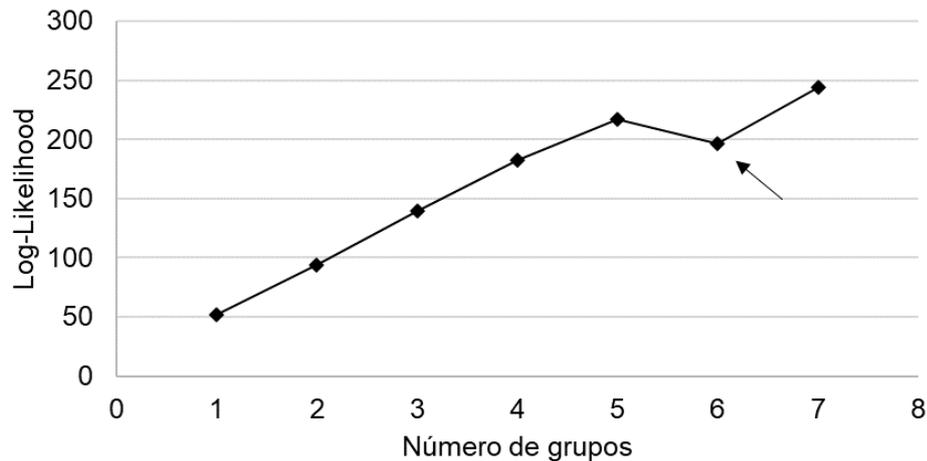
#### 4.4 Análise conjunta

##### 4.4.1 Agrupamento Ward-MLM

O agrupamento proposto pelo procedimento Ward-MLM, utilizando simultaneamente características morfológicas e morfoagronômicas foi eficiente para discriminar os 95 acessos de feijão comum. Pelos critérios pseudo-F e pseudo-t<sup>2</sup>, o número ideal de grupos foi estabelecido em seis, isso se deve ao maior aumento da função de verossimilhança que ocorreu em relação ao grupo VI com o incremento de 47,03 (Figura 10).

A estratégia de classificação Ward-MLM dividiu os 95 acessos em seis grupos, os agrupamentos foram bastante consistentes em função das probabilidades máximas de alocação dos acessos cuja média foi de 0,99 (Tabela 15). O grupo I foi composto por 16,84% dos acessos, caracterizados pelo hábito de crescimento arbustivo indeterminado II, curvatura côncava da vagem, presença de consistência da vagem e apenas uma cor na semente, e maiores médias para NDF, AIV, NSV, NSP e PROD.

O grupo II compreendeu 16,84% dos acessos com similaridade pela ausência da coloração de antocianina do hipocótilo, coloração branca das asas da flor, porte ereto da planta, largura média na seção transversal da semente e coloração do anel hilar da semente diferente cor da semente, e menor média para AP. No grupo III está incluído 15,78% dos acessos que possuem coloração padrão da flor branca, coloração de fundo da vagem verde e tamanho da bráctea da flor grande, além disso, menores médias para AIV, CLV e PROD.



**Figura 8** - Gráfico da função logarítmica da probabilidade (Log-likelihood) em relação ao número de grupos formado pela estratégia Ward-MLM em acessos de feijão comum.

No grupo IV foram alocados 17,90% dos acessos com semelhança para o tamanho médio da folha, formato elíptico a oval da seção transversal da vagem e ciclo tardio, esses acessos também apresentaram maiores médias para AP. O grupo V foi o mais numeroso incluindo 25,26% dos acessos, similares para características formato acuminado médio do ápice terminal da folha, coloração verde da última curva da quilha da flor e textura áspera da superfície da vagem, e maior média para a característica CLV. E o grupo VI, composto por 7,38% dos acessos, caracterizados pelo tamanho médio da bráctea da flor, ausência de cor secundária da vagem e largura na seção transversal da semente largo, e menores médias para NDF, CIC, NSV e NSP.

**Tabela 15** - Agrupamento dos 95 acessos de feijão comum gerado pelo método Ward-MLM.

Grupos	Acessos
I	7, 22, 33, 35, 36, 39, 43, 48, 50, 60, 62, 65, 92, 93, 103 e 120
II	6, 10, 11, 27, 28, 45, 54, 66, 68, 69, 83, 86, 87, 108, 113 e 114
III	5, 14, 20, 32, 44, 46, 51, 53, 57, 72, 81, 85, 94, 104 e 109
IV	9, 13, 15, 17, 23, 26, 31, 38, 41, 42, 49, 55, 74, 91, 100, 110 e 116
V	8, 18, 19, 21, 24, 25, 29, 30, 34, 40, 47, 59, 64, 67, 80, 89, 96, 98, 99, 101, 111, 112, 115 e 122
VI	4, 37, 52, 106, 119, 121 e 123

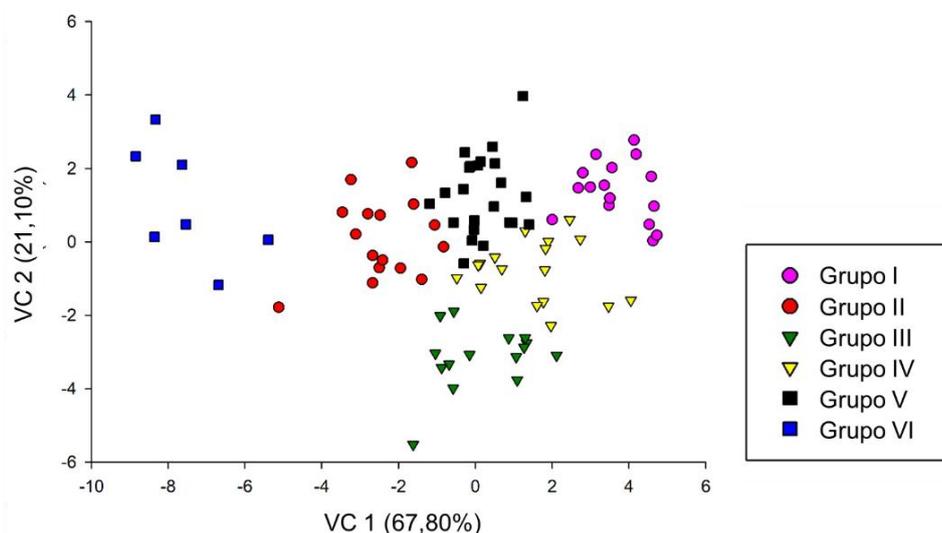
A dissimilaridade dos grupos baseada na distância de *Mahalanobis* pela estratégia Ward-MLM demonstrou que a menor distância foi observada entre o grupo IV e o V, com valor estimado de 8,44, mostrando alta similaridade entre os acessos que compõem esse grupo. A

maior dissimilaridade com magnitude de 62,72 ocorreu entre o grupo I e o VI, esta distância entre os grupos podem indicar possíveis cruzamentos visando a exploração da heterose, aumentando a concentração de alelos favoráveis das características de interesse (Tabela 16).

**Tabela 16** - Distância entre os grupos formados pela estratégia Ward-MLM.

	I	II	III	IV	V	VI
I	0	36,12	26,21	10,26	14,43	62,72
II		0	17,24	15,66	10,35	18,88
III			0	8,55	18,84	38,40
IV				0	8,44	45,69
V					0	36,02
VI						0

Na análise baseada nas variáveis canônicas (VC) foi verificado que as duas primeiras variáveis explicaram 88,90% da variação entre os seis grupos formados, o valor indica que um gráfico bidimensional é adequado para visualizar a relação entre os grupos (Figura 11). Observa-se o distanciamento do grupo VI e a aproximação dos demais grupos, esses resultados estão em consonância aos obtidos pelas distâncias, no qual se verifica que os grupos I e VI são os mais distantes, enquanto os grupos IV e V os mais próximos (Tabela 16).



**Figura 9** - Distribuição das duas primeiras variáveis canônicas (VC) demonstrando a formação de seis grupos pela estratégia Ward-MLM.

Os acessos do grupo I apresentaram melhor desempenho para as características AIV, NSV, NSP e PROD, e o grupo VI, menores médias para NDF e CIC. Esses grupos reuniram acessos com melhores desempenhos morfoagronômicos, apresentando um distanciamento

de 62,72 e, portanto, podem ser um indicativo de possíveis cruzamentos de acessos entre os dois grupos, visando à complementação de alelos favoráveis para as características avaliadas, já que, de acordo com os resultados, esses grupos seriam complementares.

## 5 DISCUSSÃO

### 5.1 Caracterização molecular

#### 5.1.1 Diversidade genética

O uso de marcadores microssatélites tem demonstrado uma ferramenta útil para auxiliar as principais fases de tomada de decisão em programas de melhoramento de feijão comum, com base no conhecimento da diversidade genética existente entre seus acessos (MORAIS *et al.*, 2016). Um parâmetro importante para estimar essa diversidade genética é o número de alelos encontrados por loco, sendo fundamental para a escolha de populações que irão compor esses programas, pois quanto maior o número de alelos presentes em uma população, maior é a sua diversidade e, conseqüentemente, maior é a chance de se encontrar combinações genotípicas favoráveis (PETIT *et al.*, 1998).

