

UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E ENGENHARIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO VEGETAL

EDSON FERNANDO BRAGA DA SILVA

**CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM NO
ESTADO DO ESPÍRITO SANTO**

ALEGRE

2018

EDSON FERNANDO BRAGA DA SILVA

**CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM NO
ESTADO DO ESPÍRITO SANTO**

Dissertação apresentado ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal do Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo.

Orientadora: Prof^a. Dra. Marcia Flores da Silva Ferreira

ALEGRE

2018

EDSON FERNANDO BRAGA DA SILVA

**CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM NO ESTADO
DO ESPÍRITO SANTO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal do Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo.

Aprovada em 21 de 02 de 2018.


Comissão Examinadora

Sheila Cristina Prucoli Posse

Dr^a Sheila Cristina Prucoli Posse
Pesquisadora Incaper
Membro externo

Cintia M. de O. Moulin Carias

Dr^a Cintia Machado de Oliveira Moulin Carias
DSc. Genética e Melhoramento
Pós-doutoranda – coorientadora



Professor Dr. José Carlos Lopes
Membro Interno

Marcia Flores da Silva Ferreira

Professora Dr^a. Marcia Flores da Silva Ferreira
Membro Interna
(Orientadora)

Dados Internacionais de Catalogação-na-publicação (CIP) (Biblioteca Setorial Sul, Universidade Federal do Espírito Santo, ES, Brasil)
Bibliotecária: Lizzie deAlmeida Chaves – CRB-6 ES-000871/O

S586c Silva, Edson Fernando Braga da, 1987-
Caracterização de genótipos de feijoeiro comum no Estado do Espírito Santo / Edson Fernando Braga da Silva. – 2018.
67 f. : il.

Orientador: Marcia Flores da Silva Ferreira. Coorientador: Cíntia Machado de Oliveira Moulin Carias.
Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Agrárias e Engenharias.

1. Feijão comum. 2. Melhoramento genético. 3. Cultivos agrícolas.
I. Ferreira, Márcia Flores da Silva. II. Carias, Cíntia Machado de Oliveira Moulin. III. Universidade Federal do Espírito Santo. Centro de Ciências Agrárias e Engenharias. IV. Título.

CDU: 63

À Deus, que me sustenta.

Aos meus pais, Paulo Fernando e Erli Braga
com a mais profunda admiração, pelo incentivo
nos estudos.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por seu amor incondicional;

Aos meus pais, Paulo Fernando da Silva e Erli Braga da Silva que incentivaram a prosseguir quais fossem os obstáculos;

Às minhas irmãs Elenice Braga da Silva e Edilene Braga da Silva, pelo enorme carinho que sempre tiveram por mim;

Aos meus familiares, que me encorajaram na busca desse título.

Aos meus queridos amigos, João Paulo, Leonardo, José Herinque, Gilmar, Mateus, Jorge, Sabrina, Natalia, Marina, Mirian, Kezia, Marta Elisa, Vanessa, pelo apoio e carinho e por tantas emoções vividas durante todo este tempo;

À minha orientadora Marcia Flores, pelos conhecimentos e esclarecimentos intelectuais, pela confiança em mim depositada, pela paciência e compreensão das minhas dificuldades e por aceitar-me como seu orientado.

Aos professores Adésio Ferreira, Tércio Souza, Cintia Moulin, Lidiane, Renato Ribeiro, Monique Moulin, pelas importantes e úteis contribuições na minha formação.

Aos funcionários Adriano, Ramon e Jaqueline pela dedicação e contribuição na realização desta dissertação.

Aos professores membros da minha banca pela importantes contribuições neste dissertação.

A Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) e Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal (PPGPV) e Laboratórios de Biometria e Genética e Melhoramento Vegetal, por oferecer estrutura e acolhimento nessa oportunidade de cursar mestrado.

A Fundação de Amparo Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES), pela a bolsa de estudos que tornou possível a realização deste trabalho.

A todos que contribuíram de forma direta ou indireta para a realização deste trabalho.

A CNPQ, CAPES pelo apoio.

A todos meu muito obrigado!!!

BIOGRAFIA

Edson Fernando Braga Da Silva, filho de Erli Braga da Silva e Paulo Fernando da Silva, nasceu em Alegre, estado do Espírito Santo, no dia 15 de maio de 1987.

Em 2009, ingressou-se na Faculdade de Filosofia Ciências e Letras de Alegre, graduando-se bacharel em Ciências Biológicas em 2011.

Em 2012, ingressou-se no Instituto Federal do Espírito Santo, no Campus Alegre, sendo licenciado em Ciências Biológicas em 2015.

Em 2016, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia e Ecofisiologia em Desenvolvimento de Plantas da Universidade Federal do Espírito Santo, UFES, Brasil, como bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Espírito, Fapes, Brasil.

RESUMO

Os feijões do tipo crioulo são os mais cultivados entre os pequenos produtores e merecem destaque por possuírem características genéticas que os tornem importantes para o melhoramento genético. O objetivo geral deste trabalho foi caracterizar feijões crioulos cultivados no Estado do Espírito Santo, com base em caracteres morfoagronômicos, bromatológicos, composição mineral e por marcadores moleculares, bem como compará-los à cultivares comerciais oriundos de diferentes programas de melhoramento no Brasil. Para isto, foram caracterizados vinte genótipos de feijões comum neste estudo, dos quais catorze cultivares comerciais e seis genótipos crioulo. Realizou-se a avaliação de dezesseis morfoagronômicos, dez de composição mineral do grão e seis bromatológicos de acordo com a lista de descritores mínimos para a cultura do feijão. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com três repetições. Foi realizado o teste de agrupamento de médias por Scott-Knott, em seguida análises de correlações pelo método de Sperman. Para os caracteres morfoagronômicos, bromatológicos e minenalógicos estudados, verificou-se que os genótipos crioulos apresentaram, de modo geral, médias iguais ou superiores aos genótipos comerciais. Quanto as hibridações promissoras verificou-se que os crioulos G17 e G19 apresentam caracteres desejáveis como precocidade ou biofortificação.

Palavras-chaves: Crioulo. Melhoramento. Bromatológicas. Correlação.

ABSTRACT

The beans of the Creole type are the most cultivated among the small producers and they deserve prominence for possessing genetic characteristics that make them important for the genetic improvement. The general objective of this work was to characterize Creole beans cultivated in the State of Espírito Santo, based on morphoagronomic, bromatological, mineral composition and molecular markers, as well as comparing them to commercial cultivars from different breeding programs in Brazil. Twenty common bean genotypes were characterized in this study, of which fourteen commercial cultivars and six Creole genotypes were characterized. Sixteen morphoagronomics, ten mineral composition of the grain and six bromatological ones were evaluated according to the list of minimum descriptors for bean culture. The experimental design was a randomized block design, with three replications. Scott-Knott's clustering of means was performed, followed by analysis of correlations by the Sperman method. For the morphoagronomic, bromatological and mineralogical characters studied, it was verified that the Creole genotypes presented, in general, averages equal to or superior to the commercial genotypes. As for the promising hybridizations it has been found that the G17 and G19 creoles present desirable characteristics such as precocity or biofortification.

Keywords: Creole. Improvement. Bromatológicas. Correlation.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Identificação, nome comum e características dos genótipos de feijão comum (<i>Phaseolus vulgaris</i>) utilizados.	24
Tabela 2. Resumo das análises de variância dos 15 caracteres morfoagronômica avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum.....	30
Tabela 3. Médias de 15 caracteres morfoagronômicas avaliadas em 20 genótipos de feijão comum	33
Tabela 4. Estimativas de correlações fenotípicas, entre 15 caracteres morfoagronômica avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum	35
Tabela 5 - Resumo das análises de variância de seis caracteres bromatológicos avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum.....	38
Tabela 6 -Médias de seis caracteres bromatológicos avaliadas em 20 genótipos de feijão comum	39
Tabela 7 - Resumo das análises de variância dos 10 descritores mineralógicos avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum.....	41
Tabela 8 -Médias de dez caracteres mineralógicos avaliadas em 20 genótipos de feijão comum	42
Tabela 9. Análises descritivas de 28 marcadores microssatélites	44

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Análise de coordenadas principais, representando a distribuição dos 20 genótipos de feijoeiro comum para 14 descritores bromatológicos analisados, através dos dois primeiros componentes principais obtidos a partir da matriz de correlação fenotípica. Genótipos comerciais G1 a G14 e genótipos crioulos G15 a G20, sendo: G1=CNFC 15475; G2=CNFC 15625; G3=CNFC 15462; G4=Pérola; G5=BRS Notável; G6=BRS Estilo; G7=IPR Colibri; G8=CNFP 15310; G9=CNFP 15304; G10=CNFP 15290; G11=Capixaba-precoce; G12=IPR Uirapuru; G13=BRS Campeiro; G14=BRS Esplendor; G15=Bico de ouro; G16=Vagem riscada; G17=Preto-hort; G18=Macuquinho; G19=Verde; G20=Carioca.....37

Figura 2. Análise de coordenadas principais, representando a distribuição dos 20 genótipos de feijoeiro comum para 6 características bromatológica analisados, através dos dois primeiros componentes principais obtidos a partir da matriz de correlação fenotípica. Genótipos comerciais G1 a G14 e genótipos crioulos G15 a G20, sendo: G1=CNFC 15475; G2=CNFC 15625; G3=CNFC 15462; G4=Pérola; G5=BRS Notável; G6=BRS Estilo; G7=IPR Colibri; G8=CNFP 15310; G9=CNFP 15304; G10=CNFP 15290; G11=Capixaba-precoce; G12=IPR Uirapuru; G13=BRS Campeiro; G14=BRS Esplendor; G15=Bico de ouro; G16=Vagem riscada; G17=Preto-hort; G18=Macuquinho; G19=Verde; G20=Carioca.....40

Figura 3. Análise de coordenadas principais, representando a distribuição dos 20 genótipos de feijoeiro comum para 10 características mineralógica analisados, através dos dois primeiros componentes principais obtidos a partir da matriz de correlação fenotípica. Genótipos comerciais G1 a G14 e genótipos crioulos G15 a G20, sendo: G1=CNFC 15475; G2=CNFC 15625; G3=CNFC 15462; G4=Pérola; G5=BRS Notável; G6=BRS Estilo; G7=IPR Colibri; G8=CNFP 15310; G9=CNFP 15304; G10=CNFP 15290; G11=Capixaba-precoce; G12=IPR Uirapuru; G13=BRS Campeiro; G14=BRS Esplendor; G15=Bico de ouro; G16=Vagem riscada; G17=Preto-hort; G18=Macuquinho; G19=Verde; G20=Carioca.....43

Figura 4. Dendrograma obtido pelo método UPGMA, a partir das medidas de dissimilaridade entre 2045

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	11
2 REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1 O FEIJOEIRO: ASPECTOS GERAIS.....	13
2.2 O FEIJÃO CRIOULO - ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS.....	14
2.3 CARACTERÍSTICAS DE INTERESSE NO MELHORAMENTO.....	15
2.3.1 Características morfoagronômicas	16
2.3.2 Características de composição dos grãos.....	17
2.4 MARCADORES MOLECULARES PARA FEIJÃO.....	19
2.5 DIVERGÊNCIA GENÉTICA	20
3 OBJETIVOS	23
3.1 OBJETIVO GERAL	23
3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	23
4 MATERIAL E MÉTODOS	24
4.1 MATERIAL VEGETAL	24
4.2 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL.....	25
4.3 CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS	25
4.4 CARACTERÍSTICAS DE COMPOSIÇÃO DE GRÃOS	26
4.5 CARACTERIZAÇÃO POR MARCADORES MICROSSATÉLITES.....	27
4.6 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	28
5 RESULTADOS	30
5.1 CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS	30
5.2 CARACTERES BROMATOLÓGICOS.....	37
5.3 CARACTERES DE COMPOSIÇÃO MINERAL DE GRÃOS.....	41
5.4 ANÁLISE POR MARCADORES MICROSSATÉLITES	43
6 DISCUSSÃO	46
7 CONCLUSÕES	53
8 REFERÊNCIAS	54
APÊNDICE A – GRÃOS DE CULTIVARES DE FEIJÃO COMERCIAL E CRIOULO DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO	64
APÊNDICE B - ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E TESTE T, ENTRE 6 DESCRITORES BROMATOLÓGICOS	65
APÊNDICE C – ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E TESTE T, ENTRE 10 DESCRITORES MINERAIS AVALIADOS	66

1 INTRODUÇÃO

A espécie *Phaseolus vulgaris* L., conhecida vulgarmente como feijão comum é cultivada em vários países do mundo. No Brasil, o feijão tem importante papel na agricultura por contribuir com o rendimento econômico dos produtores rurais. A cultura também apresenta destaque na produção familiar, bem como também por causa da maneira destacada em que se apresenta na dieta alimentar (RUAS, 2017). O feijão é a base alimentar de muitos brasileiros e também é bastante consumido na Índia, EUA, Reino Unido Japão entre outros (SALVADOR, 2012).

No Brasil são cultivados feijões de várias cores. A Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) previu a colheita de 2.701,3 milhões de toneladas de grãos de feijão na safra 2016/2017, dos quais o mais cultivado é o feijão comum cores ou carioca (962,2 mil toneladas na primeira safra e 617,1 mil toneladas na segunda safra), seguido do feijão caupi (*Vigna unguiculata* L) (201,5 mil toneladas na primeira safra e 404 mil toneladas na segunda safra) e feijão comum preto (318,3 mil toneladas na primeira safra e 198,2 mil toneladas na segunda safra) (CONAB, 2017a).

A preferência de consumo do brasileiro é pelo feijão carioca, que é o mais cultivado no país. Regionalmente, o feijão comum preto é mais consumido no sul do país e o caupi na região Nordeste (CONAB, 2017b).

A cultura do feijoeiro apresenta ampla adaptação edafoclimática, fator que permite o cultivo durante todo o ano, por grandes e pequenos produtores. No estado do Espírito Santo, das 84 mil propriedades rurais, 80% são da agricultura familiar. Os agricultores familiares são responsáveis por 44% da riqueza produzida no meio rural capixaba gerando 202 mil postos de trabalho (64%) (INCAPER, 2016). De acordo com o Levantamento Sistemático de Produção Agrícola, a produção de feijão foi de 12 mil toneladas numa área plantada de 11 mil hectares. (INCAPER, 2017).

Dada a importância da cultura, novas tecnologias devem ser utilizadas para potencializar a produção de alimentos e fortalecer a segurança alimentar e nutricional entre os consumidores de baixa renda. O melhoramento genético é uma estratégia eficiente que visa o lançamento de cultivares cada vez mais produtivas, adaptadas e com produtos de melhor qualidade para a alimentação humana. Neste sentido, fontes de variabilidade genética devem ser sempre

identificadas e caracterizadas para a manutenção de programas de melhoramento, no desenvolvimento de genótipos superiores que atendam demandas do mercado produtivo e consumidor (CORREA et al., 2012).

A produção de feijão ocorre essencialmente, em grandes propriedades e em monocultivos, pois o uso crescente de variedades melhoradas, associadas ao pacote tecnológico que as mesmas exigem (adubação, inseticidas, fungicidas, entre outros manejos) tem impossibilitado seu cultivo por pequenos agricultores, em função do custo. Nesta perspectiva, a manutenção das variedades crioulas viabiliza a agricultura familiar por permitir o menor uso de tecnologia (MICHELS et al., 2014).

Assim, a caracterização de variedades crioulas cultivada por pequenos agricultores é importante para indicar potencialidades deste recurso genético a fim de agregar atributos genéticos, morfológicos, fisiológicos e de composição de grãos, que proporcionam a planta maior vigor.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 O FEIJOEIRO: ASPECTOS GERAIS

O feijão, *Phaseolus vulgaris* L., pertence à família Fabacea e subfamília Faboidea. A espécie é uma leguminosa originária das regiões de cultura inca, nas Américas Central e do Sul. A planta inicialmente era cultivada como ornamental e quando levada ao Velho Mundo, ficou conhecida em todo território mundial (KAPLAN 1965; MAITI, 1997). O gênero *Phaseolus* abrange todas as espécies conhecidas como feijão, e a espécie *P. vulgaris* L. é a mais conhecida, por possuir maior número de variedades (MESQUITA et al., 2007).

Os cultivares de feijão são bastante adaptáveis a diferentes agrossistemas, o que possibilita a produção entre as mais variadas condições de clima, solo e sistemas de cultivo. Sua comercialização é feita em feiras e mercados, muitas vezes utilizada como “moeda de troca” para os produtores (GOMES et al., 2012).

Dos primeiros cultivos até hoje, o feijoeiro vem sofrendo diversas alterações decorrentes da sua domesticação. Todas as cultivares são herbáceas com hábitos de crescimento determinado ou indeterminado. As de crescimento determinado apresentam o caule e os ramos laterais terminados em uma inflorescência e possuem número limitado de nós e a floração inicia-se do ápice para a base da planta (GRAHAM; RANALLI, 1997). Nas cultivares de crescimento é indeterminado o caule principal possui crescimento contínuo, com sucessão de nós e entrenós; as inflorescências são axilares e a floração inicia-se da base para o ápice da planta (JAUER et al., 2006).

