

UFRRJ
INSTITUTO DE AGRONOMIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA
ORGÂNICA

DISSERTAÇÃO

Divergência Genética e Avaliação Agronômica de
Genótipos de Feijoeiro-comum Sob Adubação Verde

Marta Assis de Araújo

2026



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE AGRONOMIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA ORGÂNICA**

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA E AVALIAÇÃO AGRONÔMICA
DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO-COMUM SOB ADUBAÇÃO
VERDE**

MARTA ASSIS DE ARAÚJO

Sob a Orientação da Professora
Bruna Rafaela da Silva Menezes

e Co-orientação da Professora
Marilene Hilma dos Santos

Dissertação submetida como requisito
parcial para obtenção do grau de
Mestra em Agricultura Orgânica, no
Curso de Pós-Graduação em
Agricultura Orgânica.

Seropédica, RJ
Fevereiro, 2026

Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Biblioteca Central / Seção de Processamento Técnico

Ficha catalográfica elaborada
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

658d Araújo, Marta Asisis de, 1973-
Divergência genética e avaliação agronômica de
genótipos de feijoeiro-comum sob adubação verde. /
Marta Asisis de Araújo. - Rio de Janeiro, 2026.
65 f.: il.

Orientadora: Bruna Rafaela da Silva Menezes.
Coorientadora: Marilene Hilma dos Santos.
Dissertação(Mestrado). -- Universidade Federal
Rural do Rio de Janeiro, Programa de Pós Graduação em
Agricultura Orgânica., 2026.

1. Phaseolus vulgaris L.. 2. Marcadores
moleculares SCoT. 3. Cultivo orgânico. I. Menezes,
Bruna Rafaela da Silva , 1985-, orient. II. Santos,
Marilene Hilma dos , 1985-, coorient. III
Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.
Programa de Pós Graduação em Agricultura Orgânica.. IV.
Título.

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA ORGÂNICA

MARTA ASSIS DE ARAÚJO

Dissertação submetida como requisito parcial para a obtenção do grau de Mestre, no Programa de Pós-Graduação em Agricultura Orgânica, área de concentração em Agricultura Orgânica.

DISSERTAÇÃO APROVADA EM 24/02/2026

Documento assinado digitalmente
 **BRUNA RAFAELA DA SILVA MENEZES**
Data: 13/05/2026 08:57:37-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^a Dr^a Bruna Rafaela da Silva Menezes
Orientadora – UFRRJ

Documento assinado digitalmente
 **TATIANA DE OLIVEIRA PINTO**
Data: 13/05/2026 11:46:01-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^a Dr^a Tatiana de Oliveira Pinto
Membro Interno – UFRRJ

Documento assinado digitalmente
 **MARIA LORRAINE FONSECA OLIVEIRA**
Data: 18/05/2026 17:02:04-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^a Dr^a Maria Lorraine Fonseca Oliveira
Membro Externo – IFES

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, *in memoriam*, cuja lembrança
permanece como força e inspiração
em cada conquista.

AGRADECIMENTOS

Agradeço profundamente à minha orientadora, Prof^a Dr^a Bruna Rafaela da Silva, e à minha coorientadora, Prof^a Dr^a Marilene Hilma dos Santos, pela dedicação, paciência e valiosas contribuições durante todo o desenvolvimento desta pesquisa. Sua orientação foi essencial para a construção deste trabalho e para meu crescimento acadêmico.

À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, instituição pública que me acolheu e proporcionou as condições necessárias para a realização deste trabalho.

Aos professores e colegas do Programa de Pós-Graduação em Agricultura Orgânica e do Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal, pelas discussões enriquecedoras e pelo apoio constante.

À minha família, pelo incentivo e compreensão, e aos amigos, pela amizade e palavras de encorajamento nos momentos mais difíceis.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para a concretização deste trabalho, deixo minha sincera gratidão.

RESUMO

ARAÚJO, Marta Assis de. **Divergência genética e avaliação agronômica de genótipos de feijoeiro-comum sob adubação verde**. 2026. Dissertação (Mestrado em Agricultura Orgânica). Instituto de Agronomia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2026.