DELFINI *et al.* (2017) avaliando o potencial agrônômico de 39 cultivares de feijão comum dos grupos carioca e grãos pretos, com base em descritores morfoagronômicos e marcadores SSR, observaram que o número de alelos por loco variou de 1 a 8, com média de 3,40 e 2,89 alelos por loco para os grupos carioca e preto, respectivamente. Entretanto, resultados semelhantes foram observados por OLIVEIRA *et al.* (2021), em estudo da diversidade genética de linhagens endogâmicas recombinantes de feijão comum através de 18 marcadores SSR, observaram que o primer PV-ctt001 destacou-se como o mais informativo dos locos com maior número de alelos. O referido primer juntamente com o PV-BR185 foram os que apresentaram maiores números de alelos neste trabalho.

Como o feijão comum é uma planta autógama observou-se que para todos os locos a heterozigidade observada para cada loco foi menor que a heterozigidade esperada, segundo LONDERO *et al.* (2009) a homozigose é ocorrente na espécie por apresentar autofecundação igual ou superior a 95%. GIOIA *et al.* (2019) em estudo para determinar a variação genética e o grau de parentesco entre 192 cultivares de feijão comum usando 58 marcadores SSR, verificaram que a heterozigidade esperada foi maior que a heterozigidade observada. Entretanto, SAVIĆ *et al.* (2021) avaliando a diversidade genética de germoplasma de feijão comum da Sérvia através de 27 marcadores SSR, observaram que para 17 primers a heterozigidade observada foi maior que esperada sugerindo excesso de heterozigotos na população.

O principal efeito da endogamia é reduzir a heterozigose observada em uma determinada população/espécie, quando comparada com a heterozigidade esperada (KAGEYAMA *et al.*, 2003). Os resultados assemelham com CATARCIONE *et al.* (2023), em pesquisa da diversidade genética e estrutura populacional de variedades crioulas de feijão comum na região do Lácio na Itália, observaram valores positivos variando de 0,951 a 1.

Através da classificação sugerida por BOTSTEIN *et al.* (1980) o PIC indica a qualidade do marcador molecular em estudos genéticos, valores abaixo de 0,25 são definidos como pouco informativos, de 0,25 a 0,5 medianamente informativos e superiores a 0,5 muito informativos. Além disso, o valor de PIC está relacionado com o número de alelos, que, por sua vez, está diretamente associado à divergência genética e ao número de acessos em estudo.

Resultados semelhantes foram encontrados por VIDAK *et al.* (2021), avaliando a origem e diversidade do germoplasma de feijão comum croata usando o tipo de faseolina, marcadores SSR e SNP e traços morfológicos, encontraram valores de PIC entre 0,310 a 0,862 com média de 0,497. Esses resultados concordam com os de CATARCIONE *et al.* (2023), onde os autores observaram valores variando de 0,263 a 0,868, com média de 0,572.

A maior parte da diversidade genética de feijão comum foi observada dentro das populações, esse resultado condiz com PIPAN e MEGLIČ (2019) avaliando a diversificação e estrutura genética da progressão ocidental-oriental do germoplasma europeu de feijão comum, observaram que 89% da variabilidade molecular está dentro dos 782 acessos, com 4% de variabilidade molecular entre as diferentes origens geográficas ao longo da linha ocidental-oriental do sul da Europa.

ÖZKAN *et al.* (2022) em estudo da diversidade genética e a estrutura da população de variedades de feijão comum na Turquia usando marcadores SSR, os resultados da AMOVA revelou que a variância dentro da população (66%) foi maior do que a variação entre populações (34%).

### 5.1.2 Agrupamento pelo método UPGMA

O agrupamento dos acessos de feijão comum pelo método UPGMA com base nos marcadores SSR demonstrou que a organização e distribuição da diversidade genética não estão relacionadas à origem geográfica e pool gênico. Resultados semelhantes foram observados por ÖZKAN *et al.* (2022), onde o agrupamento dos genótipos de feijão comum mostrou que não houve relação significativa entre origem geográfica e similaridade genética, os autores sugerem haver alguma introdução recente de uma fonte comum.

EKBIÇ e HASANCAOĞLU (2019), em pesquisa da caracterização morfológica e molecular (SSR) de 33 genótipos locais de feijão comum coletados na província de Ordu na Turquia, concluíram que a análise de agrupamento de UPGMA não resultou na separação geográfica dos genótipos com base na cidade, tal caso ocorreu porque os produtores locais de feijão geralmente produzem suas próprias sementes e as sementes de uma localidade são servidas para diferentes mercados locais.

O CCC é utilizado para avaliar a confiabilidade dos agrupamentos gerados, ROHLF (1970) estabeleceu valores superiores a 0,70 como limite para indicar que o método de

agrupamento está adequado. Entretanto, VAZ PATTO *et al.* (2004) admite que valores acima de 0,56 podem ser considerados ideais, o resultado obtido neste trabalho (0,66) está dentro do limite sugerido pelos autores.

POSSOBOM (2018) em estudo da diversidade genética de linhagens de feijão preto e carioca recomendadas no Brasil nos últimos 50 anos, obteve o valor do CCC de 0,63, significativo ( $P \leq 0,01$ ) pelo teste t, indicando que o dendrograma reflete a matriz de dissimilaridade genética de forma adequada. SANTOS *et al.* (2022) avaliando a diversidade genética entre variedades locais e cultivares de feijão comum, observaram valores do coeficiente de correlação cofenética de 0,77 e significativo ( $P \leq 0,01$ ) pelo teste t.

### 5.1.3 Análise de Coordenadas principais (PCoA)

A análise de PCoA em termos de amostragem/distribuição geográfica indicaram que mesmo os acessos sendo de diferentes locais de coleta se agruparam juntos, o que implica em uma troca significativa de materiais de plantio entre os agricultores em diferentes regiões do país. FISSEHA *et al.* (2016) em estudo da diversidade genética e estrutura populacional de germoplasma de feijão comum da Etiópia através de marcadores SSR, observaram na análise de PCoA que os acessos de diferentes locais de coleta se agrupassem juntos.

PIPAN e MEGLIČ (2019) avaliando a diversidade e estrutura genética de germoplasma europeu de feijão comum, observaram que o padrão de distribuição dos acessos gerou dois grupos (andino e mesoamericano), combinando assim os acessos de todas as origens geográficas selecionadas. GYANG *et al.* (2020) em estudo da diversidade genética e estrutura populacional de germoplasma de feijão comum do Quênia, observaram que os genótipos não formaram grupos distintos evidenciando a mistura de populações no gráfico de dispersão da análise de PCoA.

### 5.1.4 Estrutura de população

O conhecimento sobre a diversidade genética de acessos de feijão comum tem sido o grande interesse de muitos pesquisadores, sendo essencial o entendimento de sua estrutura genética como ferramenta para auxiliar na determinação de estratégias de conservação, caracterização e uso.

Por meio da análise da estrutura populacional implementada pelo software Structure os acessos foram separados em três grupos de maior similaridade genética, esses resultados assemelham com DELFINI *et al.* (2021) avaliando a estrutura populacional, diversidade genética e seleção genômica em germoplasma de feijão comum brasileiro, observaram a divisão dos acessos em três grupos ( $k = 3$ ). Entretanto, VIDAČEK *et al.* (2021), em estudo da origem e diversidade do germoplasma de feijão comum croata usando o tipo de faseolina,

marcadores SSR e SNP e traços morfológicos, encontraram valores de  $K = 2$  e  $K = 3$  conforme a análise de estrutura populacional para ambos marcadores moleculares.

De acordo com BLAIR *et al.* (2013), o conceito de pool gênico puro para o germoplasma de feijão comum do Brasil não é necessariamente válido, pois muitos acessos são resultado de introgressão. Devido a isso, algumas variedades brasileiras (jalo e carioca) não são consideradas tipos representativos de um único pool gênico. ALMEIDA *et al.* (2020) avaliando a diversidade genética, estrutura populacional e introgressão andina em cultivares de feijão comum, observaram através da análise da estrutura populacional a presença de introgressão entre os acessos avaliados e que os acessos mesoamericanos apresentaram a maior taxa de introgressão comparada com a andina.

## **5.2 Caracterização morfológica**

### **5.2.1 Medidas de dissimilaridade**

O feijão comum possui uma enorme variabilidade genética disponível, a existência dessa variabilidade sugere que os acessos avaliados podem ser explorados em programas de melhoramento. O conhecimento da diversidade genética entre as cultivares locais e as melhoradas é importante pois possibilita explorar a variabilidade existente e já adaptada às condições climáticas de regiões específicas (FRANCO *et al.*, 2001).

KLOSTER *et al.* (2011) estimando a divergência genética através de caracteres morfológicos em cultivares de feijoeiro em Cáceres-MT, observaram amplitude de dissimilaridade genética variando de 0,11 a 0,71. SANTOS *et al.* (2015) caracterizando a variabilidade genética de diferentes acessos de feijoeiro comum na região de Cáceres-MT, encontraram amplitude de 0,07 a 0,93 de dissimilaridade genética.

### **5.2.2 Agrupamentos de Tocher e UPGMA**

O método de agrupamento por otimização de Tocher constitui-se do agrupamento simultâneo, o qual realiza a separação dos acessos em grupos de uma só vez (BISPO *et al.*, 2020). Nos resultados deste trabalho foram observadas formações de grupos com um único acesso, possibilitando a seleção dos mais divergentes para uso no melhoramento genético. Em pesquisas avaliando a divergência genética em acessos de feijão comum através de características morfológicas, GONÇALVES *et al.* (2014) e SANTOS *et al.* (2015), também observaram a ocorrência de grupos com apenas um indivíduo, sugerindo a presença de variabilidade genética.