Quanto a flor do feijoeiro, é do tipo pedicelo glabro ou subglabro, com pelos unguiculados (VILHORDO et al., 1996). A coloração varia do branco ao purpura, dependendo do genótipo. A espécie é autógama e das flores autopolinizadas são formadas as vagens, finas e curvas (GRAHAM; RANALLI, 1997). As sementes apresentam inúmeras formas e cores: arredondadas, elípticas, achatadas, alongadas, preta, branca, vermelha, roxa, amarela, marrom, bege, entre outras (COELHO et al., 2007).

Na alimentação humana, o feijão é considerado como uma ótima alternativa de fonte de proteína, pois comparado à alimentos de fontes de proteína animal,

possui menor custo e teor de gordura. Além de maior digestibilidade proteica, se comparado com a soja (RIBEIRO et al., 2007). O feijão também apresenta altos teores de minerais, vitaminas, carboidratos e fibras em sua composição (BROUGHTON et al., 2003).

No Brasil, o consumo de feijão depende principalmente das características morfológicas, como cor, formato e o tamanho da semente (CARNEIRO et al., 2005). De acordo com a *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO) o país ocupa a primeira posição em relação a produção do grão, sendo responsável por 17% da produção mundial, com produtividade média de 5842 kg/ha, seguido da Índia com 15% da produção e Mianmar com 12% (FAO, 2017).

2.2 O FEIJÃO CRIOULO - ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS

Sementes crioulas são assim classificadas devido ao seu uso de modo tradicional pelos produtores rurais, que, em sua maioria, utilizam sementes disponíveis entre os próprios familiares ou na comunidade em que habitam. Este processo culmina com uma seleção natural de genótipos adaptáveis as condições adversas e sem um processo de melhoramento genético tradicional (COELHO et al., 2007; ELIAS et al., 2007; PEREIRA et al., 2011).

O feijão do tipo crioulo é encontrado em todo o país. Como exemplo o estado de Santa Catarina compreende uma ampla diversidade genotípica de feijão, tanto nos caracteres morfológicos da semente quanto nos agrônômicos, os quais são mantidos em uso pelo pequeno agricultor, mostrando assim a importância de os genótipos crioulos como fonte alimentar e renda para a agricultura familiar (PEREIRA et al., 2009).

Embora seja cultivado em grandes áreas de monocultura, deve-se destacar que a agricultura familiar é responsável pela maior parte da produção de feijão no país. Em 2014, 70% da produção de feijão no território brasileiro foi pela agricultura familiar, fato este que permite supor uma produção considerável de variedades crioulas no país (ANDRADE, 2013).

Grande parte da produção de feijão por pequenos agricultores possui pouco ou nenhum recurso tecnológico. Tal fato faz com que a cultura seja, muitas vezes, considerada como pouco competitiva. Como consequência, os produtores não se profissionalizam, levando-os a perderem espaço para outras culturas. Entretanto, observa-se no mercado brasileiro que, à medida que a segunda e terceira safra vão ganhando espaço, os intervalos de entressafra diminuem, reduzindo assim a instabilidade de preços ao longo do ano (REIS, 2006).

O maior banco de germoplasma de feijão crioulo no Brasil se encontra no o Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV) da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) com um banco ativo de 200 acessos de feijão. Utilizados em diversas pesquisas e projetos de extensão agrônômicos, este material visa essencialmente abastecer pesquisas com o objetivo de caracterizá-los quanto a produtividade, arquitetura da planta, qualidade nutricional e tecnológica das sementes (PEREIRA et al., 2011; ZILIO et al., 2011)

Nutricionalmente, o feijão crioulo tem como característica ser mais rico em proteínas que as variedades comerciais disponíveis no mercado. Foram reportados teores de proteína nos grãos até 35,2% em feijões crioulos (SANTALLA et al., 2004), enquanto a média é de 22% (NOLETO; CORDEIRO; CHAVES, 2004).

2.3 CARACTERÍSTICAS DE INTERESSE NO MELHORAMENTO

O melhoramento de plantas é um método muito importante para o desenvolvimento de determinadas características, inexistentes ou em baixa proporção, numa cultura. Segundo Moose e Mumm (2008), o melhoramento genético diz respeito a todos os métodos, que envolvem a criação, seleção e a fixação de fenótipos superiores, que são utilizados para a obtenção de cultivares que estejam adaptadas às necessidades dos agricultores e consumidores.

Com o avanço da genética nos últimos anos, houve uma melhora na compreensão dos aspectos estruturais e funcionais do genoma das plantas e a sua

integração ao conhecimento básico, proporcionando um melhoramento na capacidade das plantas para um benefício específico (VARSHNEY, et al., 2006).

Os programas de melhoramento genético em feijão vêm reconhecendo a importância de se analisar outras características além das agronômicas, como por exemplo, as físicas e sensoriais dos grãos cultivares (CARNEIRO et al., 2005).

Em função das exigências do mercado, a produtividade de grãos e a resistência a doenças, são ainda consideradas os principais objetivos dos programas de melhoramento da cultura, porém vem sendo estudadas características que visam o escurecimento e endurecimento tardios de grãos (ALVARES, 2015); biofortificação (RIOS, 2009); tolerância a estresse hídrico (AGUIAR et al., 2008; BEEBE et al., 2013); eficiência na absorção de nutrientes (FAGERIA, 1998); e eficiência de fixação simbiótica de nitrogênio (ALCÂNTARA et al., 2009).

2.3.1 Características morfoagronômicas

Em função do cenário mundial atual, onde a população humana vem aumentando de forma significativa e, conseqüentemente, a demanda de alimentos também, a busca por variedades de feijão melhoradas e uniformes tem se tornado uma exigência.

Entretanto, gera-se uma pressão negativa no uso de genótipos crioulos que foram adaptados para as condições de produção do agricultor. O conhecimento da diversidade genética presente entre tais genótipos é essencial para o uso devido dos recursos oferecidos pela genética (LOARCE; GALLEGOS; FERRER, 1996; ELIAS et al., 2007; GUIMARÃES et al., 2007).

O ambiente de produção e suas variações podem influenciar as características morfoagronômicas do feijão, como a estatura da planta, número de nós, ramos, vagens por planta ou sementes por vagem, influenciando negativamente a produtividade (PIANA et al., 1999).

Tal fato pode ser observado principalmente em feijões crioulos, visto que os mesmos possuem uma ampla base genética, fazendo com que a morfologia e o rendimento sejam influenciados por fatores como o déficit hídrico, variações na temperatura, a falta ou excesso de luminosidade e umidade (BITOCCHI et al., 2012).

A interação da planta com o ambiente é um dos grandes desafios dos programas de melhoramento. As mudanças comportamentais das plantas podem tornar onerosa e lenta, a seleção de genótipos para determinadas características. Dessa forma, as avaliações de genótipos devem ser realizadas em locais variados, permitindo que sejam feitas recomendações para ambientes gerais e específicos. A interação entre o genótipo e o ambiente pode ocorrer entre regiões em um mesmo ano de cultivo ou entre locais ou anos. Esse efeito pode levar a alteração nas similaridades de genótipos (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008).

Por meio de análises da morfologia e da resistência (Elias et al., 2007), caracterizaram a diversidade genética de genótipos crioulos interessantes para os estudos de melhoramento devido a sua ampla base genética. Porém é necessário escolher características de cultivares em pelo menos dois anos de cultivo relevante (PEREIRA; VENCOVSKY; AMARAL JÚNIOR, 1994; RODRIGUES et al., 2002; COELHO et al., 2007).

Nos casos em que os caracteres de diferentes genótipos são medidos conjuntamente, aos pares, as distâncias de Mahalanobis (D^2) podem ser tomadas como estimativas de diversidade genética entre eles. Tais estimativas podem ser obtidas a partir das diferenças fisiológicas e morfoagronômicas de um grupo de genótipos (ELIAS et al., 2007).

2.3.2 Características de composição dos grãos

O termo “mineral” é empregado referenciando elementos químicos inorgânicos presentes em animais e plantas, em diferentes proporções. Sabe-se que estes elementos são ativos em diversas ações enzimáticas e constituem estruturalmente os órgãos e tecidos presentes nos fluídos corporais (TEIXEIRA, 1992).

A biodisponibilidade de minerais pode ser influenciada por fatores como a digestibilidade do alimento, a forma química do mineral, a quantidade de outros elementos presentes na dieta, o tamanho da partícula do alimento, a presença de quelantes, ou condições de processamento. Essas, podem atuar na alteração da

quantidade de minerais, na forma química ou na associação dos mesmos com outros componentes (SATHE et al., 1984).

Quanto a composição mineral, o principal componente do feijão é o potássio (cerca de 1%, o que corresponde a aproximadamente 30% do conteúdo total de minerais), seguido do fósforo (0,4%), ferro (0,0007%), cálcio, cobre, zinco e magnésio. Ainda, o teor de cinzas varia de 3,8 a 4,5g em uma porção de 100g do vegetal (BARAMPAMA; SIMARD, 1993; SATHE et al., 1984).

O quadro abaixo faz referência aos valores médios da composição mineral do feijão por grama.

Quadro 1, Composição mineral média de feijão cozido e seco.

Minerais	Teor mg/g
Ferro	6,02 -18
Cobre	0,8 -2,74
Zinco	2,5 - 6,08
Cálcio	86 – 207,41
Magnésio	28,1- 239,47
Manganês	1,31 - 2,60
Potássio	442 – 1542,5
Fósforo	295 – 542

Fonte: Adaptado de Ramirez – Cárdenas et al. (2008).

Do mesmo modo, Barampama e Simard (1993), avaliaram quatro variedades de feijões, onde foram encontrados os seguintes valores dos minerais em uma porção de 100g de matéria seca: 525 mg de K; 55 mg de Ca; 7,3 mg de Zn; 7,6 mg de Fe; 0,9 mg de Cu; 456 mg de P e 28 mg de Mg.

A Recommended Daily Allowances (RDA), afirma que uma xícara de feijão seco cozido pode proporcionar cerca de 29% das necessidades de ferro para um organismo feminino e 55% para homens e ainda de 20 a 25% de P, Mg e Mn, 20% de K e Cu e 10% de Ca e Zn (GEIL; ANDERSON, 1994).

Além disso, a presença de ferro no feijão amargo, por exemplo, é alta. No entanto, devido às altas concentrações de fitatos presentes no mesmo, diminui a disponibilidade de tal mineral. De mesmo modo, a presença de tanino e fibras

dietéticas também pode alterar a disponibilidade de minerais no feijão (CHIARADIA; GOMES, 2017).

2.4 MARCADORES MOLECULARES PARA FEIJÃO

Os marcadores moleculares são ferramentas utilizadas com a finalidade de detectar variações no genoma, auxiliando na análise genética e permitindo indiretamente a seleção de caracteres desejáveis em programas de melhoramento de plantas (BORÉM; CAIXETA, 2009). Um marcador molecular pode ser denominado de marcador genético, quando seu comportamento está de acordo com as leis básicas da herança mendeliana (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

As principais vantagens de se utilizar os marcadores moleculares são: a obtenção de um número praticamente ilimitado de polimorfismos genéticos; a baixa influência de variações ambientais; e a utilização em qualquer fase de desenvolvimento da planta. Além disso, quando os marcadores são condominantes

há uma grande probabilidade de gerar maior informação por marcador polimórfico, os tornando assim adequados para diversos tipos de análise genética, abrangendo estudos relativos à divergência e diversidade genética, construção de mapas de ligação, testes de paternidade e seleção assistida por marcadores (FALEIRO, 2007).

Os marcadores são ferramentas úteis nas diversas etapas do desenvolvimento de genótipos superiores do feijoeiro-comum, pois proporcionam a seleção de genitores contrastantes para os genes de interesse (pré-melhoramento), fornecem maior poder na discriminação de linhagens (melhoramento) e certificam a pureza genética das cultivares, após seu registro e lançamento (pós-melhoramento) (ALZATE-MARIN et al., 2005).

No estudo genético de plantas os marcadores de DNA são muito utilizados devido à viabilidade de se obter uma quantidade suficiente de marcadores para detectar variações em todos os alelos de todos os genes de uma espécie (RAMALHO et al., 2012), além do mais, a sua confiabilidade, praticidade operacional e informativa genética, associadas à técnica, faz com que ocorra um grande interesse de seu uso por parte dos pesquisadores.

Para a escolha do marcador molecular a ser utilizado em determinado estudo deve levar em consideração a quantidade de informação acessada por meio deles.

Segundo Faleiro (2007), os mais indicados para estudos de identidade genética e variabilidade dentro de uma mesma espécie, são os marcadores moleculares multilocos como microssatélite.

Os microssatélites, conhecidos também como SSR ou STR (*Short Tandem Repeats*), são sequências de DNA repetitivo na qual suas repetições mono-, tri-, tetra-, penta ou até mesmo hexanucleotídeos se repetem de 10 a 60 vezes (SILVA, 2003). Essas sequências são distribuídas ao longo do genoma e podem ocorrer em regiões codificantes ou não codificantes, sendo, porém comum em regiões codificantes (RAMALHO et al., 2012).

As vantagens da utilização dos marcadores SSR são devido ao fato de serem multialélicos, possuírem herança condominante, ampla distribuição no genoma, alta taxa de polimorfismo, utilização de pequena quantidade de DNA dos indivíduos que estão sendo analisados, alta reprodutibilidade por meio de PCR e por não serem influenciados pelo ambiente (SCHUSTER et al., 2004; MATA, 2010; SOUZA, 2012, ANDRADE et al., 2013). Além disso, é possível obter maior quantidade de informação genética visto que são codominantes (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Os marcadores SSR-EST vem sendo muito utilizados na caracterização do germoplasma do feijão (HANAINÉ, 2008).

2.5 DIVERGÊNCIA GENÉTICA

A divergência genética é o nível de heterogeneidade ou nível de variação genética de uma população ou de indivíduos de uma determinada espécie (ESTOPA, 2003). Por muito tempo a sua avaliação foi realizada por meio de informações fenotípicas, como caracteres morfológicos e/ou de desempenho agrônômico. Porém, atualmente esses dados podem ser obtidos através de análise bioquímica, citológica e genotípica sendo obtidas com o uso de marcadores de DNA no qual possibilita a obtenção de informações mais precisas e sem influência ambiental (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Várias culturas têm sido estudadas utilizando a divergência genética, na qual visam à seleção de genitores para a formação de híbridos ou mesmo para a

formação de novas populações segregantes provenientes do inter cruzamento de genótipos divergentes com características agronômicas complementares (MACHADO et al., 2002; BARBIERI et al., 2005; BONETT et al., 2006; VIANA et al., 2006; AMORIM et al., 2007 e ARRIEL et al., 2007).

Ter o conhecimento da caracterização morfológica e agronômica das plantas cultivadas é de extrema importância, pois por meio delas é possível conhecer a divergência genética do conjunto de germoplasma disponível para utilização em programa de melhoramento genético (Elias et al., 2007), sendo que a divergência tem sido avaliada por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação de heterose ou por processos preditivos.

Os métodos preditivos vêm sendo muito utilizados, pois se baseiam em diferenças morfológicas, fisiológicas e moleculares de genótipos, dispensando assim a obtenção das combinações híbridas entre eles, o que proporciona vantagem, especialmente quando o número de genitores da qual a diversidade se deseja conhecer é elevado. Mediante a esses métodos as informações múltiplas de cada cultivar são expressas em médias de dissimilaridades, que representam a divergência existente no conjunto de acessos estudados (CARVALHO et al., 2003).

Existem muitos métodos preditivos que podem ser utilizados para o estudo da divergência genética, dentre eles estão: à análise multivariada, por meio das medidas de dissimilaridades, envolvendo a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis; métodos de agrupamentos envolvendo os métodos hierárquicos, como UPGMA e do vizinho mais próximo; método de otimização de Tocher e técnicas de dispersão gráfica envolvendo análise por componentes principais e por variáveis canônicas (CRUZ et al., 2004). A escolha do método a ser utilizado deve levar em consideração, a precisão que o pesquisador quer almejar, a facilidade da análise e a forma como os dados foram obtidos (CRUZ; CARNEIRO, 2003; CRUZ et al., 2004).

É de primordial importância, o conhecimento da diversidade genética por meio de técnicas multivariadas, para o planejamento de programas de melhoramento e para a definição de estratégias de trabalho. Além disso, o conhecimento do grau de divergência genética viabiliza o monitoramento dos bancos de germoplasma além de gerar informações úteis para a preservação e uso dos acessos (TOQUICA et al., 2003).

Segundo Chiorato et al. (2006) utilizaram a análise multivariada na avaliação da divergência genética de 116 acessos de feijão pertencente ao banco ativo de germoplasma de feijoeiro do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC). Conforme os autores o que possibilitou a identificação das possíveis duplicatas no banco de germoplasma, foi a identificação de grupos de acessos com dissimilaridade igual à zero.