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das fabáceas mais cultivadas no Brasil, desempenhando papel estratégico na segurança alimentar e nutricional, na agricultura familiar e na sustentabilidade dos sistemas produtivos. Este trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética e o desempenho agronômico de genótipos de feijão em sistema de cultivo orgânico, com ênfase na adubação verde. Para isso, foram conduzidos dois experimentos complementares. O Experimento I foi realizado em casa de vegetação no Departamento de Entomologia e Fitopatologia do Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde (ICBS), da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, com a finalidade de estimar a divergência genética entre 32 genótipos, utilizando descritores morfológicos e marcadores moleculares do tipo *Start Codon Targeted* (SCoT). As características fenotípicas foram avaliadas conforme o protocolo do *International Plant Genetic Resources Institute*, abrangendo atributos como cor, forma e tamanho. Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA), com agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott ($P < 0,05$). As distâncias genéticas foram calculadas pelos algoritmos de Gower (dados morfológicos) e Sokal (dados moleculares), com agrupamentos realizados pelos métodos de Tocher e UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). O Experimento II foi conduzido na Fazendinha Agroecológica, no *campus* da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, em Seropédica, RJ, visando analisar o desempenho agronômico dos genótipos de feijão-comum ‘Constanza’, ‘Anjo’ e ‘Carioca’, previamente selecionados no Experimento I por apresentarem melhores médias de componentes de produção e hábito de crescimento. Os tratamentos envolveram dois tipos de adubação verde, *Crotalaria juncea* L. e *Gliricidia sepium* (Jacq.) Steud., além de um controle sem adubação. O delineamento experimental foi fatorial (3×3), e o plantio do feijão foi realizado em abril de 2025. As médias foram comparadas pelo teste de Tukey ($P < 0,05$). Em relação às características morfológicas houve diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott. Utilizando a distância genética obtida pelo algoritmo de Gower, houve a formação de cinco grupos divergentes pelo Método de Otimização de Tocher e seis grupos pelo Método UPGMA. Foi observada a porcentagem de polimorfismo de 84,27% utilizando 10 primers do tipo SCoT. O maior valor de média geral para a característica produtividade foi observado sob adubação com gliricídia, com destaque para o genótipo ‘Carioca’ com $1629,83 \text{ kg.ha}^{-1}$, enquanto o ‘Constanza’ e o ‘Anjo’ não se diferiram entre si e valor foi $341,00$ e $312,25 \text{ kg.ha}^{-1}$, respectivamente. A abordagem busca integrar conhecimentos genéticos, agronômicos e ecológicos, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares adaptadas às características edafoclimáticas da região e para o fortalecimento da agricultura sustentável.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Marcadores morfológicos e moleculares. *Start Codon Targeted* (SCoT). *Gliricidia sepium*, *Crotalaria juncea* L. Cultivo orgânico.

ABSTRACT

ARAÚJO, Marta Assis de. **Genetic divergence and agronomic evaluation of common bean genotypes under green manure.** 2026. Dissertation (Master's in Organic Agriculture). Institute of Agronomy, Federal Rural University of Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2026.

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is one of the most widely cultivated legumes in Brazil, playing a strategic role in food and nutritional security, family farming, and the sustainability of production systems. This study aimed to evaluate the genetic divergence and agronomic performance of bean genotypes under organic cultivation, with emphasis on green manuring. Two complementary experiments were conducted. Experiment I was carried out in a greenhouse at the Department of Entomology and Plant Pathology, Institute of Biological and Health Sciences (ICBS), Federal Rural University of Rio de Janeiro, to estimate genetic divergence among 32 genotypes using morphological descriptors and Start Codon Targeted (SCoT) molecular markers. Phenotypic traits were assessed according to the International Plant Genetic Resources Institute protocol, covering attributes such as color, shape, and size. Data were subjected to analysis of variance (ANOVA), with mean grouping by the Scott-Knott test ($P < 0.05$). Genetic distances were calculated using the Gower algorithm (morphological data) and the Sokal algorithm (molecular data), with clustering performed by Tocher's optimization method and the UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). Experiment II was conducted at the Agroecological Farm, Federal Rural University of Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, to analyze the agronomic performance of the bean genotypes 'Constanza', 'Anjo', and 'Carioca', previously selected in Experiment I for their superior production components and growth habit. Treatments involved two types of green manuring, *Crotalaria juncea* L. and *Gliricidia sepium* (Jacq.) Steud., plus a control without green manure. The experimental design was factorial (3×3), and bean planting was carried out in April 2025. Means were compared using Tukey's test ($P < 0.05$). Significant differences at 5% probability were observed for morphological traits by the Scott-Knott test. Using genetic distance obtained by the Gower algorithm, five divergent groups were formed by Tocher's method and six groups by UPGMA. A polymorphism percentage of 84.27% was observed using 10 SCoT primers. The highest overall mean for yield was obtained under gliricidia green manuring, with the 'Carioca' genotype standing out at $1629.83 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$, while 'Constanza' and 'Anjo' did not differ significantly, with yields of 341.00 and $312.25 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$, respectively. This approach integrates genetic, agronomic, and ecological knowledge, contributing to the development of cultivars adapted to the edaphoclimatic conditions of the region and to the strengthening of sustainable agriculture.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L. Morphological and molecular markers. Start Codon Targeted (SCoT). *Gliricidia sepium*. *Crotalaria juncea* L. Organic cultivation.