Além disso, o método de Tocher utiliza um único critério de agrupamento e possui a particularidade de apresentar a distância média dentro dos grupos sempre menor que a

distância média entre os grupos (BISPO *et al.*, 2020). Seguindo o princípio estabelecido pelo método, os valores obtidos das distâncias intragrupos foram inferiores a qualquer distância intergrupos.

No agrupamento gerado pelo método hierárquico de UPGMA, a formação de grupos com apenas um acesso indica que são os mais divergentes quando comparado aos demais, facilitando a prospecção dos trabalhos em programas de melhoramento genético (OLIVEIRA *et al.*, 2022). Em pesquisas avaliando da divergência genética em feijão comum GUIDOTI *et al.* (2018) e OLIVEIRA *et al.* (2021) consideraram o método de agrupamento de UPGMA promissor para diferenciar os acessos de feijão comum com base em características morfológicas.

O CCC é um coeficiente de correlação que quantifica a concordância entre os valores originais da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética (CRUZ e CARNEIRO, 2006). Resultados semelhantes a estes foram obtidos por CARGNELUTTI FILHO *et al.* (2010), avaliando oito medidas de dissimilaridade e oito métodos de agrupamento de feijão comum gerando coeficientes de correlação cofenética, obteve média do CCC de 0,67, revelando variabilidade na consistência do padrão de agrupamento.

Os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA apresentaram semelhança parcial nos agrupamentos dos acessos, esses resultados coincidem com GONÇALVES *et al.* (2014) avaliando a divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros através de características da semente também observaram concordância parcial entre os métodos de agrupamentos de Tocher e UPGMA. Entretanto, difere de RODRIGUES *et al.* (2021), onde os acessos foram alocados de forma semelhantes em ambos os métodos de agrupamento analisado (Tocher e UPGMA).

### **5.3 Caracterização morfoagronômica**

#### **5.3.1 Análise de variância Univariada e teste de Skott-Knott**

Os acessos de feijão avaliados diferiram estatisticamente quanto as características morfoagronômicas avaliadas, o que sugere diversidade entre eles, isso sugere que tais materiais podem ser explorados quanto a seleção de genitores para hibridação objetivando ganhos genéticos em programas de melhoramento da cultura. De acordo com CRUZ *et al.* (2014), a existência de diversidade em uma população é fator determinante para o sucesso em qualquer programa de melhoramento.

Considerando-se os valores do coeficiente de variação experimental, os resultados indicam que a precisão experimental está adequada. Os resultados obtidos assemelham com outros autores, como ALVES *et al.* (2020) comparando o desempenho agrônômico de cultivares de feijoeiro do grupo comercial carioca na região de Jaboticabal-SP, observaram a

amplitude dos coeficientes de variação de 4,14% para M100 a 28,80% para NVP. SANTOS *et al.* (2022) avaliando a diversidade genética entre raças e cultivares de feijão comum através de características agronômicas em Santa Maria-RS, obtiveram amplitude dos coeficientes de variação de 6,24% para M100 e 28,18% para NSV.

A precocidade pode ser explorada para evitar condições ambientais adversas e/ou escapar de ataques de patógenos que podem afetar a produção de grãos (RAGGI *et al.*, 2019). Pesquisa realizada por NAGEL *et al.* (2020) avaliando o desempenho agronômico de genótipos de feijão comum do grupo comercial carioca no Cerrado-Pantanal, obtiveram média para FLOR de 37 dias. RODRIGUES *et al.* (2021) avaliando a caracterização morfoagronômica de genótipos de feijoeiro comum quanto à precocidade de cultivo em Cáceres-MT, encontraram média de 37 dias para FLOR.

Em relação ao ciclo, os acessos são caracterizados em função do número de dias decorridos entre a emergência das plântulas e a maturação fisiológica dos grãos em precoce (<75 dias), semiprecoce (75 a 85 dias), médio (85 a 95 dias) e tardio (>95 dias) (SOUZA *et al.*, 2013). Os resultados obtidos neste trabalho aproximaram-se dos valores encontrados por SIEGA *et al.* (2022), em pesquisa de formação de um BAG com sementes de feijão comum cultivadas e mantidas por pequenos agricultores no oeste de Santa Catarina e noroeste do Rio Grande do Sul, os autores caracterizam os genótipos como 32 variedades de ciclo médio e quatro tardias.

A AIV é uma característica genética de cada cultivar que pode variar conforme as condições edafoclimáticas de cada região de cultivo (DONATO *et al.*, 2021). Os resultados estão próximos aos de LEITE *et al.* (2019) em estudo da diversidade genética em cultivares e linhagens de feijão comum utilizando análises multivariadas, os autores observaram média de 14,98 cm para AIV. E AREVALO *et al.* (2021) avaliando o desempenho agronômico de genótipos de feijão comum roxo na região do ecótono Cerrado-Pantanal obtiveram média de 14,89 cm para AIV.

A altura de planta ideal para a colheita mecanizada de feijão comum é acima de 40 cm (HIOLANDA *et al.*, 2018), os resultados obtidos neste trabalho estão dentro do padrão sugerido pelos autores. BARCELOS *et al.* (2020) estudando o desempenho agronômico de genótipos de feijão comum dos grupos comerciais carioca e preto na região do ecótono Cerrado-Pantanal, obtiveram média de 52,67 cm de altura de plantas. RIBEIRO *et al.* (2022) avaliando a diversidade genética de genótipos de feijoeiro comum para caracteres agronômicos em Santa Maria-RS, observaram média de 63,66 cm para altura de plantas.

Em relação a característica CLV, os resultados desse trabalho estão próximos aos de DONATO *et al.* (2021), os autores avaliaram o desempenho agronômico de cultivares de feijão comum em função da população de plantas em Uberaba-MG, obtiveram média de 11,51 cm para comprimento. De acordo com KAPPES *et al.* (2008) as características AP, AIV e CLV da

planta devem ser levadas em consideração por serem determinantes no processo de colheita mecanizada.

Na seleção de genótipos de feijão produtivos o NSV, NSP e M100 são considerados características importante por estarem relacionadas aos resultados de produtividade (SCHMITZ *et al.*, 2020). Os resultados de obtidos por NAGEL *et al.* (2020) e DONATO *et al.* (2021) para a característica NSV foram superiores ao deste trabalho, com média geral de 5,45 e 6,01 sementes por vagens, respectivamente.

Em relação ao NSP, as médias obtidas para essa característica foram superiores aos encontrados por CARDOSO *et al.* (2021) avaliando a eficiência técnica e econômica da inoculação na cultura do feijão irrigado, obtiveram média de 43,97 sementes por planta. DUARTE *et al.* (2021) em estudo da produtividade e qualidade de sementes de feijão em resposta a fertilizante mineral, biofertilizante e pó de rocha, encontraram valor médio de 41,95 sementes por planta.

A M100 sementes é um dos aspectos fundamentais no rendimento de grãos de feijão comum, controlado por um grande número de fatores genéticos, e também as condições ambientais influenciam a modificação das sementes (GONZÁLEZ *et al.*, 2021). Os resultados obtidos foram superiores ao de ROCHA *et al.* (2021) estudando os componentes da produção do feijão preto cultivado em solo arenoso a característica M100 teve média de 23 g.

A característica PROD apresentou variação entre os acessos, onde a média do experimento ficou abaixo da produtividade média nacional (848,62 kg ha<sup>-1</sup>), que segundo a CONAB (2022) na safra 21/22 foi de 1.152 kg ha<sup>-1</sup>, entretanto, alguns acessos destacaram-se com produtividade superior a estimativa apresentada. Em pesquisa realizada por BARCELOS *et al.* (2020), os autores observaram que a média obtida no experimento (1.073,98 kg ha<sup>-1</sup>) foi superior à média nacional estimada para a safra da “seca” no ano agrícola de 2017 (886 kg ha<sup>-1</sup>). DUARTE *et al.* (2021) encontraram produtividade entre os genótipos (1.853,52 kg ha<sup>-1</sup>) maior que a produtividade média nacional na safra 18/19 (1.031 kg ha<sup>-1</sup>).

### **5.3.2 Análise Multivariada**

#### **5.3.2.1 Distância generalizada de *Mahalanobis***

A caracterização da diversidade genética de raças e cultivares de feijoeiro é de grande importância para os programas de melhoramento. Essas informações são essenciais para identificar características favoráveis e definir combinações para hibridações mais promissoras para programas de melhoramento (SANTOS *et al.*, 2022). A amplitude observada com base nas medidas de dissimilaridade geradas pela distância generalizada de *Mahalanobis* evidencia a diversidade genética entre os acessos de feijão comum avaliados.

PEREIRA *et al.* (2019) avaliando a diversidade genética entre cultivares de feijoeiro com base em características agrônomicas e marcadores moleculares observaram amplitude de dissimilaridade variando de 0,16 a 0,64, revelando a variabilidade genética existente entre estes acessos. SANTOS *et al.* (2019) estimando a divergência genética entre genótipos de feijão comum na região centro-sul do estado de Mato Grosso, encontraram elevada variação de 1,51 a 346,01 de magnitude de da dissimilaridade genética.

### 5.3.2.2 Agrupamentos de Tocher, UPGMA e Dispersão Gráfica

No método de otimização de Tocher realiza-se a partição do conjunto de acessos em subgrupos, adotando o critério a média das medidas de dissimilaridade (VASCONCELOS *et al.*, 2012). A utilização do método fundamentado na matriz de dissimilaridade possibilitou a distribuição dos acessos divergentes nos grupos diferentes. Resultados semelhantes foram verificados por OLIVEIRA *et al.* (2021) e RIBEIRO e MAZIERO (2023), os autores observaram a formação de grupos com números de genótipos diferenciados, onde a grande maioria foi inserida em um único grupo e alguns genótipos ficaram isolados em grupos distintos.