De acordo com Elias et al. (2007) detectaram divergência genética entre as cultivares tradicionais e as testemunhas comerciais de feijão mediante a utilização de técnicas multivariadas baseadas em 11 caracteres morfoagronômicos e nutricionais. Cabral et al. (2011) avaliaram a divergência genética em 57 acessos de feijoeiro comum, sendo 20 acessos fornecidos pela EMBRAPA, 31 genótipos locais fornecidos da região de Muqui (ES) e seis cultivares comerciais. Esses dados demonstraram baixa similaridade genética entre as cultivares comerciais e entre os acessos provenientes da EMBRAPA, pois os acessos locais demonstraram diversidade genética significativa.

Nos estudos realizados por Cardoso et al. (2014) utilizaram marcadores microsatélites para a caracterização de cultivares comerciais de feijão desenvolvidas em várias instituições de pesquisa, com o objetivo de determinar o grau de diversidade genética entre as amostras analisadas. Por meio do trabalho evidenciou que a variabilidade genética do feijão Carioca e linhas do feijão tipo Preto apresentou redução.

Cardoso et al. (2013) estimaram a divergência genética de 172 linhagens e cultivares de feijão comum utilizadas em cinco testes de Valor de Cultivo e Uso (VCU) com a finalidade de determinar o potencial de combinação para gerar genótipos superiores.

3 OBJETIVOS

3.1 OBJETIVO GERAL

Caracterizar feijões crioulos cultivados no Espírito Santo, com base em caracteres morfoagronômicos, bromatológicos, de composição mineral e por marcadores moleculares, bem como compará-los à feijões comerciais oriundos de diferentes programas de melhoramento no Brasil.

3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Mensurar as variáveis morfoagronômicas, bromatológicos e composição de grãos em variedades comerciais e crioulas cultivadas no ES;
- Analisar os marcadores moleculares de variedades comerciais e crioulas cultivadas no ES;
- Discutir as variáveis analisadas comparativamente entre feijão crioulo e variedades comerciais;

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 MATERIAL VEGETAL

Vinte genótipos de feijões foram caracterizados neste estudo, dos quais 14 cultivares comerciais e seis genótipos crioulos (Tabela 1) (APÊNDICE A). As cultivares comerciais foram cedidas pelo Instituto Capixaba de Pesquisa Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER). Foram inclusos no estudo genótipos de alto rendimento de grãos, porte ereto, precocidade e tolerância à seca. As variedades crioulas foram obtidas de produtores em feiras nos municípios de Alegre, Jerônimo Monteiro e Guaçuí, pertencentes ao Estado do Espírito Santo.

Tabela 1. Identificação, nome comum e características dos genótipos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) utilizados.

Identificação/ tipo	Nome	Fonte	Hábito de crescimento	Resistência
G1 - carioca	CNFC 15475	Embrapa	Indeterminado	-
G2 - carioca	CNFC 15625	Embrapa	Determinado	-
G3 - carioca	CNFC 15462	Embrapa	Indeterminado	-
G4 - carioca	PÉROLA	Embrapa	Indeterminado	Reação intermediária a mancha e ferrugem
G5 - carioca	BRS NOTAVEL	Embrapa	Indeterminado	Antracnose, murcha de fusarium
G6 - carioca	BRS ESTILO	Embrapa	Indeterminado	Moderadamente resistente a antracnose, ferrugem
G7 - carioca	IPR COLIBRI	lapar	Determinado	Mosaico comum
G8 - preto	CNFP 15310	Embrapa	Determinado	-
G9 - preto	CNFP 15304	Embrapa	Determinado	-
G10 - preto	CNFP 15290	Embrapa	Indeterminado	-
G11 - preto	CAPIXABA PRECOCE	Incaper	Indeterminado	Tolerância antracnose e bacteriose
G12 - preto	IPR UIRAPURU	lapar	Determinado	Resistência à ferrugem, oídio e mosaico comum
G13 - preto	BRS CAMPEIRO	Embrapa	Indeterminado	Resistência acamamento, mosaico
G14 - preto	BRS ESPLENDOR	Embrapa	Determinado	Resistência acamamento, mosaico
G15 - preto	BICO DE OURO	Crioulo	Determinado	-
G16 - preto	VAGEM RISCADA	Crioulo	Indeterminado	-
G17 - preto	PRETO HORT	Crioulo	Determinado	-
G18 - marrom	MACUQUINHO	Crioulo	Determinado	-
G19 - verde	VERDE	Crioulo	Determinado	-
G20 - vermelho	VERMELHO	Crioulo	Indeterminado	-

4.2 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL

O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com três repetições. A unidade experimental foi composta por quatro fileiras de 4,0 m de comprimento, espaçadas entre si por 0,5 m e com densidade de semeadura de 10 sementes por metro linear.

Para avaliação experimental considerou-se as fileiras centrais da área plantada, usando-se como bordadura a primeira e última fileira e também cada planta no início e no fim de todas as fileiras cultivadas. Foram escolhidas aleatoriamente 10 plantas para avaliação. Os resultados obtidos foram transformados em média.

O experimento foi conduzido na Fazenda São Francisco, localizada em Cachoeira Alta (20°50'46" latitude sul e 41°36'17.3" latitude oeste e 900m de altitude), município de Alegre, Espírito Santo.

Quanto ao preparo, o solo foi arado e gradeado. Não foram realizados calagem e adubações, com o intuito de simular o sistema de preparo do solo adotado pelos produtores de feijão da região. O plantio foi efetuado em agosto de 2015, utilizando 20 genótipos de feijão, sendo 15 comerciais e 5 crioulos. Durante a condução do experimento, foram feitas capinas manuais e química. As avaliações iniciaram-se no mês de outubro.

4.3 CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS

Realizou-se a avaliação de 16 caracteres considerados descritores morfoagronômicos, de acordo com a lista de descritores mínimos para a cultura do feijão na Inscrição no Registro Nacional de Cultivares (RNC) preconizada no Decreto no 2.366 de 5 de novembro de 1997 (BRASIL, 1997). Foi obtida a média de dez plantas por bloco para número de vagem (NV); número de sementes (NS); número de locus/vagem (Loc/V); número de nós (NO); número de hastes produtivas (HAST). Para determinação do hábito de crescimento (HC): os genótipos foram classificados

de acordo com as orientações do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT).

O diâmetro do colo (DIAM) foi obtido em cm e a avaliação realizada a 2cm do solo, com paquímetro digital em 10 plantas amostradas aleatoriamente em cada bloco. A altura da inserção da primeira vagem (APV): foi mensurada em centímetros com base na distância entre o colo e a inserção da primeira vagem. A altura de planta (ALT): foi determinada pela distância entre o colo e a última folha completamente expandida em cm.

O peso de vagem (palha) (PP): foi determinado após a retirada das sementes das vagens das 10 plantas avaliadas por bloco. O peso de semente (PS) em gramas determinado pela média do peso das sementes de 10 plantas avaliadas por bloco, utilizando balança de precisão. A produtividade (PRO) foi estimada utilizando o peso total de sementes das 10 plantas x 10 (número de plantas avaliadas) / área útil, transformando para KG/ha¹. Também foi estimado o Índice: PROD (Kg/há⁻¹) / PROD PALHA (Kg/há⁻¹).

Os teores de clorofila a, b e total foram determinadas 30 dias após a emergência utilizando-se o aparelho clorofílog portátil modelo CFL 1030.

4.4 CARACTERÍSTICAS DE COMPOSIÇÃO DE GRÃOS

A partir das amostras de grãos crus foram determinados os teores de nitrogênio (N), fósforo (P), potássio (K), cálcio (Ca), magnésio (Mg), enxofre (S), zinco (Zn), ferro (Fe), manganês (Mn) e cobre (Cu) conforme metodologia descrita por Malavolta et al.(1997). As análises foram realizadas em triplicatas de uma amostra composta dos materiais obtidos dos três blocos.

Amostras de grãos de feijão cru foram secas em estufa a 60 °C por 24 horas e posteriormente trituradas em moinho de facas, embaladas em sacos plásticos e armazenadas em temperatura entre 5 a 10°C. Os procedimentos das análises foram seguidos segundo as Normas *Association of official analytical chemists* – AOAC (1984). A partir destas, utilizou-se 1g de amostra, que foram aquecidas em estufa a 80°C até massa constante (16-36h). Após este período, o material foi resfriado em dessecador e o teor de umidade determinado através da fórmula:

$$U\% = 100 \cdot (A - B) / B, \text{ onde:}$$

U%: Teor de umidade

A: Peso da amostra úmida

B: Peso da amostra seca

O teor de cinzas foi determinado pelo método gravimétrico: as amostras provenientes da análise de umidade foram incineradas por 4 h em mufla a 550°C até obtenção de cinzas brancas ou acinzentadas. Após esta etapa foram calculadas as percentagens de cinzas em relação ao pó que foi submetido ao processo de secagem.

A determinação da proteína bruta (PB) foi realizada pela solubilização sulfúrica de 1g de grãos triturados pelo método Kjeldahl (AOAC, 1984) para a determinação do nitrogênio total.

Posteriormente foi aplicado o fator de conversão 6,25. Os teores de lipídios (Extrato etéreo) foram determinados à partir de amostras de 1g de grãos, triturados por meio da extração contínua com éter etílico, usando aparelho de Soxhlet (AOAC, 1995). A determinação dos carboidratos totais foi realizada utilizando-se 0,4g de grãos moídos e secos pelo método de ácido dinitrossalicílico (DNS) (BERNFELD, 1955).

A determinação do teor de fibras foi realizada pelo método de Weende (AOAC, 2009), baseado na dissolução da amostra, sucessivamente em solução ácida, básica e com acetona. O resíduo não dissolvido constituiu a fibra. As estimativas do teor de energia das amostras foram obtidas utilizando-se a equação: Energia (kcal): [(4x teor de proteína) + (4x teor de carboidratos + 9) x (teor de lipídios)].

4.5 CARACTERIZAÇÃO POR MARCADORES MICROSSATÉLITES

Para a caracterização com marcadores microssatélites o DNA genômico de cada genótipo foi obtido a partir de 300mg de tecido fresco de amostras de folhas. A

genotipagem foi realizada por 28 marcadores microssatélites, dos quais 13 genômicos (BENCHIMOL et al., 2007; HANAI et al., 2008) e 15 oriundos de EST(*expressed sequence tag*) (GAITÁN-SOLÍS et al., 2002; GARCIA et al., 2011). Estes marcadores foram selecionados pela literatura por apresentarem alto número alélico e o conteúdo de informação polimórficos (PIC).

As reações de PCR foram realizadas em volume final de 15 µl contendo 50 ng de DNA genômico; 1X de tampão; 0,15µM de primer; 1,5 mM de MgCl₂; 0,15U de Taq DNA polimerase e 0,25 mM de DNTP. As amplificações foram realizadas em termociclador sob as seguintes condições: 94°C por 4min; 30 ciclos de 94°C por 0,45 min, temperatura de anelamento específica por primer por 1 min, 72°C por 1 min; e extensão final de 72°C por 8min.

Os produtos de amplificação foram separados por eletroforese em géis de poliacrilamida 6%. Após a eletroforese os géis foram corados com brometo de etídio (10 mg ml⁻¹), e visualizados por sistema de fotodocumentação. As fotos foram analisadas com o software ImageLab 6.0 (Bio-RadLaboratories Inc.) e o tamanho dos fragmentos obtidos foram estimados conforme o tamanho em comparação com o padrão do marcador de peso molecular 100pb.

4.6 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

As variáveis morfoagronômicas e composição de grãos foram submetidos a análise de variância (ANOVA). As variáveis que apresentaram diferenças significativas entre genótipos pelo teste de F foram submetidas ao teste de agrupamento de médias por Scott-Knott.

As análises de correlações entre variáveis foram realizadas pelo método de Sperman e a significância da correlação analisadas pelo teste de t student.

As análises de Coordenadas principais (PCoA), (MANLY, 1994; JONGMAN et AL., 1995) foram realizadas utilizando-se caracteres morfoagronômicos e de composição de grãos. Todas as análises estatísticas foram realizadas no ambiente R, pacote ExpDes.

Os dados obtidos a partir dos marcadores microssatélites foram submetidos a análises descritivas dos *loci* individuais e obtidos: o número de alelos (*A*), a

heterozigosidade esperada (H_e), a heterozigosidade observada (H_o) e o conteúdo de informação polimórfico (PIC) utilizando o programa Genes (CRUZ, 2013).

A similaridade entre os genótipos foi estimada pelo complemento aritmético do índice ponderado com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013). Posteriormente a matriz de dissimilaridade obtida foi utilizada para a construção de um dendrograma pelo método hierárquico das médias aritméticas das medidas de dissimilaridade (UPGMA).

5 RESULTADOS

5.1 CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS

Os resultados obtidos pela análise de variância através do teste F encontram-se na Tabela 2.

Para as características avaliadas os genótipos não apresentaram diferenças significativas para diâmetro, altura de planta e número de vagem. Para as demais características diferiram significativamente ($P < 0,05$) e ($P < 0,01$), indicando que os genótipos foram diferentes e suas contribuições para as médias não foram constantes.

Tabela 2. Resumo das análises de variância dos 15 caracteres morfoagronômicos avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum.

FV	Blocos	Tratamentos	Resíduo	Média	CV(%)
GL	2	19	38	-	-
DIAM(mm)	17,34	2,06 ^{ns}	2,33	5,18	29,46
NO	0,08	1,23 ^{**}	0,43	4,96	13,24
HAST(cm)	1,12	0,41 [*]	0,19	2,52	17,25
APV(cm)	11,64	19,23 [*]	9,86	11,48	27,36
ALT(cm)	26,28	56,65 ^{ns}	33,85	44,18	13,17
NV	13,74	2,87 ^{ns}	2,24	5,31	28,2
NS	174	78,46 [*]	33,1	19,38	29,69
LOCV	287,28	100,59 [*]	45,91	23	29,46
PESO (g)	2,99	3,81 [*]	1,81	3,46	38,87
PP (g)	123177	864123,08 ^{**}	283119	1961,99	27,12
IND (Kg/há)	0,0002	0,013 ^{**}	0,0052	0,11	64,15
CLA	297,13	1233,69 ^{**}	299,05	316,52	5,46
CLB	213,88	877,91 ^{**}	218,82	116,46	12,7
CLT	930,27	4068,30 ^{**}	965,36	432,98	7,18
PROD(Kg ha ⁻¹)	33489,4	70111,75 ^{**}	24679,7	249,14	63,06

(GL)=graus de liberdade; DIAM= diâmetro do colo; NO= número de nó; HAST= comprimento da haste; APV = altura de inserção da primeira vagem; ALT= altura; NV = Número de vagens por planta; NS = número de sementes por vagem; LOCV = número de loco por vagem; Peso = peso da semente; PP = peso vagem palha; IND 1= índice; CLA = clorofila a; CLB = clorofila b; CLT= clorofila total; PRO = produtividade. ^{ns} não significativo; * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F e C.V.(%) Coeficiente de Variação.

A média geral dos parâmetros analisados estão descritos na Tabela 2, destacando para altura da primeira vagem (11,48), número de sementes por vagem (19,23) e loco por vagem (23). A média geral para produtividade foi de 249,14 kg ha⁻¹.

Em geral o coeficiente de variação para as características avaliadas variaram de 5,46 a 38,87, caracterizando uma boa precisão na condução do ensaio. Valores maiores deste parâmetro foram observados para produtividade (63,06) e índice (64,15) (Tabela 2).

Na tabela 3, foi apresentada a comparação de médias pelo critério de Scott Knott a 5% de probabilidade. Em geral os genótipos agruparam-se em dois grupos, exceto para os caracteres comprimento da haste e número de loco por vagem, que não apresentaram diferenças significativas entre os genótipos. De forma geral os genótipos crioulos ficaram alocados em grupos com genótipos comerciais, revelando variabilidade genética destes materiais para estas características.

Para o caráter número de nós (NO) ocorreu a formação de dois grupos de médias que apresentaram tanto genótipos comerciais quanto crioulos. O grupo de maior média foi formado por 15 genótipos (G1, G3, G5, G6, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17 e G20). Os grupos com as maiores médias foram: para número de sementes (G2, G3, G5, G6, G7, G11, G13, G14 e G16); para peso (G1, G2, G6, G7, G13, G14, G16 e G19); peso de palha (G1, G3, G5, G8, G10, G14, G18 e G19); índice (G2, G3, G5, G7, G9, G11, G13, e G19) e; clorofila A (G2, G4, G5, G8, G9, G11, G13 e G19), clorofila B (G2, G4, G5, G8, G9, G11 e G13) e clorofila T (G2, G4, G5, G8, G9, G11, G13) (Tabela 3). Quanto altura de inserção da primeira vagem, apenas os genótipos crioulos G19 (verde) e G20 (carioca) apresentaram médias superiores aos demais genótipos (17,76 e 17,98 cm, respectivamente) (Tabela 3).

Dentre os genótipos crioulos, o G19 (Verde) apresentou destaque pelas maiores magnitudes para comprimento da haste (3,15cm); altura da primeira vagem (17,76cm); número de sementes por vagens (18,96), locos por vagens (22,86), peso de semente (5,21gr) e produtividade (547,37 Kg ha⁻¹). Quanto aos comerciais o genótipo G3 apresentou destaque pelo comprimento da haste (2,95cm); altura da primeira vagem (9,94cm); número de sementes por vagens (23,33), locos por vagens (25,80), peso de semente (4,73gr) e produtividade (548,53 Kg ha⁻¹) (Tabela 3).