De acordo QUADROS *et al.* (2022), com essa formação de grupos os cruzamentos pertencentes a grupos diferentes podem ser mais efetivos, com preferência entre os grupos mais distantes. Além da formação de grupos, método de Tocher adota como critério a dissimilaridade média dentro de cada grupo, devendo ser menor que as distâncias médias entre grupos (CRUZ *et al.*, 2012).

A formação de grupos distintos método de agrupamento UPGMA indica a possibilidade de seleção de acessos divergentes para uso em programas de melhoramento genético (SIQUEIRA *et al.*, 2020). Neste trabalho foi observado apenas um grupo composto por um único acesso, sugerindo ser o mais dissimilar. KLÄSENER *et al.* (2022) estimando a divergência genética e seleção de cultivares de feijão de diferentes tipos de grãos baseada em características físicas observaram a formação de três grupos, sendo um deles composto por apenas um genótipo.

O valor de CCC superior a 0,7 indica bom ajuste do método de agrupamento, tornando possível a execução de inferências através da análise visual do dendrograma (STRECK *et al.*, 2017; CRISPIM *et al.*, 2019). O resultado do CCC obtido nesta pesquisa mostra ajuste adequado do método de agrupamento aplicado, além disso, o valor do CCC neste estudo foi superior ao obtido na pesquisa de RIBEIRO *et al.* (2022) os autores encontraram valor de 0,75 para o CCC avaliando a divergência genética e seleção combinada para características que proporcionam alto desempenho agrônomico em linhagens de feijão.

Os agrupamentos gerados pelo método de Tocher e UPGMA mostram a importância em comparar mais de um método de agrupamento quando se avalia a diversidade genética. De acordo com BERTAN *et al.* (2006), o método de Tocher discrimina cada grupo e o UPGMA

discrimina cada genótipo, podendo inferir com maior segurança no emprego de genitores em programas de melhoramento.

A análise de dispersão gráfica permite de forma estratégica a seleção dos acessos divergentes, sendo estes, possíveis candidatos para fomentar futuros programas de melhoramento (OLIVEIRA *et al.*, 2019). LEITE *et al.* (2019) observaram que as 25 cultivares/linhagens de feijão comum foram agrupadas de forma semelhantes pelos métodos de otimização de Tocher, UPGMA e projeção gráfica.

### **5.3.2.3 Contribuição relativa dos caracteres**

A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética observada entre os acessos foi estimada pelo método de SINGH (1981). Esse método considera que as características de maior importância expressam maior variabilidade genética. Aplicando a mesma metodologia, QUADROS *et al.* (2022) verificaram que o número de sementes por planta foi o caráter que mais contribuiu para a diversidade genética do feijão comum.

SANTOS *et al.* (2022) identificaram que as duas características agronômicas que mais contribuiriam para a diferenciação dos genótipos de feijão comum foram a massa de 100 grãos e o ciclo, com base nos resultados os autores não sugeriram nenhuma característica para descarte.

## **5.4 Análise conjunta**

### **5.4.1 Agrupamento Ward-MLM**

A estratégia multivariada Ward-MLM permitiu verificar a variabilidade e quantificar a diversidade genética com base nas características morfológicas e morfoagronômicas entre os acessos e feijão comum avaliados. De acordo com GONÇALVES *et al.* (2009) este método permite definir o número ótimo de grupos e identificar com segurança a probabilidade real de cada acesso ser atribuído a um determinado cluster. Com base nisso, o maior incremento observado nos resultados da análise sugeriu a formação de seis grupos.

Na pesquisa realizada por DELFINI *et al.* (2020) estimando a diversidade nutricional em sementes de feijão comum, os autores verificaram que o maior incremento na função de verossimilhança logarítmica foi na constituição de cinco grupos. SANTOS NETO *et al.* (2023) em estudo da caracterização morfoagronômica e molecular em acessos de feijão de vagem, observaram que na análise multivariada de Ward-MLM o número ideal de grupos foi dois de acordo com a função logarítmica.

No gráfico de dispersão foi possível observar que as duas primeiras variáveis canônicas obtidas através do procedimento Ward-MLM explicaram mais de 80%, com isso, a representação da diversidade genética através do gráfico bidimensional foi suficiente para a visualização da relação entre os grupos.

BARBÉ *et al.* (2010), usando o mesmo procedimento em feijão de vagens obteve 96% da variação total nas linhagens, e que o alto valor sugere que a representação gráfica das duas primeiras variáveis canônicas é adequada para verificar a relação entre grupos. DELFINI *et al.* (2020) observaram que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram 87,07% da variação total para os cinco grupos formados pelo método Ward-MLM.

## 6 CONCLUSÕES

Os acessos de feijão comum apresentaram variabilidade genética, sendo possível explorar em programas de melhoramento.

Os marcadores moleculares SSRs utilizados neste estudo foram eficientes para detectar a variabilidade genética, considerados ferramentas complementares para fornecer uma compreensão completa da diversidade disponível entre os acessos de feijão comum.

O uso dos descritores morfológicos permitiu identificar os acessos divergentes, sugerindo a utilização em programas de melhoramento genético de feijão comum.

Os acessos 47, 52, 65 e 103 apresentaram melhor desempenho agrônômico e dissimilaridade genética com base nas características morfoagronômicas. As características NSV, M100 e PROD foram as que mais contribuíram para a divergência genética dos acessos de feijão comum.

A análise conjunta foi eficiente na discriminação dos acessos, demonstrando que a análise simultânea de dados é viável e permitir maior eficiência no conhecimento da divergência entre os acessos de feijão comum.

Nesse sentido, confirmou-se a diversidade através da dissimilaridade genética apresentada pelos acessos com base nos resultados morfoagronômicos e moleculares, sendo os acessos 4, 32, 37, 45, 52, 63, 64, 94, 100, 101, 103, 106, 119, 121 e 123 considerados mais divergentes podendo resultar em ganhos genéticos quando empregados em programas melhoramento via hibridação.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AIDAR, H.; KLUTHCOUSKI, J. Realidade versus Sustentabilidade na Produção de Feijoeiro Comum. *In: KLUTHCOUSKI, J.; STONE, L.F.; AIDAR, H. Fundamentos para uma agricultura sustentável, com ênfase na cultura do feijoeiro.* Santo Antônio de Goiás, Embrapa Arroz e Feijão, 2009. p.452.
- ALMEIDA, C.M.A.; LIMA, S.E.N.; LIMA, G.S.A.; BRITO, J.Z.; DONATO, V.M.T.S.; SILVA, M.V. Caracterização molecular de cultivares de cana-de-açúcar utilizando marcadores ISSR. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, Edição Especial, p. 1771 -1776, 2009.
- ALMEIDA, C.P.D.; PAULINO, J.F.D.C.; CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; SONG, Q.; DI VITTORI, V.; *et al.* Genetic diversity, population structure, and Andean introgression in Brazilian common bean cultivars after half a century of genetic breeding. **Genes**, v. 11, n. 11, p. 1298, 2020.
- ALVES, M.V.P.; FILLA, V.A., COELHO, A.P.; LEAL, F.T.; BETTIOL, J.V.T.; LEMOS, L.B. Desempenho agrônômico e qualitativo de cultivares de feijoeiro dos grupos comerciais carioca e especial na época de inverno. **Revista de la Facultad de Agronomía**, v. 119, n. 1, p. 1-15, 2020.
- AMARAL JUNIOR, A.T. **Análise dialéctica de betacaroteno, vitamina C, sólidos solúveis e produção e variabilidade em cultivares de tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill.) via marcadores RAPD.** 1996. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.
- ANGIOI, S.A.; DESIDERIO, F.; RAU, D.; BITOCCHI, E.; ATTENE, G.; PAPA, R. Development and use of chloroplast microsatellites in *Phaseolus spp.* and other legumes. **Plant Biology**, v. 11, n. 4, p. 598-612, 2009.
- AREVALO, A.C.M.; SANTANA, D.C.; SANTOS, L.H.D.; KRAESKI, M.J.; ARGUELHO, S.B.D.; SILVA, R.S.; DUARTE, C.S.; CARDOSO, D.L. Análises multivariadas em genótipos de feijão roxo no ecótono Cerrado-Pantanal. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 16, p. e517101623749, 2021.
- BARBÉ, T.C.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; SCAPIM, C.A. Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. **Euphytica**, v. 173, n. 3, p. 337-343, 2010.
- BARBOSA, F.R.; GONZAGA, A.C.O. **Informações Técnicas para o Cultivo do Feijoeiro Comum na Região Central-brasileira: 2012-2014.** Santo Antônio de Goiás, Embrapa Arroz e Feijão. 2012. p.247.
- BARBOSA, F.R.; MARTINS, F.A.D.; OLIVEIRA, L.F.C.; SILVA, A.G.; GONZAGA, A.D. **O Sistema de produção integrada do feijão-comum na região Central Brasileira.** Santo Antônio de Goiás, Embrapa Arroz e Feijão. 2018. p.28.
- BARCELOS, F.H.R.; SANTOS, C.M.G.; PANTALEÃO, A.A.; SILVA, J.A.S.; CAPRISTO, D.P. Desempenho agrônômico de genótipos de feijão comum cultivados no ecótono Cerrado-Pantanal. **Research, Society and Development**, v. 9, n. 8, p. e140983668, 2020.
- BASU, P.; ZHANG, Y.; LYNCH, J.P.; BROWN, K.M. Ethylene modulates genetic, positional, and nutritional regulation of root plagiogravitropism. **Functional Plant Biology**, v. 34, n. 1, p. 41-51, 2007.

BELLUCCI, E.; BITOCCHI, E.; RAU, D.; RODRIGUES, M.; BIAGETTI, E.; GIARDINI, A.; ATENE, G.; NANNI, L.; PAPA, R. Genomics of origin, domestication and evolution of *Phaseolus vulgaris*. **Genomics of plant genetic resources**, p. 483-507, 2014.

BERNARDO, R. Molecular markers and selection for complex traits in plants: learning from the last 20 years. **Crop Science**, v. 48, n. 5, p. 1649-1664, 2008.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VIEIRA, E.A.; HARTWIG, I.; SILVA, J.A.G. *et al.* Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.

BERTOLDO, Juliano Garcia. **Melhoramento de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para condições de cultivo da Serra Catarinense com o uso de germoplasma promissores: ciclo de planta prolongado e elevada estatura**. 2011. Tese (Doutorado em Recursos Genéticos Vegetais), Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2011.

BISPO, R.B.; DARDENGO, J.D.F.E.; BISPO, R.B.; BISPO, R.B.; ROSSI, A.A.B. Divergência genética entre genótipos de *Mauritia flexuosa* L. f. por meio de morfometria de frutos e sementes. **Nativa**, v. 8, n. 4, p. 585-590, 2020.

BITOCCHI, E.; BELLUCCI, E.; GIARDINI, A.; RAU, D.; RODRIGUEZ, M.; BIAGETTI, E.; *et al.* Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. **New Phytologist**, v. 197, n.1, p. 300-313, 2013.

BITOCCHI, E.; NANNI, L.; BELLUCCI, E.; ROSSI, M.; GIARDINI, A.; ZEULI, P.S. *et al.* Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 109, n. 14, p. E788-E796, 2012.

BITOCCHI, E.; RAU, D.; BELLUCI, E.; RODRIGUEZ, M.; MURGIA, M.L.; GIOIA, T.; SANTO, D.; NANNI, L.; ATTENE, G.; PAPA, R. Beans (*Phaseolus* spp.) as a model for understanding crop evolution. **Frontiers in plant science**, v. 8, p. 722, 2017.

BLAIR, M.W.; BRONDANI, R.V.P.; DÍAZ, L.M.; DEL PELOSO, M.J. Diversity and population structure of common bean from Brazil. **Crop Science**, v.53, n. 5, p. 1983- 1993, 2013.

BLAIR, M.W.; PEDRAZA, F.; BUENDIA, H.; GAITÁN-SOLÍS, E.; BEEBE, S.; GEPTS, P.; *et al.* Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, n. 8, p. 1362-1374, 2003.

BORÉM, A.; JÚNIOR, T.J.P.; VIEIRA, C. **Feijão**. 2. ed. Viçosa, UFV, 2006. p.600.

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.

BROUGHTON, W.J.; HERNANDEZ, G; BLAIR, M.W.; BEEBE, S.E.; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus* spp.) – model food legumes. **Plant and soil**, v. 252, n. 1, p. 55-128, 2003.

BROWN, A.D.H.; WEIR, B.S. Measuring genetic variability in plant population. *In*: TANQUESLEY, S.D., ORTON, T.J. (Eds.). **Isoenzymes in plant genetics and breeding**. Part A. Amsterdam, Elsevier Science, 1983. p. 219-239.

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.

BURLE, M.L.; OLIVEIRA, M.S.P. **Manual de curadores de germoplasma - vegetal: caracterização morfológica**. Brasília, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. p. 15.

BUSSAB, W.O.; MIAZAKI, E.S.; ANDRADE, D. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo, Associação Brasileira de Estatísticas, 1990. p.105.

CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; BEZERRA, L.M.C. A planta e o grão de feijão e as formas de apresentação aos consumidores. In: FERREIRA, C.M.; BARRIGOSI, J.A.F. (Org). **Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar**. Brasília, Embrapa Arroz e Feijão, 2021. p.164.

CARDOSO, G.A.; SANTOS, J.A.; FAVARO, L.H.S.; SANTANA, M.J. Utilização de inoculantes em sementes de feijão comum irrigado. **Revista Inova Ciência & Tecnologia**, v.7, p. e0211132, 2021.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N.D.; BURIN, C. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de feijão conforme medidas de dissimilaridade e métodos de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 3, p. 236-243, 2010.

CASTELLANE, P.D.; VIEIRA, R.D.; CARVALHO, N.M. **Feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.): Cultivo e produção de sementes**. Jaboticabal, FUNEP/FCAV-UNESP, 1988. p.60.

CATARCIONE, G.; PAOLACCI, A.R.; ALICANDRI, E.; GRAMICCIA, E.; TAVIANI, P.; REA, R.; *et al.* Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Landraces in the Lazio Region of Italy. **Plants**, v. 12, n. 4, p. 744, 2023.

CAVALLI, S.S. Polimorfismos moleculares. In: FREITAS, L.B.; BERED, F. (Org.) **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre, UFRGS, 2003. p. 311-332.

CHAVES, M.O.; BASSINELLO, P.Z. O Feijão na alimentação humana. In: GONZAGA, A.C.O. (Ed.). **Feijão: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. 2 ed. Brasília, Embrapa, 2014. p. 15-23.

CHENG, J.; QIN, C.; TANG, X.; ZHOU, H.; HU, Y.; ZHAO, Z.; *et al.* Development of a SNP array and its application to genetic mapping and diversity assessment in pepper (*Capsicum* spp.). **Scientific reports**, v. 6, n. 1, p. 1-11, 2016.

CHIORATO, Alisson Fernando. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do Banco de Germoplasma do Instituto Agrônomo-IAC**. 2004. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Instituto Agrônomo, Campinas, 2004.

COCKERHAM, C. Analysis of gene frequencies. **Genetics**, v. 74, p. 679-700, 1973.

COCKERHAM, C.C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, v. 23, p. 72-84, 1969.

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

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos, Brasília: Safra 2021/22, 6º levantamento.** Brasília, CONAB, 2022. p. 88. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/safra-graos>, Acesso em: 17/04/2022.

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos: Safra 2018/19 - Décimo Segundo Levantamento.** Brasília, CONAB, 2019. p. 47. Disponível: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/safra-graos/boletim-da-safra-de-graos/>, Acessado em: 20/01/2022.

CORTÉS, A.J.; CHAVARRO, M.C.; BLAIR, M.W. SNP marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and applied genetics**, v. 123, n. 5, p. 827, 2011.

CRISPIM, D.L.; FERNANDES, L.L.; ALBUQUERQUE, R.L.O. Aplicação de técnica estatística multivariada em indicadores de sustentabilidade nos municípios do Marajó-PA. **Revista Principia**, n. 46, p. 145-154, 2019.

CROSSA, J.; FRANCO, J. Statistical methods for classifying genotypes. **Euphytica**, v. 137, n. 1, p. 19-37, 2004.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulações.** Viçosa, UFV, 2006. p.175.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: diversidade genética.** Viçosa, UFV, 2008. p.278.

CRUZ, C.D. Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** v. 2. Viçosa, UFV, 2003. p.585.

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

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, UFV, 2014. p.668.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelo biométrico aplicado ao melhoramento genético.** Viçosa, UFV, 2012. p.514.

DEBOUCK, D.G. Systematics and morphology. *In*: SCHOONHOVEN, A. VAN; VOYSEST, O. (eds.). **Common beans: Research for crop improvement.** Cali, CIAT, 1991. p. 55-118.

DEBOUCK, D.G.; TORO, O.; PAREDES, O.M.; JOHNSON, W.C.; GEPTS, P. Genetic diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* (Fabaceae) in northwestern South America. **Economic Botany**, v. 47, p. 408-423, 1993.

DELFINI, J.; MODA-CIRINO, V.; RUAS, C.F.; SANTOS NETO, J.; RUAS, P.M.; BURATTO, J.S.; *et al.* Distinctness of Brazilian common bean cultivars with carioca and black grain by means of morphoagronomic and molecular descriptors. **PLoS One**, v. 12, n. 11, p. e0188798, 2017.

DELFINI, J.; MODA-CIRINO, V.; SANTOS NETO, J.; BURATTO, J.S.; RUAS, P.M.; GONÇALVES, L.S.A. Diversity of nutritional content in seeds of Brazilian common bean germplasm. **Plos One**, v. 15, n. 9, p. e0239263, 2020.

DELFINI, J.; MODA-CIRINO, V.; SANTOS NETO, J.; RUAS, P.M.; SANT'ANA, G.C.; GEPTS, P.; *et al.* Population structure, genetic diversity and genomic selection signatures among a Brazilian common bean germplasm. **Scientific reports**, v. 11, n. 1, p. 1-12, 2021.

DELGADO-SALINAS, A.; BIBLER, R.; LAVIN, M.M. Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): a recent diversification in an ancient landscape. **Systematic Botany**, v. 31, n. 4, p. 779-791, 2006.

DINIZ, Augusto Lima. **Diversidade genética entre acessos cultivados de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.): uma abordagem in silico a partir dos genes  $\alpha$ -Phs e FR01**. 2012. Dissertação (Mestrado em Ciência). Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012.