Os genótipos com maiores médias para número de sementes (NS) foram: G2, G3, G5, G6, G7, G11, G13, G14 e G16. Destes, a maioria também apresentaram o maior peso de grãos (PESO) (G2, G3, G6, G7, G13, G14, G16 e G19). Os genótipos G5 e G11 (BRS Notável e Capixaba ambos comerciais e precoces), apresentaram maior número médio de sementes, mas não maior média de peso, sugerindo

tamanho pequeno das sementes. Entretanto, o genótipo crioulo G19 (Verde), também precoce, apresentou baixo NS, mas de alto peso de sementes, indicado pela alta média da variável PESO. Este genótipo também ficou entre os de maiores produtividade - PROD (G2, G3, G6, G7, G11, G13, G14 e G19) (Tabela 3).

Para o caráter peso da palha dos dois grupos formados, o de maior média foi (G1, G3, G6, G8, G10, G14, G18 e G19) (Tabela 3). Quanto à produtividade verificou-se genótipos comerciais e crioulos no grupo com maior média (G2, G3, G5, G7, G9 e G13 e do genótipo crioulo o G19). Os demais genótipos crioulos apresentaram valores médios inferiores à média geral (249,14) (Tabela 3).

Para o caráter 'clorofila a' apenas os genótipos comerciais apresentaram as maiores médias (G2, G4, G5, G8, G9, G10, G13 e G14). Resultados similares foram obtidos para 'clorofila b' (G2, G4, G5, G8, G9, G10, G11 e G13) e 'clorofila total' (G2, G4, G5, G8, G9, G10 e G13). Todos os genótipos crioulos apresentaram teor de clorofila a, b ou total menor que os valores das médias gerais (CLA com 316,52 e CLB com 116,46 e CLT com 432,98) (Tabela 3).

Tabela 3. Médias de 15 caracteres morfoagronômicas avaliadas em 20 genótipos de feijão comum.

Trat	DIAM	NO	HAST	ALT	APV	NS	LOCV	NV	PESO	PP	IND	CLA	CLB	CLT	PROD
G1	5,19	5,40	a 2,47	a 47,33	11,43	b 19,22	b 22,26	a 5,07	2,94	b 2416,03	a 0,07	b 314,89	b 111,50	b 426,39	b 166,57
G2	4,76	3,97	b 2,87	a 51,67	8,07	b 24,83	a 32,70	a 1,67	4,85	a 1305,12	b 0,23	a 341,94	a 137,31	a 479,25	a 456,49
G3	5,13	5,53	a 2,95	a 45,00	9,94	b 23,33	a 25,80	a 1,00	4,73	a 2488,26	a 0,18	a 317,33	b 109,00	b 426,33	b 548,53
G4	7,09	4,30	b 1,78	a 52,67	10,48	b 12,52	b 14,56	a 8,67	2,30	b 1832,70	b 0,05	b 339,75	a 137,47	a 477,22	a 107,12
G5	6,95	5,00	a 2,60	a 42,67	10,78	b 20,61	a 23,65	a 8,00	3,19	b 1793,88	b 0,13	a 324,28	a 124,03	a 448,31	a 243,57
G6	6,20	5,73	a 2,40	a 46,00	11,63	b 25,96	a 29,08	a 6,33	4,67	a 2532,77	a 0,12	b 313,50	b 110,75	b 424,25	b 360,68
G7	7,02	3,83	b 2,83	a 49,00	9,31	b 25,67	a 31,93	a 5,00	4,62	a 999,63	b 0,23	a 286,42	b 95,06	b 381,47	b 299,48
G8	7,10	5,33	a 2,58	a 52,00	11,32	b 18,84	b 22,18	a 5,67	3,48	b 2443,88	a 0,07	b 355,47	a 144,92	a 500,39	a 172,81
G9	7,49	4,70	a 2,50	a 55,67	10,62	b 10,66	b 14,48	a 6,67	1,85	b 1345,08	b 0,14	a 341,78	a 130,89	a 472,67	a 217,05
G10	7,13	5,43	a 2,52	a 48,00	12,37	b 13,47	b 17,37	a 5,67	2,35	b 2266,03	a 0,06	b 332,42	a 141,22	a 473,64	a 144,57
G11	2,31	4,90	a 2,07	a 45,33	8,04	b 22,83	a 27,27	a 3,67	3,36	b 1893,94	b 0,13	a 311,22	b 120,58	a 431,81	b 301,89
G12	2,75	4,80	a 2,52	a 49,67	11,19	b 16,36	b 21,62	a 5,67	2,97	b 1877,14	b 0,08	b 308,08	b 113,89	b 421,97	b 169,84
G13	1,69	5,63	a 3,20	a 42,67	11,57	b 22,90	a 26,80	a 2,33	4,62	a 1716,14	b 0,24	a 336,81	a 139,31	a 476,11	a 402,44
G14	5,26	5,70	a 2,71	a 44,00	10,93	b 28,10	a 30,33	a 6,00	4,83	a 2777,32	a 0,11	b 321,06	a 116,61	b 437,67	b 345,83
G15	6,58	5,07	a 2,16	a 41,67	10,64	b 16,97	b 19,44	a 7,00	1,90	b 1199,50	b 0,06	b 281,83	b 95,22	b 377,06	b 72,57
G16	6,23	5,43	a 2,32	a 45,00	12,00	b 21,27	a 24,74	a 4,33	3,91	a 1516,10	b 0,08	b 302,08	b 95,72	b 397,81	b 124,97
G17	4,80	4,80	a 2,54	a 42,33	10,19	b 18,22	b 22,71	a 5,67	2,90	b 1877,14	b 0,06	b 288,97	b 98,97	b 387,94	b 128,14
G18	5,41	4,27	b 2,00	a 47,67	13,33	b 10,50	b 12,68	a 7,67	2,30	b 2099,37	a 0,01	b 297,69	b 94,89	b 392,58	b 29,14
G19	3,84	3,77	b 3,15	a 49,33	17,76	a 18,96	b 22,86	a 10,67	5,21	a 2966,03	a 0,15	a 310,42	b 107,44	b 417,86	b 547,37
G20	3,02	5,53	a 2,27	a 45,00	17,98	a 16,28	b 17,47	a 1,67	2,26	b 1893,81	b 0,07	b 304,39	b 104,39	b 408,78	b 143,66

(1) Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de médias de Scott Knott a 5% probabilidade. DIAM= diâmetro do colo; NO= número de nó; HAST= comprimento da haste; APV = altura de inserção da primeira vagem; ALT= altura; NV = Número de vagens por planta; NS = número de sementes por vagem; LOCV = número de loco por vagem; Peso = peso da semente; PP = peso vagem palha; IND = índice; CLA = clorofila a; CLB = clorofila b; CLT= clorofila total; PRO = produtividade. Tratamentos: genótipos comerciais G1 a G14 e genótipos crioulos G15 a G20. Sendo: G1=CNFC 15475; G2=CNFC 15625; G3=CNFC 15462; G4=Pérola; G5=BRS Notável; G6=BRS Estilo; G7=IPR Colibri; G8=CNFP 15310; G9=CNFP 15304; G10=CNFP 15290; G11=Capixaba-precoce; G12=Uirapuru; G13=BRS Campeiro; G14=BRS Esplendor; G15=Bico de ouro; G16=Vagem riscada; G17=Preto-hort; G18=Macuquinho; G19=Verde; G20=Carioca.

Correlações fenotípicas positivas e significativas foram observadas entre caracteres relacionados aos componentes de produção: NV X PESO (0,838); NS X LOCV (0,967); NS X PESO (0,839); LOCV X PESO (0,841); PESO X PRO (0,846); IND X PRO (0,808), bem como teor de clorofila (CLA X CLB (0,940); CLA X CLT(0,987) e CLB X CLT(0,982) (Tabela 4). Os caracteres PESO e IND foram componentes importantes para a produtividade de grãos, indicando que a seleção de genótipos mais produtivos implicará em aumento do peso do grão e no índice.

Os caracteres NV, NS e LOC apresentaram correlação de menor valor com a PRO, evidenciando a relevância da correlação entre o rendimento de grãos e seus componentes primários, uma vez que os ganhos obtidos com a seleção direta sobre o rendimento de grãos nem sempre são satisfatórios em face da complexidade genética do referido caráter.

Tabela 4. Estimativas de correlações fenotípicas entre 15 caracteres morfoagronômicos avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum.

	DIAM	NO	HAST	APV	ALT	NV	NS	LOCV	PESO	PP	IND	CLA	CLB	CLT	PROD
DIAM	1,000	0,042	0,144	0,019	0,052	0,225	0,251	0,248	0,231	0,179	0,115	-0,123	-0,237	-0,178	0,204
NO		1,00	-0,023	0,049	0,745**	-0,009	0,216	0,052	-0,040	0,320	-0,201	0,132	0,110	0,124	-0,085
HAST			1,000	0,067	0,140	0,580**	0,508**	0,561*	0,724**	0,185	0,743**	0,186	0,155	0,174	0,767**
APV				1,000	0,267	-0,234	-0,322	-0,413	-0,076	0,425	-0,290	-0,144	-0,233	-0,187	-0,047
ALT					1,000	-0,034	0,036	-0,115	0,029	0,662**	-0,189	0,421	0,300	0,371	0,120
NV						1,000	0,770**	0,787**	0,838**	0,244	0,545*	-0,018	-0,075	-0,045	0,604**
NS							1,000	0,967**	0,839**	0,116	0,617**	-0,071	-0,085	-0,078	0,645**
LOCV								1,000	0,841**	-0,010	0,700**	-0,044	-0,029	-0,038	0,657**
PESO									1,000	0,309	0,703**	0,081	-0,004	0,042	0,846**
PP										1,000	-0,243	0,199	0,092	0,152	0,315
IND											1,000	0,192	0,196	0,196	0,808**
CLA												1,000	0,940**	0,987**	0,234
CLB													1,000	0,982**	0,166
CLT														1,000	0,206
PROD															1,000

¹DIAM= diâmetro do colo; NO= número de nó; HAST= comprimento da haste; APV = altura de inserção da primeira vagem; ALT= altura; NV = Número de vagens por planta; NS = número de sementes por vagem; LOCV = número de loco por vagem; Peso = peso da semente; PP = peso vagem palha; IND = índice; CLA = clorofila a; CLB = clorofila b; CLT= clorofila total; PRO = produtividade. ^{ns} não significativo; * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

Pela análise dos coordenadas principais verificou-se a distribuição bidimensional dos 20 genótipos de feijão a partir da matriz de correlação fenotípica dos 15 caracteres morfoagronômicos. Ambos principais componentes habilitaram uma ordenação bidimensional apresentada na Figura 1.

Na representação gráfica verificou-se maior divergência dos genótipos crioulos em relação aos comerciais. Fato verificado pelos comerciais (G1 a G14) posicionarem-se na maioria no terceiro quadrante, enquanto os crioulos (G15 a G20) apresentaram distribuição ampla nos quadrantes.

O genótipo crioulo G20 foi o mais próximo dos comerciais, especificamente o G6, quanto às características morfoagronômicas. Logo deve-se avaliar outras características deste genótipo afim de adotar estratégias eficientes para este genótipo, dado que possui características de interesse ao melhoramento.

Hibridações promissoras são sugeridas entre genótipos dissimilares, com desempenho superior para as características desejáveis, destacando-se os genótipos crioulos G17, G18 e G19 e os comerciais G7 e G8, os quais estão dispersos na figura, em extremidades opostas (Figura 1).

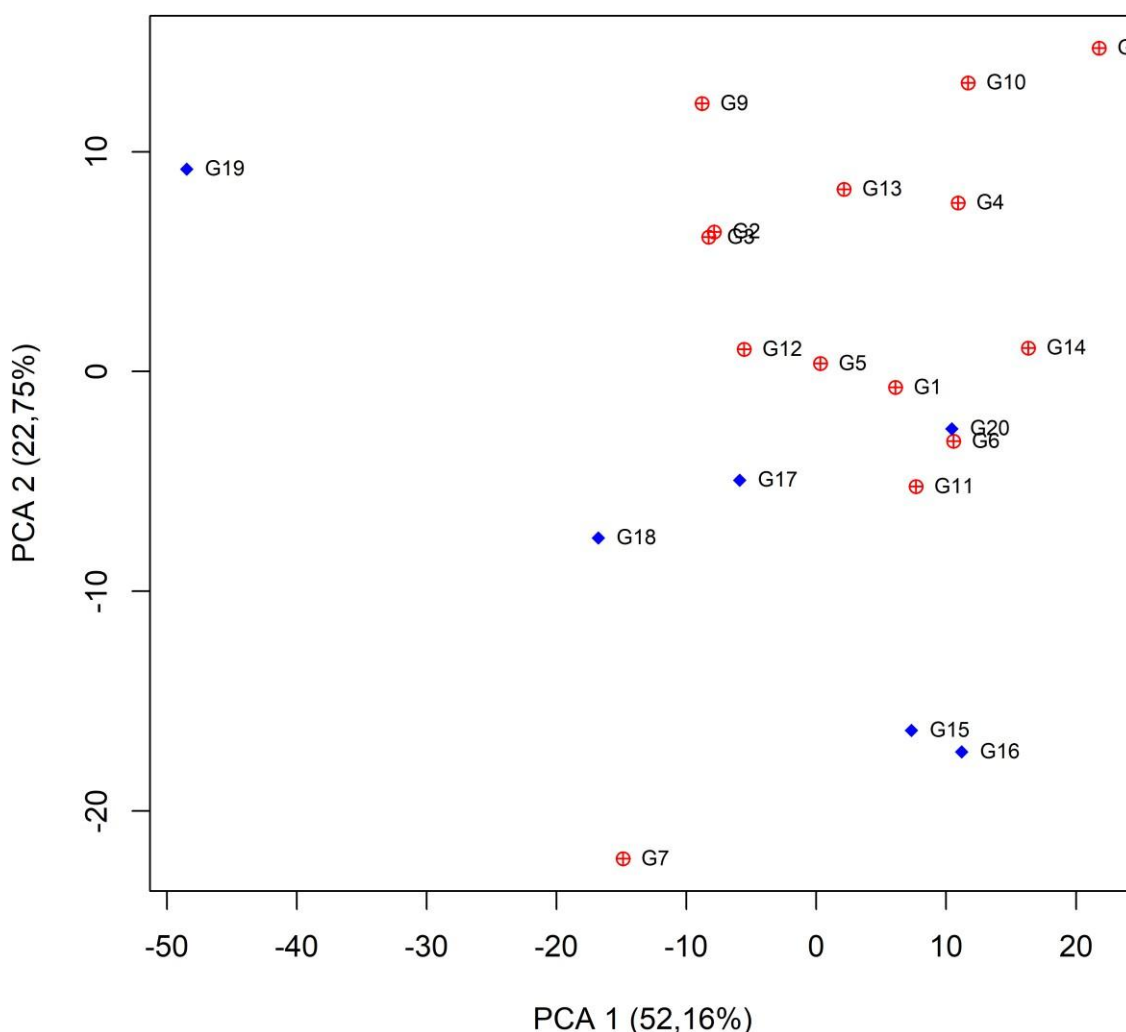


Figura 1. Análise de coordenadas principais, representando a distribuição dos 20 genótipos de feijoeiro comum para 14 descritores bromatológicos analisados, através dos dois primeiros componentes principais obtidos a partir da matriz de correlação fenotípica. Genótipos comerciais G1 a G14 e genótipos crioulos G15 a G20, sendo: G1=CNFC 15475; G2=CNFC 15625; G3=CNFC 15462; G4=Pérola; G5=BRS Notável; G6=BRS Estilo; G7=IPR Colibri; G8=CNFP 15310; G9=CNFP 15304; G10=CNFP 15290; G11=Capixaba-precoce; G12=IPR Uirapuru; G13=BRS Campeiro; G14=BRS Esplendor; G15=Bico de ouro; G16=Vagem riscada; G17=Preto-hort; G18=Macuquinho; G19=Verde; G20=Carioca.

5.2 CARACTERES BROMATOLÓGICOS

Os genótipos avaliados apresentaram diferenças significativas para os caracteres cinza, proteína, lipídios, carboidratos, fibras e energia (Tabela 5).

Tabela 5 - Resumo das análises de variância de seis caracteres bromatológicos avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum.

FV	Tratamentos	Resíduo	Média	CV(%)
GL	19	40	-	-
Cinza	0,326**	0,033	4,398	4,104
Proteína	10,442**	0,041	25,980	0,783
Lipídios	1,824**	0,037	1,360	14,166
Carboidratos	38,214**	0,346	51,518	1,142
Fibras	47,594**	0,168	8,370	4,902
Energia	1032,92**	4,024	322,327	0,622

⁽¹⁾GL= graus de liberdade, ** significativo a 1% de probabilidade Média e C.V(%) Coeficiente de Variação.

O coeficiente de variação para todos os descritores foi relativamente baixos. Os genótipos apresentaram grande variação para estas características sendo alocados entre quatro a dez grupos, dependendo da característica (Tabela 5). De forma geral, os genótipos crioulos ficaram distribuídos em grupos com genótipos comerciais.