DONATO, F.; ALMEIDA, F.S.; SANTANA, M.J.; XAVIER, A.G. Desempenho agrônômico de cultivares de feijão comum em função da população de plantas. **Revista Inova Ciência & Tecnologia**, v. 7, p. e0211122, 2021.

DUARTE, J.R.M.; BASÍLIO, S.A.; SILVA, M.B.; VAZ, V.; PIRES, J.P.D.; BERTI, M.P.S. Produtividade e qualidade de sementes de feijão em resposta a fertilizante mineral, biofertilizante e pó de rocha. **Revista Cultura Agrônômica**, v. 30, n. 1, p. 78-92, 2021.

DURÁN, N.; MARCATO, P.D.; ALVES, O.; SOUZA, G. Mechanistic aspects of biosynthesis of silver nanoparticles by several *Fusarium oxysporum* strains. **Journal of Nanotechnology**, v. 3, n. 8, 2005.

EKBIÇ, E.; HASANCAOĞLU, E.M. Morphological and molecular characterization of local common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Applied Ecology and Environmental Research**, v. 17, n. 1, p. 841-853, 2019.

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.

EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P.E.; QUATTRO, J.M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics**, v. 131, n. 2, p. 479-491, 1992.

FALEIRO, F.G.; FARIAS NETO, A.L.; RIBEIRO JÚNIOR, W.Q. **Pré-melhoramento, melhoramento e pós-melhoramento: estratégias e desafios**. Planaltina, Embrapa Cerrados, 2008. p. 184.

FAOSTAT, Food and Agriculture Organization of the United Nations. **FAOSTAT Emissions database**. 2021. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>, Acesso em: 14/04/2023.

FERNÁNDEZ, F.; GEPTS, P.; LÓPEZ, M. Etapas de desarrollo em La planta de frijol. *In*: LÓPEZ, M.; FERNÁNDEZ, F.; SCHIINHOVEN, A. VAN. **Frijol: Investigación y producción**. Cali, CIAT, 1985. p.61-78.

FERREIRA, C.M.; FIGUEIREDO, R.S. Arroz e feijão sob o enfoque dos consumidores. *In*: FERREIRA, CM.; BARRIGOSI, J.A.F. **Arroz e Feijão: Tradição e segurança alimentar**. Santo Antônio de Goiás, EMBRAPA, 2021, p. 31-46.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia Moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa, UFV, 2003. p. 412.

- FISSEHA, Z.; TESFAYE, K.; DAGNE, K.; BLAIR, M.W.; HARVEY, J.; KYALLO, M.; *et al.* Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L) germplasm of Ethiopia as revealed by microsatellite markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 15, n. 52, p. 2824-2847, 2016.
- FRANCO, J.; CROSSA J.; VILLASENÖR, J.; TABA, S. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, v. 38, n. 6, p. 1688-1696, 1998.
- FRANCO, M.C.; CASSINI, S.T.A.; OLIVEIRA, V.R.; TSAI, S.M. Caracterização da diversidade genética em feijão por meio de marcador RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 2, p. 381-385, 2001.
- FUKUDA, W.M.G. Melhoramento de mandioca. In: BÓREM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, UFV, 1999. p. 409-428.
- GAITÁN-SOLÍS, E.; DUQUE, M.C.; EDWARDS, K.J.; TOHME, J. Microsatellite Repeats in Common Bean (*Phaseolus vulgaris*) Isolation, Characterization, and Cross-Species Amplification in *Phaseolus* ssp. **Crop science**, v. 42, n. 6, p. 2128-2136, 2002.
- GENCHEV, D.; KIRYAKOV, I. **Color scales for identification characters of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Dobroudja Agricultural Institute-General, Toshevo, 2005.
- GEPTS, P. Management of germplasm and pre-breeding in common bean. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 8., 2005, Goiânia. **Resumos...** Goiânia: UFG, 2005. p.1200-1210.
- GEPTS, P.; BLISS, F.A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. **Economic Botany**, v. 40, n. 4, p. 469-478, 1986.
- GEPTS, P.; KMIĘCIK, K.; PEREIRA, P.; BLISS, F.A. Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) deduced from phaseolin electrophoretic variability. I. The Americas. **Economic botany**, v. 42, n. 1, p. 73-85, 1988.
- GEPTS, P.; OSBORN, T.C.; RASHKA, K.; BLISS, F.A. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. **Economic botany**, v. 40, n. 4, p. 451-468, 1986.
- GIOIA, T.; LOGOZZO, G.; ATTENE, G.; BELLUCCI, E.; BENEDETTELLI, S.; NEGRI, V.; *et al.* Evidence for introduction bottleneck and extensive intergene pool (Mesoamerican x Andean) hybridization in the European common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm. **PLoS ONE**, v. 8, n. 10, e75974, 2013.
- GIOIA, T.; LOGOZZO, G.; MARZARIO, S.; ZEULI, P.S.; GEPTS, P. Evolution of SSR diversity from wild types to US advanced cultivars in the Andean and Mesoamerican domestications of common bean (*Phaseolus vulgaris*). **PLoS One**, v. 14, n. 1, p. e0211342, 2019.
- GONÇALVES, D.L.; AMBROZIO, V.C.; BARELLI, M.A.A.; NEVES, L.G.; SOBRINHO, S.P.; LUZ, P.B.; SILVA, C.R. Divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros através de características da semente. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 6, p. 1671-1681, 2014.
- GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.D.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C.P. Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 4, p. 1289-1297, 2008.
- GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C.P. Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological,

agronomic and molecular data using Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 1, p. 364-374, 2009.

GONZÁLEZ, M.R.; JULIEN, N.C.; JIMÉNEZ, D.D.; FRANCO, M.M. Interação genotipo-ambiente de três variedades de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) nas condições edafoclimáticas da Chianga. **Ojeando la Agenda**, n. 71, p. 1-17, 2021.

GOWER, J.C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, n. 4, p. 857-871, 1971.

GOWER, J.C. Some distance properties of latent root and vector methods used in multivariate analysis. **Biometrika**, v. 53, p. 325-338, 1966.

GUIDOTI, D.T.; GONELA, A.; VIDIGAL, M.C.G.; CONRADO, T.V.; ROMANI, I. Interrelationship between morphological, agronomic and molecular characteristics in the analysis of common bean genetic diversity. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 40, p. e33032, 2018.

GYANG, P.J.; MUGE, E.K.; NYABOGA, E.N. Genetic diversity and population structure of Kenyan common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm using peroxidase gene markers. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 90, n. 2, p. 293-301, 2020.

HIOLANDA, R.; MACHADO, D.H.; CANDIDO, W.J.; FARIA, L.C.; DALCHIAVON, F.C. Desempenho de genótipos de feijão carioca no Cerrado Central do Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 41, n. 3, p. 815-824, 2018.

KAGEYAMA, P.Y.; SEBBENN, A.M.; RIBAS, L.A.; GANDARA, F.B.; CASTELLEN, M.; PERECIM, M.B.; VENCOVSKY, R. Diversidade genética em espécies arbóreas tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Forestalis**, n. 64, p. 93-107, 2003.

KAPPES, C.; WRUCK, F.J.; CARVALHO, M.D.; YAMASHITA, O.M. Feijão comum: características morfo-agronômicas de cultivares. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 9., 2008, Campinas. **Resumos...** Campinas: IAC, 2008. p. 506-509.

KLÄSENER, G.R.; RIBEIRO, N.D.; ARGENTA, H.S. Genetic divergence and selection of bean cultivars of different grain types based on physical traits. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 53, e20217820, 2022.

KLÄSENER, G.R.; RIBEIRO, N.D.; CASAGRANDE, C.R.; ARNS, F.D. Consumer preference and the technological and nutritional quality of different bean colours. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, p. e43689, 2020.

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. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, n. 3, 452-459, 2011.

KUZAY, S.; HAMILTON-CONATY, P.; PALKOVIC, A.; GEPTS, P. Is the USDA core collection of common bean representative of genetic diversity of the species, as assessed by SNP diversity? **Crop Science**, v. 60, n. 3, p. 1398-1414, 2020.

LAING, D.R.; JONES, P.G.; DAVIS, J.H.C. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GOLDSWORTHY, P.R.; FISHER, N.M. (eds). **The physiology of tropical field crops**. New York, John Wiley, 1984. p. 305-351.

LEITE, P.H.M.P.; SILVA, V.P.; GILIO, T.A.S.; AZEVEDO, R.F.; OLIVEIRA, T.C.; BARELLI, M.A.A. Diversidade genética em cultivares e linhagens de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) utilizando análises multivariadas. **Revista Cultura Agronômica**, v. 28, n. 3, p. 268-279, 2019.

LEON, J. **Fundamentos botânicos de los cultivos tropicales**. San José: Instituto Interamericano de Ciências Agrárias, 1968. p.487.

LIU K.; MUSE, S.V. PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data. **Bioinformatics**, v. 21, p. 21-29, 2005.

LONDERO, P.M.; RIBEIRO, N.D.; CERUTTI, T.; MAZIERO, S.M.; ROSA, D.P.; ROSA, S.S. Efeito materno na expressão dos teores de aminoácidos sulfurados em grãos de feijão. **Ciência Rural**, v. 39, n. 6, p. 1884-1887, 2009.

LYNCH, J.P.; BROWN, K.M. Topsoil foraging: an architectural adaptation of plants to low phosphorus availability. **Plant and Soil**, v. 237, n. 2, p. 225-237, 2001.