Para o caráter teor de cinza observou-se a formação de quatro grupos. O grupo de genótipos com maiores médias foi composto pelos genótipos G8, G13, G14 e G15. Os genótipos crioulos, G15, G17, G18 e G20 apresentaram médias superiores à média geral (Tabela 6). Quanto ao teor de teor de proteína os genótipos ficaram distribuídos em 11 grupos. O genótipo comercial G10, tipo preto, apresentou a maior média. Os genótipos crioulos apresentaram teores de proteínas superiores à média geral, exceto o G19 (Tabela 5). Quanto ao teor de lipídios os genótipos distribuíram-se em sete grupos, com o G4, comercial e carioca, com média superior aos demais. Os crioulos G16 e G17 apresentaram médias superiores à média geral (Tabela 6).

Os genótipos comerciais G3, G5 e G13 apresentaram os maiores teores de carboidratos, de sete grupos de genótipos formados. Os genótipos crioulos apresentaram médias inferiores à média geral (Tabela 6).

Grande variação foi observada para teor de fibras pela formação de 11 grupos. Os genótipos crioulos G18 e G20 apresentaram as maiores médias em relação aos demais. Também apresentaram valores acima da média (8,37) para esta característica todos os genótipos crioulos e os genótipos comerciais G1, G11, G12 e G14 (Tabela 6).

O teor de energia também apresentou grande variação com a formação de 11 grupos e a maior média para o genótipo comercial G9 (tipo preto). Os crioulos não apresentaram destaque para esta característica, com médias inferiores à média geral (Tabela 6).

Dentre os genótipos crioulos não houve destaque para mais de uma característica com a maior média. No entanto, ao se analisar a média obtida para o genótipo comparativamente a média geral do caráter, observou-se que o G17 (Preto Hort) destacou-se com maiores magnitudes para teor de cinza (4,5), proteína (27,6), lipídios (1,6) e fibras (9,5) indicando potencial do genótipo para utilização destas características.

Tabela 6 -Médias de seis caracteres bromatológicos avaliadas em 20 genótipos de feijão comum.

Tratamento	Cinza	Proteína	Lipídios	Carboidratos	Fibra	Energia
G1	4.3c	22.1k	1.5d	51.8d	12.2c	309.3h
G2	4.0d	26.3f	1.6d	53.3c	6.8h	332.4e
G3	3.8d	23.7j	1.9c	56.1a	6.5h	335.7d
G4	4.4b	24.5i	3.6a	52.4d	7.2g	339.9c
G5	4.6b	23.5j	1.6d	56.0a	6.3h	332.1e
G6	4.6b	25.7g	1.4e	54.6b	5.8i	333.9e
G7	4.2c	26.1f	2.3b	55.2b	3.7j	345.9b
G8	5.0a	26.3f	1.3e	54.0c	5.5i	333.0e
G9	4.4b	29.0b	1.6d	54.7b	1.6k	351.5a
G10	4.0d	29.4a	1.2e	50.2e	7.2g	329.1f
G11	4.4b	27.4d	0.8f	49.0f	10.3d	311.0h
G12	4.4b	25.2h	1.3e	50.9e	8.5f	320.7g
G13	4.9a	26.9e	1.3e	56.5a	1.7k	345.7b
G14	4.8a	24.7i	1.7d	46.1g	13.9b	298.1i
G15	4.8a	28.2c	0.2g	49.3f	8.9f	311.4h
G16	3.9d	25.5g	1.4e	51.3e	9.2e	319.4g
G17	4.5b	27.6d	1.6d	48.4f	9.5e	317.0g
G18	4.4b	26.7e	0.3g	45.4g	15.1a	292.2j
G19	4.1c	24.4i	0.3g	50.3e	12.3c	301.2i
G20	4.5b	26.4f	0.3g	45.2g	15.5a	287.5k
Média geral	4,39	25,98	1,36	51,36	8,37	322,32

⁽¹⁾Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de médias de Scott Knott a 5% probabilidade. Tratamento: genótipos comerciais 1 a 14 e genótipos crioulos 15 a 20. Sendo: G1=CNFC 15475; G2=CNFC 15625; G3=CNFC 15462; G4=Pérola; G5=BRS Notável; G6=BRS Estilo; G7=IPR Colibri; G8=CNFP 15310; G9=CNFP 15304; G10=CNFP 15290; G11=Capixaba-precoce; G12=Ipruirapuru; G13=BRS Campeiro; G14=BRS Esplendor; G15=Bico de ouro; G16=Vagem riscada; G17=Preto-hort; G18=Macuquinho; G19=Verde; G20=Carioca.

Verificou-se correlação fenotípicas significativas entre: Li X Ca (0,492); Ca X Energ (0,891); Li x Energ (0,645); Li x Fi (- 0,471)); Ca X Fi (- 0,879); e Fi x Energ (- 0,971) evidenciando, que lipídios e carboidratos são os componentes que contribuem para a energia nos grãos do feijão comum, e que a seleção de cultivares com maiores teores de energia implicará em aumento dos teores de lipídios e de carboidratos.

O teor de fibras apresentou correlação negativa e significativa com carboidrato (-0,879) e energia (-0,974), e lipídios (-0,471), demonstrando que o teor de fibras dos grãos podem reduzir os ganhos obtidos com a seleção direta sobre os teor de energia dos grãos do feijoeiro (APÊNDICES A).

As análises de coordenadas principais permitiu analisar a dispersão dos 20 genótipos de feijão comum (Figura 2). Genótipos crioulos e comerciais apresentaram distinção para os caracteres bromatológicos e ampla variabilidade. Os genótipos comerciais G2, G3, G5, G6, G9 e G13, plotados no primeiro quadrante, destacam-se pelos altos teores de cálcio. No segundo quadrante estão plotados os genótipos comerciais G4 e G7 com valores altos teores de lipídios. Enquanto no quarto quadrante foram plotados os genótipos crioulos G16, G17, G18 e G20 que apresentaram altos valores para o teor de fibras.

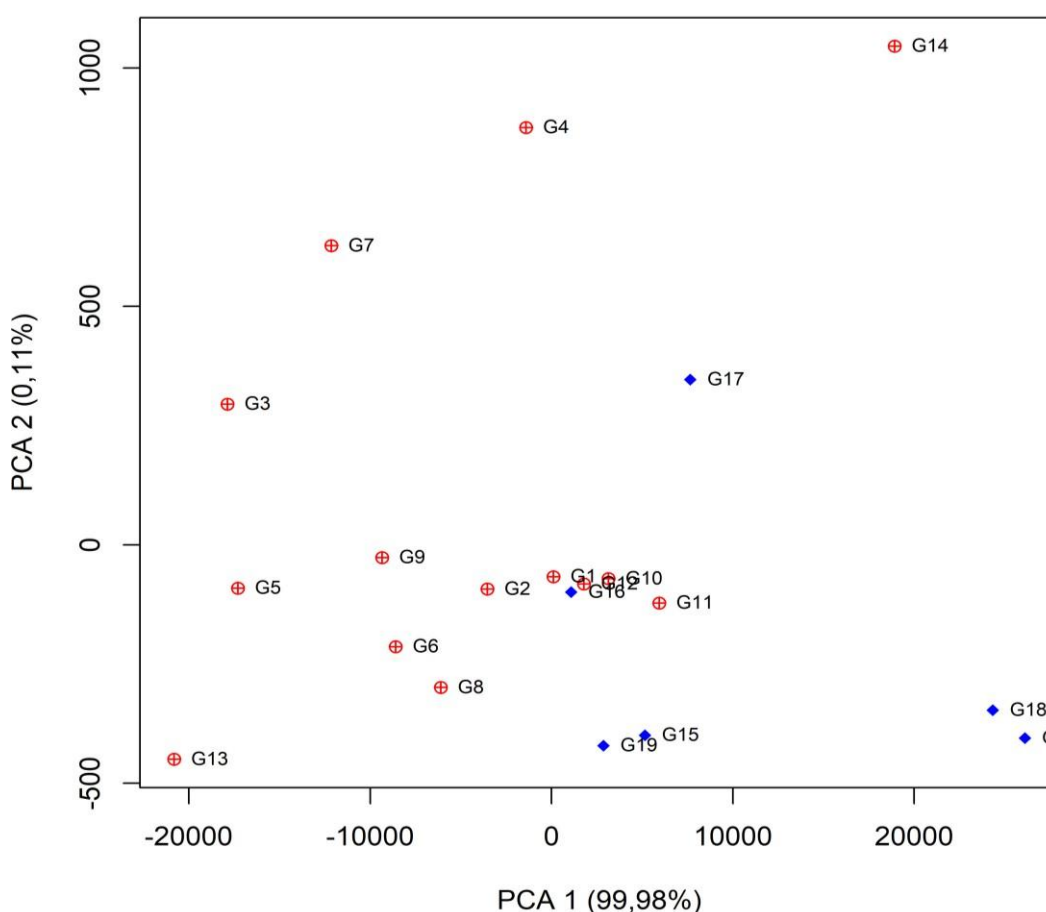


Figura 2. Análise de coordenadas principais, representando a distribuição dos 20 genótipos de feijoeiro comum para 6 características bromatológica analisados, através dos dois primeiros componentes principais obtidos a partir da matriz de correlação fenotípica. Genótipos comerciais G1 a G14 e genótipos crioulos G15 a G20, sendo: G1=CNFC 15475; G2=CNFC 15625; G3=CNFC 15462; G4=Pérola; G5=BRS Notável; G6=BRS Estilo; G7=IPR Colibri; G8=CNFP 15310; G9=CNFP 15304; G10=CNFP 15290; G11=Capixaba-precoce; G12=IPR Uirapuru; G13=BRS Campeiro; G14=BRS Esplendor; G15=Bico de ouro; G16=Vagem riscada; G17=Preto-hort; G18=Macuquinho; G19=Verde; G20=Carioca.

5.3 CARACTERES DE COMPOSIÇÃO MINERAL DE GRÃOS

Para as características de composição mineral de grãos os genótipos avaliados apresentaram diferenças significativas pelo teste F para os teores de nitrogênio, fósforo, cálcio e magnésio (Tabela 7).

Tabela 7 - Resumo das análises de variância dos 10 descritores mineralógicos avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum.

FV	Blocos	Tratamentos	Resíduo	Média	CV(%)
GL	2	19	38	-	-
N	0,3381	0,1654**	0,0328	4,26	4,26
P	0,0033	0,0095**	0,0030	0,65	8,36
K	0,0052	0,0480	0,0431	1,03	20,2
Ca	0,0204	0,0038**	0,0009	0,15	19,41
Mg	0,0003	0,0001**	0,0000	0,03	13,49
S	0,0001	0,0004	0,0003	0,03	65,03
Zn	0,5328	0,2220	0,2497	3,53	14,14
Fe	780,82	147,33	125,58	71,96	15,57
Mn	2,5904	4,1087	3,5277	15,24	12,32
Cu	4,0163	21,32	18,13	17,08	24,93

⁽¹⁾N= nitrogênio; P= fósforo; K= potássio; Ca = cálcio; Mg= magnésio; S= enxofre; Zn= zinco; Fe= ferro; Mn= manganês; Cu= cobre. ^{ns} não significativo; * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F e Média e C.V.(%) Coeficiente de Variação.

O coeficiente de variação para todos os descritores foi relativamente baixo, a exceção de enxofre (65,03) (Tabela 7). Na comparação de médias pelo critério de Scott Knott (Tabela 8) verificou-se que os genótipos dividiram-se em três grupos para os teores de nitrogênio e magnésio e em dois grupos para fósforo e cálcio. De forma geral, verificou-se que genótipos crioulos agrupados com comerciais revelando variabilidade para a seleção nestas características. O G17 agrupou-se com os comerciais de maior média para todos os caracteres, exceto para cálcio.

Para o caráter nitrogênio os genótipos agruparam-se em três grupos. O grupo com a maior média foi composto pelos genótipos G9, G10, G11, G13, G15, G17 e G18) que apresentaram médias superiores à geral (4,26). Para o teor de fósforo os genótipos comerciais (G9, G11 e G14) agruparam-se com os crioulos (G17, G18 e G20) no grupo de maior média (Tabela 8).

Quanto ao cálcio os genótipos de maior média foram os comerciais 1, 2, 3, 4, 7, 8 e 12 e o crioulo G17. Quanto a comparação das médias a média geral (0,19). Quanto ao Magnésio o genótipo comercial G13 apresentou maior média.

Correlações fenotípicas positivas e significativas foram observadas entre N X P (0,486); Ca X Mn (0,501) e Mg X Cu (0,549). Não houve correlação de nenhum dos componentes minerais com a produtividade

Tabela 8. Médias de dez caracteres mineralógicos em grãos avaliadas em 20 genótipos de feijão comum.

Tratamento	Nitrogênio	Fósforo	Cálcio	Magnésio
G1	4.11b	0.63b	0.20a	0.04b
G2	4.13b	0.63b	0.23a	0.03c
G3	3.90c	0.56b	0.15b	0.03c
G4	4.01c	0.64b	0.20a	0.04c
G5	4.15b	0.63b	0.14b	0.03c
G6	4.25b	0.63b	0.16b	0.03c
G7	4.27b	0.59b	0.21a	0.03c
G8	4.29b	0.63b	0.18a	0.03c
G9	4.61a	0.70a	0.13b	0.03c
G10	4.57a	0.66b	0.14b	0.03c
G11	4.35a	0.70a	0.12b	0.03c
G12	4.11b	0.64b	0.19a	0.03c
G13	4.55a	0.64b	0.16b	0.05a
G14	4.12b	0.70a	0.13b	0.03c
G15	4.46a	0.69a	0.12b	0.04c
G16	4.25b	0.52b	0.10b	0.03c
G17	4.45a	0.69a	0.18a	0.04c
G18	4.59a	0.77a	0.10b	0.03c
G19	3.75c	0.63b	0.13b	0.02c
G20	4.21b	0.73a	0.14b	0.04b
Média	4,26	0,65	0,15	0,03

⁽¹⁾Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de médias de Scott Knott a 5% probabilidade. N= nitrogênio; P= fósforo; Ca = cálcio; Mg= magnésio. Tratamento: genótipos comerciais 1 a 14 e genótipos crioulos 15 a 20. Sendo: G1=CNFC 15475; G2=CNFC 15625; G3=CNFC 15462; G4=Pérola; G5=BRS Notável; G6=BRS Estilo; G7=IPR Colibri; G8=CNFP 15310; G9=CNFP 15304; G10=CNFP 15290; G11=Capixaba-precoce; G12=IPR Uirapuru; G13=BRS Campeiro; G14=BRS Esplendor; G15=Bico de ouro; G16=Vagem riscada; G17=Pretohort; G18=Macuquinho; G19=Verde; G20=Carioca.

Na representação gráfica pela análise de coordenadas principais (Figura 3) os genótipos comerciais dos crioulos mais divergentes (G18, G15 e G19). Os genótipos comerciais (G1 a G14) ficaram dispersos em todos os quadrantes, com agrupamento de genótipos por quadrante, enquanto os crioulos (G15 a G20) ficaram dispersos no segundo e quarto quadrante. Dentre os comerciais o G3 apresentou-se como mais divergente, bem como o G3 e G7.

No entanto, os pares de genótipos comerciais e crioulo G6 e G20, G14 e G17, G11 e G20 e G10 e G16 (comercial e crioulo respectivamente) ficaram próximos, portanto não recomendados para hibridização entre eles.

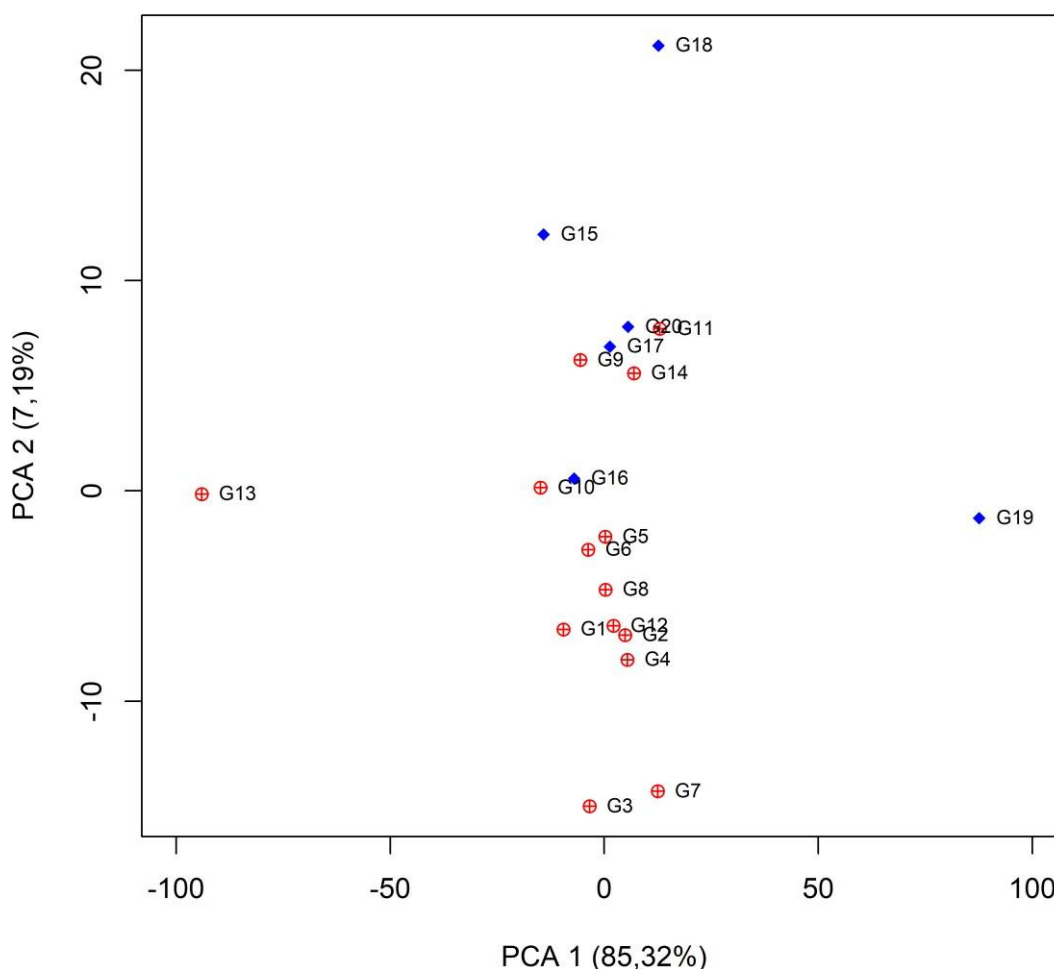


Figura 3. Análise de coordenadas principais, representando a distribuição dos 20 genótipos de feijoeiro comum para 10 características mineralógica analisados, através dos dois primeiros componentes principais obtidos a partir da matriz de correlação fenotípica. Genótipos comerciais G1 a G14 e genótipos crioulos G15 a G20, sendo: G1=CNFC 15475; G2=CNFC 15625; G3=CNFC 15462; G4=Pérola; G5=BRS Notável; G6=BRS Estilo; G7=IPR Colibri; G8=CNFP 15310; G9=CNFP 15304; G10=CNFP 15290; G11=Capixaba-precoce; G12=IPR Uirapuru; G13=BRS Campeiro; G14=BRS Esplendor; G15=Bico de ouro; G16=Vagem riscada; G17=Preto-hort; G18=Macuquinho; G19=Verde; G20=Carioca.

5.4 ANÁLISE POR MARCADORES MICROSSATÉLITES

Considerando os 28 marcadores microssatélites utilizados, verificou-se média de 4,34 alelos por loco e He média de 0,55. O conteúdo de informação polimórfico médio foi 0,58. Os marcadores microssatélites de origem genômica ou de EST apresentam parâmetros de diversidade semelhantes (TABELA 9).

A menor dissimilaridade entre os genótipos estudados foi encontrada entre os genótipos G4 e G5 (0,444) e a maior dissimilaridade ocorreu entre o genótipo crioulo (G16) e o comercial (G4) (0,935). A dissimilaridade média foi de 0,711.

Tabela 9. Análises descritivas de 28 marcadores microsatélites.

	<i>Locí</i>	<i>A</i>	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>f</i>	<i>PIC</i>
Genômico	BM172	5.00	0.77	0.00	1.00	0.73
	BM187	6.00	0.81	0.00	1.00	0.79
	BM188	5.00	0.79	0.00	1.00	0.75
	BM199	2.00	0.10	0.00	1.00	0.09
	BM205	3.00	0.27	0.00	1.00	0.25
	BM210	6.00	0.75	0.00	1.00	0.72
	BM213	4.00	0.79	0.00	1.00	0.75
	SSR-IAC06	3.00	0.27	0.00	1.00	0.25
	SSR-IAC21	5.00	0.65	0.00	1.00	0.61
	SSR-IAC22	5.00	0.66	0.00	1.00	0.61
	SSR-IAC47	5.00	0.70	0.00	1.00	0.66
	SSRIAC62	4.00	0.69	0.00	1.00	0.62
	SSR-IAC66	6.00	0.77	0.11	0.85	0.74
	SSRIAC77	3.00	0.58	0.00	1.00	0.51
	Média	4.43	0.61	0.01	0.99	0.58
EST	PVEST006	4.00	0.64	0.00	1.00	0.59
	PVEST008	4.00	0.62	0.00	1.00	0.56
	PVEST029	2.00	0.18	0.00	1.00	0.16
	PVEST072	7.00	0.81	0.00	1.00	0.78
	PVEST098	4.00	0.69	0.00	1.00	0.62
	PVEST137	6.00	0.75	0.00	1.00	0.72
	PVEST258	2.00	0.33	0.00	1.00	0.28
	PVEST272	3.00	0.19	0.00	1.00	0.18
	PVM-01	6.00	0.71	0.00	1.00	0.67
	PVM13 A	3.00	0.54	0.00	1.00	0.44
	PVM13B	3.00	0.57	0.00	1.00	0.48
	PVM14	5.00	0.73	0.00	1.00	0.69
	PVM-18	7.00	0.79	0.05	0.94	0.77
	PVM30	6.00	0.76	0.00	1.00	0.72
	Média	4.43	0.59	0.00	1.00	0.55

A = número de alelos; *H_E* = heterozigosidade esperada; *H_O* = heterozigosidade observada; *PIC* = conteúdo de informação polimórfico.

Com o agrupamento verificou-se a formação de 3 grupos (Figura 5). Um dos quais formados pelos genótipos crioulos G18 e G19. Estes genótipos também apresentaram similaridade quanto aos caracteres morfoagronômicos NO, HAST, NS, LOCV, PP, IND, CLA, CLB, CLT e PROD, para lipídios (bromatológico) e os dados mineralógicos K, Ca, Mg, S, Zn, Fe, Mn e Cu.

O segundo grupo foi formado pelos genótipos G7 (carioca), G10 (preto) e G16 (crioulo e tipo preto). Estes genótipos apresentaram similaridades nos caracteres morfoagronômicos (HAST, NS e LOCV), teor de lipídios. Os genótipos também foram similares para todas as variáveis mineralógicas, a exceção de N. Para PROD somente G10 apresentou a mesma média de G16.

Outro grupo foi formado pela maioria dos genótipos (G1, G2, G3, G4, G5, G6, G8, G9, G11, G12, G13, G14, G15 e G17), dos quais os genótipos G8 e G14 (oriundos da Embrapa e pretos) foram semelhantes também nos dados de agrupamentos de médias nos dados agronômicos; no teor de cinzas e nos dados de composição mineral (exceto P e Ca). No entanto, vale destacar que os comerciais G4 e G5 (tipo carioca e oriundos da Embrapa) apresentaram menor distância entre os genótipos deste grupo. Ambos apresentaram as mesmas médias para os dados agronômicos (exceto em NO, NS e IND); teor de cinzas e nas mesmas composição mineral (exceto em N e Ca).

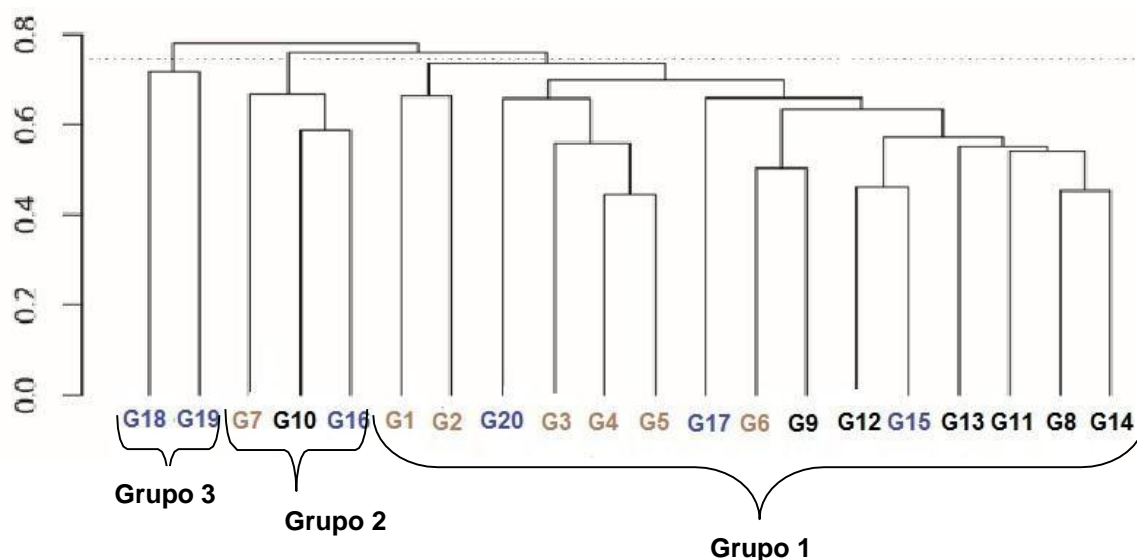


Figura 5. Dendrograma obtido pelo método UPGMA, a partir das medidas de dissimilaridade entre 20 genótipos.

6 DISCUSSÃO

Os genótipos avaliados apresentaram variabilidade fenotípica para a maioria dos caracteres morfoagronômicos, todos os caracteres bromatológicos e para os teores minerais de N, P, Ca e Mg. A variabilidade genética entre os genótipos comerciais e entre os crioulos e dentro destes grupos também foi verificada pela análise de marcadores microssatélites. Como a variabilidade genética é fator determinante ao sucesso dos programas de melhoramento (Ramalho *et al.*, 2000), os resultados obtidos revelam condições promissoras para seleção ou hibridações com potencial para o desenvolvimento de novos cultivares de feijão comum.

Os coeficientes de variação ambiental (CV%) são utilizados para expressar a qualidade experimental, quanto menor sua magnitude, mais confiável o valor fenotípico em representar o genotípico. Gomes (1985) classificou esses coeficientes como baixos (inferiores a 10%); médios (entre 10% e 20%), altos (entre 20% e 30%) e muito altos (superiores a 30%). De modo geral, os valores de CV% observados neste estudo revelaram boa precisão na condução dos ensaios para a maioria dos caracteres avaliados, uma vez que este parâmetro foi inferior a 10% para os dados bromatológicos e inferior a 20% para os morfoagronômicos e mineralógicos. As estimativas de CV% obtidas concordam com as estimativas encontradas por outros autores que desenvolveram trabalhos com a cultura (MEDEIROS *et al.*, 2010; CABRAL *et al.*, 2014; SILVA *et al.*, 2014).

Entretanto, os caracteres PROD e IND apresentaram valores altos de CV% (63,06 e 64,15, respectivamente), indicando maior influência ambiental para estes caracteres. Entretanto, vale ressaltar que a experimentação foi conduzida nas mesmas condições usadas pelos pequenos produtores rurais locais, com baixo nível tecnológico. Além disto, no período de condução do experimento ocorreu de déficit hídrico, o que teve maior impacto por metodologicamente, ter sido estabelecido o sistema de cultivo de sequeiro, ou seja, com a ausência de irrigação. Os dois caracteres também foram correlacionados e são de natureza quantitativa, sendo esperado a grande influência pelos fatores ambientais (GOMES, 1990; MATOS FILHO *et al.*, 2009).

A produtividade apresentou-se de baixa magnitude, com 249,14Kg ha¹, comparado a safra brasileira de março 2017, com 886 kg ha⁻¹ (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2017). No entanto, deve-se ter atenção ao ano

e o ambiente de experimentação, pois a condução do experimento e as condições climáticas não foram favoráveis, devido a ocorrência de déficits hídricos.

Quanto aos caracteres morfoagronômicos a detecção de apenas dois grupos pelo teste de agrupamentos de médias, para a maioria dos caracteres, indica variabilidade fenotípica moderada em relação a estes atributos dentre os 20 genótipos. Os genótipos crioulos mostraram-se mais divergentes em relação aos comerciais, o que pode ser explicado pelos genótipos comerciais terem sido selecionados para os componentes relativos à produção durante o seu desenvolvimento. Entretanto, a presença de genótipos crioulos no mesmo grupo de genótipos comerciais, implica na existência de caracteres morfoagronômicos relevantes ao melhoramento também nestes genótipos.

Quanto a altura de inserção da primeira vagem, apenas os genótipos crioulos G19 (verde) e G20 (carioca) apresentaram médias bem acima da média geral. Sendo, portanto genótipos de interesse ao melhoramento visando colheita mecanizada, dado que quanto maior o número de vagens inseridas abaixo da altura de corte da colhedora, maior perda por área na colheita. Bem como, vagens próximas à superfície do solo podem contribuir para maior exposição as doenças fúngicas de solo (KAPPES et al., 2008). Ainda neste sentido, Shimada, Arf e Sá (2000) que observaram relação entre a mecanização do feijoeiro e plantas com o porte mais baixo, apresentavam florescimento e frutificação em menor altura em relação ao solo, o que também fazia com que se obtivesse uma inserção da primeira vagem numa altura menor. Logo, plantas com entre nós maiores teriam a inserção da inflorescência mais altas em relação ao solo.

Para os genótipos comerciais G3, G6 e G14 foi possível verificar que os mesmos genótipos apresentavam mesmo agrupamento de médias para os parâmetros NS, PESO e PP com maiores valores médios. Para o genótipo crioulo G19 houve relação apenas entre o PESO e a PP, podendo-se supor que a partição de fotoassimilados foram destinadas a tornar a vagem maior para sustentar sementes mais pesadas.

Os menores valores para teor de clorofila nos genótipos crioulos pode ter influenciado na produtividade destes genótipos. O teor de clorofila possui relação estreita com a estrutura vegetal da planta, pode influenciar os parâmetros que se associam a produção, por comprometer a fotossíntese (RADY, 2011; ROSALES et al., 2012).

Quanto a produtividade, verificou-se maiores médias em genótipos comerciais que já apresentavam algumas características de interesse, como serem biofortificados e tolerante ao estresse salino, ciclo semiprecoce ou precoce. De acordo com Peixoto (2017), as características genéticas que são inseridas nos cultivares de feijão via melhoramento proporcionam o aumento da produtividade em associação à outras características desejadas, como precocidade ou incremento dos valores nutricionais dos grãos. Neste sentido o genótipo crioulo G19 apresentou produtividade similar aos genótipos comerciais, em condições climáticas desfavoráveis, devido a ocorrência de déficits hídricos indicando o potencial deste genótipo a ser explorado.

O estudo de correlação é fundamental na identificação de caracteres que possam ser utilizados na seleção indireta para a produtividade de grãos. Assim, as correlações entre NV e NS são relatadas como intrinsecamente ligada aos fatores morfoagronômicos que explicam a produção ou produtividade como IND, PROD, LOCV e PESO, afinal todos tem nas sementes sua origem metodológica para mensuração, de modo que, as correlações descritas, explicam os dados encontrados (FERNANDEZ et al., 2009).

A correlação entre as variáveis número de locus por vagem e peso pode indicar, à medida que cada loco produza uma semente viável, mais as plantas deverão disponibilizar para os grãos parte dos recursos energéticos disponíveis, fato este que poderia explicar a correlação alta e positiva como a verificada (MARSCHNER, 1995).

Em trabalho estudando a relação entre arquitetura de plantas e produtividade de plantas de soja, Souza et al., (2013) também verificaram que o rendimento de grãos, que metodologicamente se assemelha a variável PESO neste estudo, apresentou correlação positiva com o número de vagens por planta (NV), número de grãos por planta (NS), características que dão as dimensões para se determinar a produtividade (PROD).

A significância entre a variável PROD e IND era esperada, pois, são características comuns entre plantas mais produtivas (SOUZA et al., 2013), indicando, portanto, que de maneira geral os cultivares estudados sob esta correlação morfoagronômica são indícios de plantas produtivas.

Quanto aos caracteres bromatológicos, que refletem a qualidade nutricional dos grãos, verificou-se que as médias dos genótipos ficaram entre as médias descritas na literatura para cinza (valores encontrados 4,39; valores da literatura:

3,36 a 5,44%) e teor de proteína (16 a 36,28%); abaixo da média para carboidratos (66,3 a 76,79%). Valores acima da literatura foram descritos para fibras (8,04 a 11,11%) e lipídios (0,66 a 1,43%) (BURATTO, 2012). Quanto ao teor de energia, a média obtida de 322,32 Kcal é inferior a média para os grãos de feijão carioca (329,0 Kcal) e preto (323,5 Kcal) (TACO, 2014).

Outro ponto de destaque quanto aos parâmetros bromatológicos é que as variáveis analisadas apresentaram grande variabilidade entre os genótipos, representado pelo grande número de grupos formados pelo teste de médias. Bem como foi verificado ausência de genótipos com altas médias para todos os caracteres avaliados.

Genótipos de feijão preto apresentaram destaque para teor de cinzas (G13 e G14), teor de proteína (G10), teor de carboidrato (G13) e de energia (G9). As maiores médias de teores de fibras foram dos genótipos crioulos (G18 e G20). Entretanto, os genótipos crioulos apresentaram as menores médias de lipídios e carboidratos. O genótipo comercial G4 carioca destacou-se dos demais quanto a composição de lipídios.