MALONE, G.; ZIMMER, P.D.; CASTRO, M.A.D.S.; ARIAS, L.N.; MENEGHELLO, G.E.; PESKE, S.T. Caracterização bioquímica e molecular de acessos de arroz vermelho coletados no Estado do Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 2, p. 77-85, 2007.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer research**, v. 27, n. 2, p. 209-220, 1967.

MARQUES JÚNIOR, O.G.; RAMALHO, M.A.P. Determinação da taxa de fecundação cruzada de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) nas diferentes épocas de semeadura em Lavras-MG. **Ciência e Prática**, v. 19, n. 3, p. 339-343, 1995.

MICHALAKIS, Y.; EXCOFFIER, L.A generic estimation of population subdivision using distances between alleles with special reference for microsatellite loci. **Genetics**, n. 3, v. 142, p. 1061-1064, 1996.

MIR, R.R.; CHOUDHARY, N.; BAWA, V.; JAN, S.; SINGH, B.; BHAT, M.A.; *et al.* Allelic diversity, structural analysis, and Genome-Wide Association Study (GWAS) for yield and related traits using unexplored common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm from Western Himalayas. **Frontiers in genetics**, p. 1797, 2021.

MORAIS, S.R.P.; VIERA, A.F.; ALMEIDA, L.C.S.; RODRIGUES, L.A.; MELO, P.G.S.; FARIA, L.C.; *et al.* Application of microsatellite markers to confirm controlled crosses and assess genetic identity in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 234-239, 2016.

NAGEL, A.L.; NAGEL, P.L.; NAGEL, S.D.S.A.; SANTOS, C.M.G.; SILVA, J.A.S.; CAPRISTO, D.P.; OLIVEIRA, O.H. Desempenho agrônomico de genótipos de feijão comum do grupo carioca no ecótono Cerrado-Pantanal. **Research, Society and Development**, v. 9, n. 8, p. e149985465, 2020.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, p. 438-443, 1978.

NEI, M.; TAJIMA, F.; TATENO, Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. **Journal of Molecular Evolution**, v. 19, n. 2, p. 153-170, 1983.

NICK, C.; SILVA, D.J.H.; MATTEDI, A.P.; PEDROSA, D.A. Conservação ex situ dos recursos fitogenéticos. *In: PEREIRA, T.N.S. Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas.* Viçosa, Arca, 2010. p. 59-87.

OLIVEIRA, C.S.; PEIXOTO, J.V.M.; MOMESSO, M.P.; PEREIRA, L.M.; PERES, H.G.; MACIEL, G.M. Características de plântulas: dissimilaridade genética entre acessos de pimenta. *Revista Ciência, Tecnologia & Ambiente*, v. 9, n. 1, p. e09114, 2019.

OLIVEIRA, L.D.S.G.; DALVI, L.P.; SOUZA, L.C.D.; SILVA, J.A.D.; SOARES, T.C.B. Genetic diversity of recombinant inbred lines of *Phaseolus vulgaris* L. *Revista Ciência Agronômica*, v. 52, n. 3, p. e20207292, 2021.

OLIVEIRA, T.C.; OLIVEIRA, R.F.; OLIVEIRA, A.J.; SANTOS, A.A.C.; SIQUEIRA, T.A.; ELIAS, J.C.F.; BARELLI, M.A.A.; ZAGO, B.W.; SANDER, N.L.; DUARTE, A.V.M. Análise conjunta na estimativa da divergência genética em acessos de feijão comum. *In: Barbosa FC, editor. Ciências agrárias: a multidisciplinaridade dos recursos naturais.* Piracanjuba, Editora Conhecimento Livre, 2022. p. 84-93.

ÖZKAN, G.; HALILOĞLU, K.; TÜRKÖĞLU, A.; ÖZTURK, H.I.; ELKOCA, E.; POCZAI, P. Determining genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from Türkiye using SSR markers. *Genes*, v. 13, n. 8, p. 1410, 2022.

PAIXÃO, M.V.S.; MELO, W.H.M. Disponibilidade de ferro em diferentes espécies de feijões cultivadas na região de Adestina-BA. *Revista Ifes Ciência*, v. 6, n. 2, p. 163-170, 2020.

PEAKALL, R.; SMOUSE, P.E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel: population genetic software for teaching and research; an update. *Bioinformatics*, v. 28, p. 2537-2539, 2012.

PEREIRA, H.S.; MOTA, A.P.S.; RODRIGUES, L.A.; SOUZA, T.L.P.O.; MELO, L.C. Genetic diversity among common bean cultivars based on agronomic traits and molecular markers and application to recommendation of parent lines. *Euphytica*, v. 215, n. 38, p. 1-16, 2019.

PETIT, R.J.; EL MOUSADIK, A.; PONS, O. Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conservation biology*, v. 12, n. 4, p. 844-855, 1998.

PIPAN, B.; MEGLIČ, V. Diversification and genetic structure of the western-to-eastern progression of European *Phaseolus vulgaris* L. germplasm. *Plant Biology*, v. 19, n. 1, p. 1-16, 2019.

PITURA, K.; ARNTFIELD, S.D. Characteristics of flavonol glycosides in bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seed coats. *Food Chemistry*, v. 272, p. 26-32, 2019.

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

POSSOBOM, Micheli Thaise Della Flora. **Diversidade genética de linhagens de feijão preto e “carioca” recomendadas no Brasil nos últimos 50 anos.** 2018. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2018.

QUADROS, V.; CARVALHO, I.R.; DEMARI, G.H.; SOUZA, V.Q.; FERREIRA, L.L.; MOURA, N.B.; *et al.* Parameters and genetic variability in black beans F5 families. *Functional Plant Breeding Journal*, v. 4, n. 1, p. 89-100, 2022.

QUINTAL, S.S.R.; VIANA, A.P.; GONÇALVES, L.S.A.; PEREIRA, M.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de mamoeiro por meio de variáveis morfoagronômicas. *Semina: Ciências Agrárias*, v. 33, n. 1, p. 131-142, 2012.

RAGGI, L.; CAPRONI, L.; CARBONI, A.; NEGRI, V. Genome-wide association study reveals candidate genes for flowering time variation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Frontiers in plant science**, v. 10, n. 962, p 1-14, 2019.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York, J. Willey, 1952. p.390.

RIBEIRO, N.D.; MAZIERO, S.M. Number of experiments necessary to more accurately differentiate common bean genotypes for grain physical traits and minerals in cluster analysis. **Revista Ceres**, v. 70, n.1, p. 114-123, 2023.

RIBEIRO, N.D.; SANTOS, G.G.; ARGENTA, H.S. Genetic divergence and combined selection for traits that provide high agronomic performance in common bean lines. **Revista Ceres**, v. 69, n. 3, p. 274-282, 2022.

ROCHA, M.C.; GONÇALVES, S.A.; RODRIGUES, R.; SILVA, P.R.A.; CARMO, M.G.F.; ABOUD, A.C.S. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, 32, 3, p. 423-431, 2010.

ROCHA, M.J.C.; ONGARATO, G.; FERRARI NETO, J.; COSTA, F.A.; JADOSKI, C.J.; GUILHERME, D.O. Componentes da produção do feijão preto cultivado em solo arenoso em função da inoculação das suas sementes com *Azospirillum brasiliense*. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 10, p. 95385-95396, 2021.

RODRIGUES, A.P.S.; OLIVEIRA, T.C.; OLIVEIRA, A.J.; SANTOS, A.A.C.; ALMICI, M.S.; SILVA, V.P.; *et al.* Caracterização morfoagronômica de genótipos de feijoeiro comum quanto à precocidade. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 6, p. e35410615951, 2021.

ROHLF, F.J. Adaptive hierarchical clustering schemes. **Systematic Biology**, v. 19, n. 1, p. 58-82, 1970.

ŠAJGALÍK, M.; ONDREIČKOVÁ, K.; HAUPTVOGEL, P.; MIHÁLIK, D.; GLASA, M.; KRAIC, J. Higher effectiveness of new common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm acquisition by collecting expeditions associated with molecular analyses. **Sustainability**, v. 11, n. 19, p. 5270, 2019.

SALLA, M.F.S.; RUAS, C.F.; RUAS, P.M.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V. Uso de marcadores moleculares na análise da variabilidade genética em acerola (*Malpighia emarginata* DC). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 24, n. 1, p. 15-22, 2002.

SANCHES, J.C.M.; DOMINGOS, R.M. A.; CAROLINA, A.; RIBEIRO, V B.; CARIGNANI, G. Mapa de análise climática de cidades de pequeno e médio portes no contexto do Pantanal Mato-Grossense. **Revista de Geografia**, v. 37, n. 1, p. 166-171, 2020.

SANTOS NETO, J.; MODA-CIRINO, V.; DELFINI, J.; ZEFFA, D.M.; NOGUEIRA, A.F.; GONÇALVES, L.S.A. Morpho-agronomic and molecular characterization of snap bean diversity panel. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 70, n. 2, p. 399-411, 2023.

SANTOS, A.A.B.; AMBROZIO, V.C.; BARELLI, M.A.A.; LUZ, P.B.; GUIMARÃES, T.S. Caracterização da variabilidade genética de diferentes acessos de feijoeiro comum na região de Cáceres. **Magistra**, v. 27, n. 1, p. 90-100, 2015.

SANTOS, G.G.; RIBEIRO, N.D.; MAZIERO, S.M.; SANTOS, G.G. Genetic diversity among bean landraces and cultivars for agronomy traits and selection of superior parents. **Revista Ciência Agronômica**, v. 53, p. e20217873, 2022.