A variação de médias nos teores de cinza, proteína, carboidratos, fibras e lipídios são variáveis nas espécies vegetais, tais como as leguminosas, são relatadas a fatores como variedade botânica e adaptabilidade genotípica as condições de cultivo (OLUWATOSIN, 1998). Nenhum genótipo apresentou maiores médias para todas as variáveis. Entretanto, o G9, um genótipo estudado como biofortificado, apresentou maior média para energia e a segunda maior média para teor de cinzas, proteínas e carboidratos, apresentando-se como um potencial no que se refere ao melhoramento de plantas para qualidade, dentre os genótipos estudados, pois o feijão é uma das principais fontes de carboidratos, proteínas e energia aos consumidores (MESQUITA et al., 2006).

Os genótipos crioulos apresentaram importância destacada para o incremento dos caracteres bromatológicos cinzas, proteínas e fibras. A ocorrência de altos teores de proteínas em grãos de genótipos crioulos (G15, G17, G18 e G20) pode ser um indicativo de melhor aproveitamento do nitrogênio disponível que é armazenado durante o desenvolvimento da semente como aminoácidos livres antes do armazenamento na forma de proteína (COELHO et al., 2009). Esta relação discutida estabeleceu-se devido ao fato de que os genótipos G15, G16, G17, G18 e G20 obtiveram valores médios de nitrogênio superiores à média geral. Outro aspecto a ser considerado é o fato de que os genótipos crioulos de feijão estão

adaptados às condições ambientais e socioeconômicas dos agricultores, neste caso de uso de baixa tecnologia, e podem apresentar elevados teores de carboidratos e energia, contribuindo para a alimentação humana, principalmente para as famílias de baixa renda ou ainda sendo indicados para cruzamentos nos programas de melhoramento da cultura, resultado este concordante com Pereira et al., (2011). Além disto, de acordo com Noletto, Cordeiro e Chaves (2004) as pesquisas com a cultura do feijão tem buscado aumentar a qualidade nutricional do feijão elevando os teores de fibras (média de 4,3%) e proteínas (média de 22%), sendo estes teores médios inferiores aos observados em alguns genótipos crioulos. Também pode se destacar, segundo estes autores, que os teores de cinzas (média de 3,6%) e lipídios (média de 1,6%) são inferiores àqueles encontrados nos crioulos.

O cultivar G4 possui alto teor de lipídio comparativamente aos demais cultivares estudados e possui como principal característica o grão com alto padrão comercial e de produção. Estes aspectos estão relacionados diretamente com o teor de lipídio, que é uma fonte de reserva de energia que podem são alocadas para a produção de grãos (SASAKI, 2008).

O teor de fibra encontrados em maior média nos genótipos crioulos (G18 e G20) indicam dois genótipos com potencial para serem exploradas, uma vez que, conforme destaca Sasaki (2008) as fibras compõe parte importante dos teores de carboidratos presentes nas leguminosas. Deste modo, as cultivares crioulas podem ser explorados visando o aumento deste teor nas sementes durante um processo de melhoramento genético. Além disto, Noletto, Cordeiro e Chaves (2004) destacam que o teor de fibras é uma característica que deve ser buscada nos programas de melhoramento por se associar positivamente com os teores nutricionais do feijão.

Pela análise de correlação, verificou-se nas correlações que o teor de lipídios apresenta a capacidade de elevar os teores de Ca e Ener à medida que seu próprio teor aumenta nas sementes. Este resultado está diretamente relacionado a maneira como é dimensionado os teores de lipídios das amostras.

A correlação positiva encontrada entre Ca e Ener indica que, quanto maior o teor de Ca maior será o teor de Ener. No entanto também foi observado que quanto maior o teor de Carboidrato menor o teor de Fibra e vice versa pela correlação negativa. O resultado obtido na correlação entre Ca e Ener é similar ao observado por Sasaki (2008) que afirma que os carboidratos são a principal fonte de energia disponível em alimentos como o feijão. Este mesmo autor associa os teores de

fibra a reserva de carboidratos (SASAKI, 2008). Este resultado indica que, quanto maior o teor de fibras presentes nas sementes, menores foram os teores de energia verificados. O resultado obtido contraria o exposto por Heaton (1973) que afirma que os alimentos ricos em fibras apresentam um teor adequado de energia.

Quanto aos caracteres mineralógicos, que refletem a qualidade nutricional dos grãos, verificou-se que as médias dos genótipos ficaram entre as médias descritas na literatura para nitrogênio (3,19 a 4,48) e fósforo (0,37 a 0,54) de acordo com Jost et al., (2010), abaixo para o teor de cálcio (0,3 a 2,8) segundo Mesquita et al., (2007). As variações quanto aos teores nutricionais nos grãos dos genótipos era esperada, uma vez que o cultivo de sequeiro otimiza esta variação. Estas variações são de natureza ambiental, onde o as condições de cultivo tem efeito direto sobre os genótipos (LEMOS et al, 2004).

Os 20 genótipos avaliados apresentaram pouca variação em relação às dez variáveis mineralógicas, diferindo apenas em quatro e com formação de até no máximo três grupos entre genótipos. Das diferenças observadas entre os genótipos era esperada pois a ocorrência da divergência genética entre os genótipos estudados é fator preponderante para este tipo de resultado (SILVA, 2011). O genótipo crioulo G17, apresentou médias iguais e/ou superiores em relação aos comerciais para N, P e Ca, revelando seu potencial para incremento destas características via melhoramento em genótipos comerciais.

Quanto ao nitrogênio, os genótipos crioulos apresentaram médias superiores à geral (G15, G17 e G18 com 4,46, 4,45 e 4,59, respectivamente) indicam que os mesmos são materiais de interesse para o processo de seleção visando o enriquecimento da alimentação humana, uma vez que o feijão compõe a dieta básica dos brasileiros. No entanto, vale destacar que, mesmo os crioulos com menores médias obtidas com G16, G19 e G20, com 4,25, 3,75 e 4,21, respectivamente ainda foram superiores as menores médias descritas na literatura. Quanto ao teor de fósforo, os genótipos crioulos apresentaram superiores à média (0,65), exceto G16 e G19. No entanto, de modo geral, observa-se que as maiores médias obtidas para o teor de fósforo nas variedades analisadas foram de 0,69 a 0,70 indicando que os mesmos são superiores aos teores médios de fósforo encontrados nos grãos do feijoeiro (BARAMPAMA; SIMARD, 1993; ESTEVES, 2000; MOURA, 1998). Portanto, no que se refere ao teor de fósforo nos grãos, os genótipos crioulos G15, G17, G18 e G20 podem contribuir significativamente quanto a complementação deste nutriente para a alimentação humana.

Em geral os maiores valores de teores de cálcio detectados nos grãos de feijão (0,18 a 0,23) foram menores que os descritos por Mesquita et al., (2007) que investigando a composição química e a digestibilidade proteica de linhagens de feijoeiro verificou em seus trabalhos que os teores de cálcio estão em torno de 0,30.

Da mesma forma os valores médios de Mg detectados foram considerados inferiores aos descritos na literatura que varia de 0,14 a 0,19 (JOST et al., 2010).

Sob a perspectiva da qualidade nutricional dos grãos visando a alimentação humana, as variedades crioulas investigadas, com a exceção de G17 para cálcio, não apresentaram potencial para serem utilizados como genitores em programas de melhoramento para a obtenção de cultivares com maior valor nutricional de cálcio e magnésio.

A ausência de correlação dos teores minerais com a produtividade observada, também foi relatada por Silva (2011). Este fato pode estar associado a um sinergismo mais forte na absorção destes macro e micronutrientes no solo, o que favoreceria a correlação obtida, pois o N favorece a absorção de P, Ca, Mn, Mg e Cu (MALAVOLTA, 1989). Assim, como a cultura do feijoeiro possui em sua marcha de absorção numa tendência maior de absorver N, ela também tenderá a absorver maiores níveis de fósforo. Portanto, embora a informação encontrada não se correlacione diretamente com a produtividade de grãos, ao menos pode sugerir quais genótipos crioulos são mais adequados para um futuro potencial comercial visando a nutrição humana.

Quanto aos caracteres morfoagronômicos, vale destacar que o genótipo comercial G7 e crioulo G19 apresentam ciclo precoce, o que pode contribuir num programa de melhoramento o aperfeiçoamento da característica precocidade de produção.

Quanto aos caracteres bromatológicos as indicações de hibridações promissoras, baseadas nestes caracteres, considerando genótipos dissimilares e com desempenho superior para as características desejáveis, pode-se considerar o genótipo crioulo G17 e o comercial G14 e G4 que se encontram dispersos na figura, em extremidades opostas. Quanto aos caracteres mineralógicos, os mais divergentes indicados para hibridações promissoras, baseados em dissimilaridade e desempenho superior para as características desejáveis, podendo destacar nesse caso, o comercial G13 e G14 e o crioulo G17 que se encontram dispersos na figura, em extremidades opostas. Dentre esses, o G13 é um genótipo semiprecoce, fato este que pode indicar um genótipo com potencial ainda a ser explorado.

7 CONCLUSÕES

A caracterização morfoagronômica, mineralógica, bromatológica e por marcadores moleculares dos genótipos de feijão, são importantes na identificação de genótipos promissores e análise da variabilidade genética entre genótipos, que são informações úteis aos programas de melhoramentos.

Para os caracteres morfoagronômicos, bromatológicos e mineralógicos estudados, verificou-se que os genótipos crioulos apresentaram, de modo geral, médias iguais ou superiores aos genótipos comerciais.

Quanto as hibridações promissoras verificou-se que os crioulos G17 e G19 apresentam caracteres desejáveis como precocidade ou biofortificação.

O genótipo crioulo 19 apresenta resultados de produtividade similar aos genótipos comerciais, indicando que o mesmo apresenta grande potencialidade quanto a esta característica.

Os feijões crioulos estudados apresentam características morfológicas, mineralógicas e moleculares semelhantes ou superiores a alguns genótipos comerciais investigados.

8 REFERÊNCIAS

AGUIAR, R. S; MODA-CIRINO, V.; FARIA, R. T. F.; VIDAL, L. H. I. Avaliação de linhagens promissoras de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) tolerantes ao déficit hídrico. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 29, n. 1, p. 1-14, 2008.

ALCÂNTARA, B. K. **Caracterização da diversidade genética de teca (*Tecnonagrandis*) de diferentes procedências usando marcadores microssatélites**. 2009. 92 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

ALVARES, R. C. **Escurecimento de grãos em feijão: parâmetros genéticos e fenotípicos, associação com tempo de cocção, seleção assistida por marcadores e obtenção de linhagens elite**. 2015. Tese (Doutorado em GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015.

ALZATE-MARIN, A. L.; CERVIGNI, G. D. L.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 333-342, 2005.

AMARAL JÚNIOR, A. T. **Análise multivariada e isoenzimática da divergência genética entre acessos de moranga (*Cucurbita máxima Duchesne*)**. 1994. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Departamentos de Biologia Geral, Fitotecnia e Zootecnia. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

AMORIM, E. P.; RAMOS, N. P.; UNGARO, M. R. G.; KIIHL, T. A. M. Correlações e análise de trilha em girassol. **Bragantia**. n.67, p. 307 - 316, 2008.

ANDRADE, M. T. et al. Paternity test for IAPAR 139 cultivar of common bean. **Annual Reporto of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v.56, p. 161-162, 2013.

ARRIEL, N. H. C.; MAURO, A. O. D.; MAURO, S. M. Z. D.; BAKKE, O. A.; UNÊDA TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A. R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, n.41, p. 801 - 809, 2006.

ASSIS, R.L.; ROMEIRO, A.R. Agroecologia e agricultura familiar na região centro-sul do estado do Paraná. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, Brasília, v.43, n.1, p.155-177. 2005.

ASSUNÇÃO FILHO, J. R.; MEDEIROS, A. M.; SILVA, K. J. D.; ROCHA, M. de M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. de A. **Dissimilaridade genética entre acessos de feijão-caupi, sub-classe verde, por meio de análises multivariadas**. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2., 2008, Brasília. Anais...Brasília: CENARGEN, 2008

BADIANE, F.A.; GOWDA, B.A.; CISSÉ, N.; DIOUF, D.; SADIO, O.; TIMKO, M.P. Genetic relationship of cowpea (*Vigna unguiculata*) varieties from Senegal based on SSR markers. **Genetics and Molecular Research**, v.11, n.1, p.292-304, 2012.

BARAMPAMA, Z.; SIMARD, R. E. Nutrient composition, protein quality and antinutritional factors of some varieties of dry beans (*Phaseolus vulgaris*) grown in Burundi. **Food Chemistry**, Oxford, v. 47, n. 2, p. 159-167, Mar. 1993.

BARBIERI R. L.; LEITE, D. N.; CHOER, E.; SINIGAGLIA, C. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**, v. 35, n. 02, p. 303-308, 2005.

BEEB, S. E.; RAO, M. I.; BLAIR, M. W.; ACOSTA-GALLEGOS, J. A. Phenotyping common beans for adaptation to drought. **Frontiers in Physiology**, v. 4, p. 1-20, 2013.

BERTINI, C. H. C. de M.; TEÓFILO, E. M.; DIAS, F. T. C. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco ativo de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 40, n. 1, p. 99-105, 2009.

BESPALHOK, J. C. et al. **Introdução de plantas**. Curitiba: UFPR, 2013. 25p.

BEZERRA, A. A. de C. **Variabilidade e diversidade genética em caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) precoce, de crescimento determinado e porte ereto e semi ereto**. 105 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 1997.

BITOCCHI, E. et al. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. **PNAS**, Washington, v. 109, n. 14, p. 788-796, 2012.

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

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores moleculares**. 2. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa; Brasília, DF: Embrapa Café, 2009.

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

BURATTO, J. S. **Teores de minerais e proteínas em grãos de feijão e estimativas de parâmetros genéticos**. 2012. 147 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2012.

CABRAL, P. D. S. et al. Genetic diversity in local and commercial dry bean (*Phaseolus vulgaris*) accessions based on microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 10, n. 1, p. 140-149, 2011.

CAETANO-ANOLLÉS, G.; BASSAM, B.J.; GRESSHOFF, P.M. DNA amplification finger printing: a strategy for genome analysis. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 9, p. 292-305, 1991

CARDOSO, P. C. B. et al. Discrimination of common beans cultivar using multiplexed microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 1, p. 1964-1978, 2014.

CARDOSO, P. C. B. et al. Molecular characterization of high performance inbred lines of Brazilian common beans. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 4, p. 5467-5484, 2013.

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**, Brasília, v. 45, n. 3, p. 236-243. 2010.

CARNEIRO, J. C. S.; MINIM, V. P. R.; SOUZA JUNIOR, M. M.; CARNEIRO, J. E. S.; ARAÚJO, G. A. A. Perfil sensorial e aceitabilidade de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v. 25, n. 1, p. 18-24, 2005.

CARNEIRO, P. T.; PARRÉ, J. P. Importância do setor varejista na comercialização de feijão no Paraná. **Revista de Economia e Agronegócio**. 3: 277 - 298, 2005.

CARVALHO, A.C.P.P.; LEAL, N.R.; RODRIGUES, R.; COSTA, F.A. Capacidade de combinação para oito caracteres agronômicos em cultivares rasteiras de feijão-vagem. **Horticultura Brasileira**, v.17, p.102-105, 2003.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; MOURA, R. R.; ITO, M. F.; COLOMBO, C. A. **Co-evolução entre raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* e feijoeiro**. Bragantia, Campinas, v. 65, n. 3, p. 381-388, 2006.

CHIRADIA, A. C. N.; GOMES, J. C. **Feijão: química, nutrição e tecnologia**. Viçosa, 1997.

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

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

COELHO, C. M. M.; ZÍLIO, M. PIAZZOLI, D.; FARIAS, F. L.; SOUZA, C. A. de; BORTOLUZZI, R. L. da C. Influência das características morfológicas e físicas dos grãos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) na sua capacidade de hidratação e cocção. **Revista Brasileira de Biociências**, Porto Alegre, v. 5, p. 105-107, 2007.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos - Safra 2016/17**. Brasília: Conab, 2017.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, Viçosa, v.59, n.2, p.206-212, mar./abr. 2012.

COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; ZIMMERMANN, F. J. P. Comparação da eficiência de métodos de seleção em gerações segregantes de feijoeiro comum considerando a resistência à antracnose e o rendimento. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.26, n.2, p.244-251, jan./jun. 2002.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J., CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, v.1, 480p, 2004.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa, MG: UFV, 2011. 620 p.

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

DAMIANI, C.B. **Avaliação de cultivares crioulas de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) resistentes ao caruncho (*Acanthosceli desobtectus* Say)**. Dissertação de Mestrado, Lages p. 15, 2011.

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

ESTEVES, A. M. **Comparação química e enzimática de seis linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2000. 55 p. Dissertação (Mestrado em Ciência dos Alimentos) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2000.

ESTOPA, R.A. **Diversidade genética em populações naturais de Candeia (*Eremanthus erythropappus*)**. Mac Leish. 2003. 43p. Monografia (Graduação em engenharia florestal) – Departamento de Ciências florestais, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2003.