SANTOS, H.G.; JACOMINE, P.K.T.; ANJOS, L.H.C.; OLIVEIRA, V.A.; LUMBRERAS, J.F.; COELHO, M.R.; *et al.* **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Rio de Janeiro, Embrapa Solos, 2018. p.353.

SANTOS, J.B.; GAVILANES, M.L. Botânica. *In*: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. (eds.). **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas Gerais**. Viçosa, UFV, 1998. p. 55-81.

SANTOS, P.R.J.; BARELLI, M.A.A.; FELIPIN-AZEVEDO, R.; SILVA, V.P.; GILIO, T.A.S. OLIVEIRA, T.C.; *et al.* Genetic divergence among landraces and improved common bean genotypes in the central-southern region of Mato Grosso state in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 2, gmr18299, 2019.

SAS INSTITUTE. **SAS Scoring Accelerator 1.5 for Teradata: User's Guide**. SAS institute, 2009.

SAVIĆ, A.; PIPAN, B.; VASIĆ, M.; MEGLIČ, V. Genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm from Serbia, as revealed by single sequence repeats (SSR). **Scientia Horticulturae**, v. 288, p. 110405, 2021.

SCHMITZ, H.; LUDWIG, R.; MAMBRIN, R. Caracterização morfoagronômica de feijões de grãos especiais. **Enciclopédia biosfera**, v. 17, n. 34, p. 83-97, 2020.

SCHMUTZ, J.; MCCLEAN, P.E.; MAMIDI, S.; WU, G.A. CANNON, S.B.; GRIMWOOD, J.; *et al.* A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature genetics**, v. 46, n. 7, p. 707-713, 2014.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, p. 507-512, 1974.

SHAMSELDIN, A.; VELÁZQUEZ, E. The promiscuity of *Phaseolus vulgaris* L. (common bean) for nodulation with rhizobia: a review. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 36, n. 5, p. 1-12, 2020.

SIEGA, Y.P.; KRAUSE, G.W.; WALCHINSKI, G.; CÓL, M.C.; ROMANI, G.K.K.; KIST, V. Banco ativo de germoplasma de feijão-comum: uma estratégia para fortalecer a conservação da agrobiodiversidade local. **Brazilian Journal of Development**, v. 8, n. 6, p. 48666-48682, 2022.

SILCHI, R.M.H.Q.; SCHOENINGER, V.; HOSCHER, R.H.; RODRIGUES, N.G.E. Aspectos que influenciam a aquisição e preparo do feijão comum por consumidores domésticos. **Revista Faz Ciência**, v. 23, n. 37, p. 147-164, 2021.

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

SILVA, R.S.; TORRES, F.E.; ZANUNCIO, A.S.; SIMÕES, M.S. MENDONÇA, G.G.; TEODORO, P.E. Caracterização de cultivares de feijoeiro comum com base no teste de Distinguilidade, Homogeneidade e Estabilidade (DHE). **Research, Society and Development**, v. 9, n. 7, p. e231973843-e231973843, 2020.

SILVEIRA, D.C.; MACHADO, J.M.; FACCIOLI, M.W.F. TOLFO, A.M. EICH, C. Diversidade genética de acessos de feijão crioulo na região Noroeste do Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v. 25, n. 1/2, p. 133-146, 2019.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

SINGH, S.P. Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. **Crop Science**, v.41, n.6, p.1659-1675, 2001.

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

SINGH, S.P.; GUTIÉRREZ, J.A.; MOLINA, A; URREA, C.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common bean: II. Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Science**, v. 31, n. 1, p. 23-29, 1991b.

SINGH, S.P.; NODARI, R.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common bean: I. Allozymes. **Crop Science**, v. 31, n. 1, p. 19-23, 1991c.

SIQUEIRA, A.R.C.; COELHO, R.F.C.; JARDESON, F.; FORTES, O.; SOUSA, A.F.F.; VALADARES, R.N.; *et al.* Divergência genética entre genótipos de arroz submetidos à salinidade durante o estágio de plântula. **Agrotrópica**, v. 32, n. 2, p. 133-138. 2020.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11, n. 2, p. 33-40, 1962.

SOUSA, I.S.F.; FERREIRA, C.M. Aspectos histórico-culturais do arroz e do feijão na sociedade brasileira. *In*: FERREIRA, C.M; BARRIGOSI, J.A.F. (Org). **Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar**. Brasília, Embrapa Arroz e Feijão, 2021. p.47.

SOUZA, T.L.P.O.; PEREIRA, H.S.; FARIA, L.C.; WENDLAND, A.; COSTA, J.G.C.; ABREU, A.F.B.; *et al.* **Cultivares de feijão comum da Embrapa e parceiros disponíveis para 2013**. Santo Antônio de Goiás, EMBRAPA, 2013. p. 6. (Comunicado Técnico).

STRECK, E.A.; AGUIAR, G.A.; MAGALHÃES, A.M.D.; FACCHINELLO, P.H.K.; OLIVEIRA, A.C.D. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 101-109, 2017.

TAKEZAKI, N.; NEI, M. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. **Genetics**, v. 144, n. 1, p. 389-399, 1996.

TEIXEIRA, Aurélio. **Caracterização radicular de genótipos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) e correlação com o déficit hídrico**. 2014. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical), Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, 2014.

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

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

TRONCOSO, Pamela González. **Evaluación de la diversidad genética en una población de Congrio Colorado (*Gonypterus chilensis*) utilizando microssatélites**. 2017. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia), Universidade Andrés Bello, Santiago, 2017.

TROPICOS. **Missouri Botanical Garden**. Saint Louis, Missouri, USA, 2022. Disponível em: [http:// https://www.tropicos.org/name/13031753](http://https://www.tropicos.org/name/13031753). Acesso em: 19/01/2022.

TURCHETTO-ZOLET, A.; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C.; PASSAIA, G. **Marcadores Moleculares na Era Genômica: Metodologias e Aplicações**. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 2017. p.181.

VALENTINI, G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; ELIAS, J.C.F.; MOIANA, L.D.; MINDO, N.N.A. Population structure and genetic diversity of common bean accessions from Brazil. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 36, n. 5, p. 897-906, 2018.

VASCONCELOS, C.S.D.; BARBIERI, R.L.; NEITZKE, R.S.; PRIORI, D.; FISCHER, S.Z.; MISTURA, C.C. Determinação da dissimilaridade genética entre acessos de *Capsicum chinense* com base em características de flores. **Revista Ceres**, v. 59, n. 4, p. 493-498, 2012.

VASCONCELOS, Maria José Vilaça de. **Avaliação da variabilidade genética de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) pelo uso de marcadores moleculares RAPD**. 1995. Tese (Doutorado em Agroquímica), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1995.

VAVILOV, N.I. Linnaeus species as a system. **Bulletin Applied Botanic Genetic**, v. 26, n. 3, p. 109-134, 1931.

VAZ PATTO, M.C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. **Euphytica**, v. 137, n. 1, p. 63-72, 2004.

VIDAK, M.; ŠATOVIĆ, Z.; LIBER, Z.; GRDIŠA, M.; GUNJAČA, J.; KILIAN, A.; *et al.* Assessment of the origin and diversity of Croatian common bean germplasm using phaseolin type, SSR and SNP markers and morphological traits. **Plants**, v. 10, n. 4, p. 665, 2021.

VIEIRA, C. **O feijoeiro comum: cultura, doenças e melhoramento**. Viçosa, UFV, 1967. p.220.

VIEIRA, C., BORÉM, A., RAMALHO, M.A.P., CARNEIRO, J.E.S. **Melhoramento do feijão**. *In*: Melhoramento de espécies cultivadas. 2 ed. Viçosa, UFV, 2005. p. 301-391.

VILELA, F.O.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; SCAPIM, C.A.; PIO VIANA, A.; FREITAS JÚNIOR, S.P. Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U popcorn population using RAPD markers. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 30, n. 1, p. 25-30, 2008.

VOYSEST, O.V. **Mejoramiento genetico del frijol (*Phaseolus vulgaris*) legado de variedades de América Latina (1930-1999)**. Cali, CIAT, 2000. p.195.

WEIR, B.S.; COCKERHAM, C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, v. 38, p. 1358-1370, 1984.

WILLIAMS, J.G.K.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, J.A. TINGEY, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic acids research**, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, 1990.

WRIGHT, S. The interpretation of population structure by Fstatistics with special regard to system of mating. **Evolution**, v. 19, p. 395-342, 1965.

## ANEXOS

### Artigos derivados da Tese

#### Artigo 1

OLIVEIRA, T.C.; BARELLI, M.A.A.; OLIVEIRA, A.J.; LEAL, N.S.; GILIO, TA.S.; AZEVEDO, R.F. Molecular characterization of common bean accessions using microsatellite markers.

**Ciência e Agrotecnologia (Online)**, v. 47, p. e003523, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1590/1413-7054202347003523>

Link: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/MVC94GRyTyzS4DYKVtv7vDs/?lang=en>

#### Artigo 2

OLIVEIRA, T.C.; BARELLI, M.A.A.; SANTOS, A.A.C.; SIQUEIRA, T.A.; OLIVEIRA, A.J.; GALBIATI, C. Divergência genética em acessos de feijão comum através de características morfológicas.

**Cuadernos de Educación y Desarrollo**, v. 15, n. 4, p. 3540-3555, 2023. DOI: <https://doi.org/10.55905/cuadv15n6-035>

Link: <https://ojs.europublications.com/ojs/index.php/ced/article/view/1201>