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético- moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: EMBRAPA, 2007.

FERNANDEZ, F.; BROUDER, S.; VOLENEC, J.; BEYROUTY, C.; HOYUM, R. Root and shoot growth, seed composition, and yield components of no-till rainfed soybean under variable potassium. **Plant Soil, Amsterdam**, v. 322, n. 1-2, p. 125-138, 2009.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3 ed. Brasília: EMBRAPA, 1998, 220 p.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO). **Phaseolus bean**: Operações pós-colheita. 2017. Disponível em: <<http://www.fao.org/corp/statistics/en/>> Acesso em: 24 ago. 2017.

GEIL, P.B.; ANDERSON, J.W. Nutrition and health implications of dry beans: a review. **Journal of the American College of Nutrition**, 13, 549–558, 1994.

GOMES, F. A.; LIMA, M. O.; MATTAR, E. P. L ; FERREIRA, J. B. ; VALE, M. A. D. Aspectos nutritivos de feijões crioulos cultivados no vale do Juruá, Acre. **Enciclopédia biosfera**, v. 08, p. 85-96, 2012.

GRAHAM, P. H.; RANALLI, P. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Field Crops Research**, v. 53, p. 131-146, 1997

GUIMARÃES, W. N. R.; MARTINS, L. S. S.; SILVA, E. F.; FERRAZ, G. M. G.; OLIVEIRA, F. J. Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 11, n. 1, p. 37- 45, jan./fev. 2007.

HANAI, E. M. **Desenvolvimento de marcadores SSR-EST e construção de mapas genéticos em feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2008. 164 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

HEATON, K.W. Food fibre as an obstacle to energy intake. **Lancet**, v. 2, p. 1418-21, 1973.

JAUER, A.; DUTRA, L. M. C. D.; ZABOT, L.; UNRY, D.; LUDWIG, M. P.; FARIAS, J. R.; GARCIA, D. C.; LÚCIO, A. D.; FILHO, O. A. L.; PORTO, M. D. de M. Efeitos da população de plantas e de tratamento fitossanitário no rendimento de grãos do feijoeiro comum, Cultivar “TPS Nobre. **Ciência Rural**, v. 36, p. 1374-1379, 2006.

JOST, E.; RIBEIRO, N. D.; CERUTILL, S. M. M.; ROSA, D. P. Efeitos gênicos do teor de cálcio em grãos de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 1, p. 31-37, jan. /fev. 2009.

KAPLAN, L.; Arqueology and domestication in American *Phaseolus* (beans). **Economic Botany**, v.19, p.358, 1965.

KAPPES, C.; ARF, O.; FERREIRA, J. P.; PORTUGAL, J. R.; ALCALDE, A. M.; ARF, M. V.; VILELA, R. G. QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES E CRESCIMENTO DE PLÂNTULAS DE FEIJOEIRO, EM FUNÇÃO DE APLICAÇÕES DE PARAQUAT EM PRÉ-COLHEITA. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 42, n. 1, p. 9-18, jan./mar. 2012.

LOARCE, Y.; GALLEGOS, R.; FERRER, E. A comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivar using RFLP and RAPD markers. **Euphytica, Wageningen**, v. 88, n. 2, p. 107-115, 1996.

MACHADO, C. de F.; NUNES, G. H. de S.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. dos. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**. 32: 251 - 258, 2002.

MAITI, R. *Phaseolus* Spp. Bean Science. New Delhi: **Oxford & IBH PublishingCo.** Pvt. Ltd., 1997, 534 p.

MARSCHNER, H. Relations hip between mineral nutrition and plant disease and pests. In: Marschner, H. **Mineral nutrition of higher plants**. 7^a ed. London. Academic Press. 1995. p. 369-390.

MATA, T. L. da. **Diversidade genética em germoplasma de arroz filipino identificada por marcadores moleculares e caracteres agromorfológicos**. 2010. 99p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queirós”, Piracicaba, 2010.

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, Â. C. A. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. **Ciência Rural**, Santa Maria v. 39, n. 2, p. 348-354, 2009.

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

MEDEIROS, A. M.; SILVA, K. J. D.; ASSUNÇÃO FILHO, J. R.; ROCHA, M. de M.; FREIRE FILHO, F. R. **Estimativa da divergência genética entre genótipos de feijão caupi a partir de análises multivariadas**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, n. 54, 2008, Salvador. Resumos... Salvador: SBG, 2008. p.192.

MESQUITA; F. R.; CORRÊA, A. D.; ABREU, C. M. P.; LIMA, R. A. Z.; ABREU, A. F. B. Linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.): composição química e digestibilidade proteica. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p. 1114-1121, jul. /ago. 2007.

MICHELS, A. F.; SOUZA, C. A. de; COELHO, C. M. M.; ZILIO, M. Qualidade fisiológica de sementes de feijão crioulo produzidas no oeste e planalto catarinense. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 45, n. 3, p. 620-632, 2014.

MOOSE, S. P.; MUMM, R. H. Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement. **Plant Physiology**, Palo Alto, v. 147, n. 1, p. 969-977, 2008.

MOURA, A. C. de C. **Análises físico-químicos e enzimáticas antes e após armazenamento em grãos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) submetidos a diferentes tempos e tipos de secagem**. 1998. 70 p. Dissertação (Mestrado em Ciência dos Alimentos) Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1998.

NOLETO, F.; CORDEIRO, R.; CHAVES, R. **Arroz e feijão**. São Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2009.

OLIVEIRA F. J. de; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. dos. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n .5, p. 71- 82, 2003.

OLUWATOSIN, O. B. Genetic and environmental variability in starch, fatty acids and mineral nutrients composition in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp). **Journal of the Science of Food and Agriculture**, London, v. 78, n. 1, p. 1-11, 1998.

PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; CRUZ, P. J.; ROCHA, M. de M.; CRUZ, E. A. de O.; ROCHA, M. A. C. da.; BAHIA, H. F.; SALDANHA, R. B. **Divergência genética em feijão-caupi**. *Bragantia*, v. 66, n. 4, p. 579-586, 2007.

PEIXOTO, N. Interação genótipos x ambiente e divergência genética em feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). UNESP, Jaboticabal-SP. p.67, 2001. (PEIXOTO, N., CARDOSO, A. I. I. Feijão-vagem. In: NASCIMENTO, W.M. **Hortaliças Leguminosas**. Brasília-DF: Embrapa,2016. v. 1, cap. 2, p. 61-86.

PEREIRA, A. V.; VENCOSKY, R.; CRUZ, C. D. Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihotes culenta* Crantz) germoplasm. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 1, p. 115-124, 1992.

PEREIRA, T.; COELHO, C. M. M.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F.; MIQUELLUTI, D. J. Diversity in common bean landraces from South Brazil. **Acta Botanica Croatica**, v. 68, p.79–92, 2009.

PIANA, C. F. B.; ANTUNES, I. F.; SILVA, J. G. C.; SILVEIRA, E. P. Adaptabilidade e estabilidade do rendimento de grãos de genótipos de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 4, p. 553-564, abr. 1999.

PIMENTEL GOMES, F. Curso de estatística experimental. 13 ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468 p.

RADY, M. M. Effect of 24-epibrassinolide on growth, yield, antioxidant system and cadmium content of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) plants under salinity and cadmium stress. *Scientia Horticulturae*, v. 129, n. 2, p. 232-237, 2011.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. Experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras: UFLA, 2000.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 2012.

RAMÍREZ-CÁRDENAS, L.; LEONEL A.J.; COSTA, N. M. B. Efeito do processamento doméstico sobre o teor de nutrientes e de fatores antinutricionais de diferentes cultivares de feijão comum. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, 28, 200-213, 2008

RAPOSO, F. V. et al. Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.10, p.1991-1997, 1991.

REIS, J.N.P. Desempenho comercial da agricultura brasileira: os casos do feijão e do milho. **Informações Econômicas**, São Paulo, v.36, n.2, p.20-28. 2006

RIBEIRO-COSTA, C. S.; ALMEIDA, L. M. Bruchinae (Coleoptera: Chrysomelidae). In: PANIZZU, A. R.; PARRA, J. R. P. **Bioecologia e nutrição de insetos**. Brasília, DF: Embrapa, 2009.

RIBEIRO-COSTA, C. S.; PEREIRA, P. R. V. da S.; ZUKOVSKI, L. Desenvolvimento de *Zabrotessubfasciatus* (Boh.) (Coleoptera: Chrysomelidae, Bruchinae) em genótipos de *Phaseolus vulgaris* L. (Fabaceae) cultivados no estado do Paraná e contendo arcelina. **Neotropical Entomology**, v. 36, p.560-564, 2007.

RIOS, S. A.; ALVES, K. R.; COSTA, N. M. B.; MARTINO, H. D. Biofortificação: culturas enriquecidas com micronutrientes pelo melhoramento genético. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 56, n. 6, p. 713-718, 2009.

RODRIGUES, E. V.; SILVA, B. B.; SILVA, K. J. D.; ROCHA, M. de M.; FREIRE FILHO, F. R. **Divergência genético-morfológica entre acessos de feijão-caupi de porte semi-ereto e ereto**. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2., 2008, Brasília. Anais...Brasília: CENARGEN, 2008. p.191.

RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 9, p. 1275- 1284, set. 2002.

ROSALES, M. A.; OCAMPO, E.; RODRÍGUEZ-VALENTÍN, R.; OLVERA-CARRILLO, Y.; ACOSTA-GALLEGOS, J.; COVARRUBIAS, A. A. Physiological analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars uncovers characteristics related to terminal drought resistance. **Plant physiology and biochemistry**, v. 56, p. 24–34, 2012.

SALVADOR, C. A. **Feijão** - Análise da Conjuntura Agropecuária. Brasília: Secretaria de Estado da Agricultura e do Abastecimento, 2012.

SANTALLA, M.; SEVILLANO, M. C. M.; MONTEAGUDO, A. B.; RON, A. M. Genetic diversity of Argentine an common bean and its evolution during domestication. **Euphytica**, v. 135, n. 1, p. 75-87, 2004.

SASAKI, M. **Lipídios, carboidratos e proteínas de sementes de leguminosas do Cerrado**. Dissertação (Mestrado em Botânica) - Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2008.

SATHE, S.K.; DESHPANDE, MS S.; SALUNKHE, D. K. Dry beans of *Phaseolus*: a review. I – Chemical composition: proteins. **CRC Critical Reviews in Food Science na Nutrition**, Boca Raton. V. 20, p. 1-46, 1984.

SCHUSTER, I. et al. Determinação da pureza varietal de sementes de soja com o auxílio de marcadores moleculares microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 3, p. 247-253, 2004.

SHIMADA, M. M.; ARF, O.; SÁ, M. E. COMPONENTES DO RENDIMENTO E DESENVOLVIMENTO DO FEIJOEIRO DE PORTE ERETO SOB DIFERENTES DENSIDADES POPULACIONAIS. **Bragantia**, Campinas, n. 59, v.2, 181-187, 2000.

SHIRASAWA, K.; OYAMA, M.; HIRAKAWA, H.; SATO, S.; TABATA, S.; FUJIOKA, T.; KIMIZUKA-TAKAGI, C.; SASAMOTO, S.; WATANABE, A.; KATO, M.; KISHIDA, Y.; KOHARA, M.; TAKAHASHI, C.; TSURUOKA, H.; WADA, T.; SAKAI, T.; ISOBE, S. An EST-SSR Link age Map of *Raphanus sativus* and Comparative Genomics of the Brassicaceae. **DNA Research**, v.18, p.221–232, 2011.
doi:10.1093/dnares/dsr013

SILVA CABRAL, P. D., BASTOS SOARES, T. C., BARCELOS DE PASSOS LIMA, A., SOUZA ALVES, D. D., ARCANJO NUNES, J. Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. **Revista Ciência Agronômica**, n.42, v.4, 2011.

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

SILVA, C. A. **Potencial de linhagens de feijão com relação aos teores de proteína e minerais nas sementes**. Tese (doutorado em Ciências dos Alimentos) – Universidade Federal de Lavras. Lavras: UFLA, 2011. 95 p. : il., 2011.

SILVA, J. S. de. **Marcação do alelo de resistência do feijão comum à mancha angular por meio de microssatélites e RAPD**. 2003. 40 p. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético de Plantas). Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2003.

SILVA, M. M., DE SOUZA, H. R. T., DE SOUZA, D. A. M. S., DOS SANTOS, L. M., SILVA, R. F., AMARO, H. T. R. Qualidade fisiológica e armazenamento de sementes de feijão-comum produzidas no norte de Minas Gerais. **Revista Agroambiente On-line**, n.8, v.1, p.97-103, 2014.

SIMON, M.V.; BENKOISEPPON, A.M.; RESENDE, L.V.; WINTER, P.; KAHL, G. Genetic diversity and phylogenetic relationships in *Vigna Savi* germplasm revealed by DNA amplification fingerprinting (DAF), **Genome**, v.50, p.538547, 2007.

SOUZA, C. A.; FIGUEIREDO, B. P.; COELHO, C. M.; CASA, R. T.; SANGO, L. ARQUITETURA DE PLANTAS E PRODUTIVIDADE DA SOJA DECORRENTE DO USO DE REDUTORES DE CRESCIMENTO. *Biosci. J.*, Uberlândia, v. 29, n. 3, p. 634-643, May/June 2013.

SOUZA, D. A. de. **Efeito da seleção recorrente para resistência à mancha angular na reação ao mofo branco e em alelos SSR de progênies de feijão**, 2012. 95 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Universidade Federal de Lavras, Lavras , 2012.

TEIXEIRA, J. C. **Nutrição de ruminantes**. Lavras: ESAL, 1992.

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

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE CAMPINAS – UNICAMP. Tabela brasileira de composição de alimentos – TACO. 4. ed. Campinas: UNICAMP/NEPA, 2014.

VARSHNEY, R. K.; GRANER, A.; SORRELLS, M. E. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. **Trends Biotechnology**, v. 23, n. 1, p. 48-55, 2005. Review.]

Viana AP, Pereira TNS, Pereira MG, Souza MM, Maldonado JFM and Amaral Júnior AT (2006). Genetic diversity in yellow passion fruit populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 6, p. 87-94.

VILHORDO, B. W.; MIKUSINSKI, O. M. F.; BURIN, M. E.; GANDOLFI, V. H. Morfologia. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; OSTE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. de O. **Cultura do feijoeiro no Brasil**. Piracicaba: POTATOS, 1996. p.71-99.

ZANE, L.; BARGELLONI, L.; PATARNELLO, T. Strategies for microsatellite isolation: a review. **Molecular Ecology**, Oxford, v.11, p.1–16, 2002.

APÊNDICE A – GRÃOS DE CULTIVARES DE FEIJÃO COMERCIAL E CRIOULO DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO



APÊNDICE B - ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E TESTE T, ENTRE 6 DESCRITORES BROMATOLÓGICOS

Tabela 6. Estimativas de correlações fenotípicas e teste t, entre 6 descritores bromatológicos avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum. Alegre-ES, 2015 ⁽¹⁾.

	Cin	Ptn	Li	Ca	Fi	Ener	Prod
Cin	1.000	0.155	-0.106	-0.062	-0.086	-0.029	0.150
Ptn		1.000	-0.290	-0.192	-0.255	0.140	-0.282
Li			1.000	0.492*	-0.471*	0.645**	-0.047
Ca				1.000	-0.879**	0.891**	-0.310
Fi					1.000	-0.971**	0.373
Ener						1.000	-0.367
Prod							1.000

¹⁾Cin= cinzas; Ptn= proteína; Li= lipídio; Ca = carboidrato; Fi= fibras; Ener= energia. ⁽²⁾ PRO= produtividade.* e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

APÊNDICE C – ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E TESTE T, ENTRE 10 DESCRITORES MINERAIS AVALIADOS

Tabela 16 -Estimativas de correlações fenotípicas e teste t, entre 10 descritores minerais avaliados em 20 genótipos de feijoeiro comum. Alegre-ES, 2015 ⁽¹⁾.

	N	P	K	Ca	Mg	S	Zn	Fe	Mn	Cu	Prod
N	1	0,486*	0,107	-0,271	0,281	0,382	0,205	-0,199	0,041	0,397	-0,199
P		1	0,374	-0,271	0,309	0,325	0,201	-0,151	0,078	0,057	0,191
K			1	-0,188	-0,05	-0,178	0,099	-0,167	0,142	-0,119	0,086
Ca				1	0,311	0,063	-0,118	0,049	0,501*	-0,034	-0,264
Mg					1	-0,175	0,426	0,123	0,107	0,549*	-0,07
S						1	-0,205	0,017	0,439	-0,381	-0,144
Zn							1	0,01	-0,08	0,353	0,075
Fe								1	0,309	0,106	0,086
Mn									1	0,042	-0,045
Cu										1	-0,022
Prod											1

⁽¹⁾N= nitrogênio; P= fósforo; K= potássio; Ca = cálcio; Mg= magnésio; S= enxofre; Zn= zinco; Fe= ferro; Mn= manganês; Cu= cobre; Prod= produtividade.* e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.