LISTA DE ABREVIACÕES E SÍMBOLOS

A1, A2, A3	tipos de adubação;
ANOVA	análise de variância;
ALT	altura da planta (cm);
°C	grau celsius
C1, C2, C3	genótipos de feijão- comum
CAV	comprimento do ápice da vagem (mm)
CE	cor do estandarte
CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento;
COV	cor da vagem;
CUV	curvatura da vagem;
CV	comprimento da vagem (mm);
CVMF	cor da vagem à maturação fisiológica;
CS	comprimento da semente (mm)
DC	diâmetro do caule (mm)
DNA	ácido desoxirribonucleico;
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
EDTA	ácido etilenodiamino tetracético;
FS	forma da semente;
g	grama
ha	hectare
hab	habitante
HC	hábito de crescimento;
ICBS	Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde;
INMET	Instituto Nacional de Meteorologia
IPGRI	International plant genetic resources institute;
Kg	kilograma
LS	largura da semente (mm)
LV	largura da vagem (mm);
NDF	número de dias até a floração;
NLV	número de lóculos por vagem;
NSV	número de sementes por vagens;
NVP	número de vagens por planta;
OAV	orientação do ápice da vagem;
PAV	posição do ápice da vagem;
PCR	reação em cadeia da polimerase;
PROD	produtividade (g);
PS	peso da semente (g);
RAPD	random amplified polymorphic dna;
SCoT	Start Codon Targeted
SISVAR	sistema de análise de variância
TBE	solução tampão (tris, borato, edta);
UFRRJ	Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro;
UPGMA	método de grupo de pares não ponderados usando médias aritméticas.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Código, nome comum e origem dos trinta e dois genótipos de feijoeiro-comum (Seropédica, RJ, 2024).	9
Tabela 2: Lista dos iniciadores SCoT utilizados em trinta e dois genótipos de feijoeiro comum	15
Tabela 3: Análise de solo da área experimental	16
Tabela 4: Médias de cinco características morfológicas avaliadas em 32 genótipos de feijoeiro- comum (Seropédica, 2024)	20
Tabela 5: Médias de quatro características avaliadas em trinta e dois genótipos de feijoeiro- comum (Seropédica, 2024).	22
Tabela 6: Características qualitativas avaliadas em 32 genótipos de feijão-comum (Seropédica, 2024).	24
Tabela 7: Características qualitativas avaliadas em 32 genótipos de feijão-comum (Seropédica, 2024).	28
Tabela 8: Distâncias genéticas entre 32 genótipos de feijoeiro-comum obtidas por meio do Algoritmo de Gower.	31
Tabela 9: Agrupamento dos 32 genótipos de feijão- comum obtido pelo método de Otimização de Tocher.	34
Tabela 10: Número de bandas amplificadas e porcentagem de polimorfismo obtidos entre trinta e dois genótipos de feijoeiro comum a partir da amplificação de 10 primers SCoT (<i>Start Codon Targeted</i>).	38
Tabela 11: Distâncias genéticas entre 32 genótipos de feijoeiro-comum obtidas pela Distância genética Binária de Sokal.	40
Tabela 12: Agrupamento dos 32 genótipos de feijão-comum obtido pelo método de Otimização de Tocher, baseado em caracteres moleculares.	41
Tabela 13: Resumo da análise de variância de sete características avaliadas em três genótipos de feijoeiro-comum em dois tipos de adubação verde e controle.	44
Tabela 14: Teste de média entre os diferentes genótipos em diferentes tipos de adubação verde em feijoeiro-comum.	45

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1:** Imagem dos grãos de dezesseis genótipos de feijoeiro-comum de 1 a 16. (Seropédica, RJ,2024). **Fonte:** Autoral, 2024. 12
- Figura 2:** Imagem dos grãos de dezesseis genótipos de feijoeiro-comum de 17 a 32. (Seropédica, RJ,2024). **Fonte:** Autoral, 2024. 13
- Figura 3:** Cor do estandarte: lilás (A, B); branco (C); Roxo (D, E, F). Cor da vagem: verde (G); Roxo escuro (H); verde raiado de vermelho (I); rosa escuro (J e L). **Fonte:** Autoral, 2024. 14
- Figura 4:** Dados de precipitação (mm), temperaturas mínima, média e máxima obtidas da Estação Meteorológica Ecologia Agrícola. Seropédica, RJ (INMET, Instituto Nacional de Meteorologia). 2025. 16
- Figura 5:** Gliricídia do banco de fabáceas da Fazendinha Agroecológica. **Fonte:** Autoral, 2025. 17
- Figura 6:** Crotalaria em desenvolvimento para posterior porte e utilização como adubo verde. **Fonte:** Autoral,2024. 17
- Figura 7:** Área experimental. **Fonte:** Autoral, 2024. 18
- Figura 8:** Distâncias médias intra e intergrupos estimados pelo método de Otimização de Tocher. 1- Vagem alessa; 2- Constanza; 3- Carioca; 4- Preto Fazendinha; 5- Anjo; 6- Iraí; 7- Bola; 8- Vagem Novirex; 9- Vermelho; 10- Rajado; 11- Preto; 12- Vermelho Escuro; 13- Vermelho 2; 14- Mulato; 15- Carioca Variado; 16- Vermelho 3; 17- Carioca rosa; 18- Feijão jalo; 19- Feijão manteiga; 20- Sangerê toro, 21- Esplendido; 22- Rajado roxo; 23- Bolinha crioulo; 24- Rosinha crioulo; 25- Jalo crioulo; 26- Manteigão; 27- Vermelho 4; 28- Carioca 2; 29- Carioca 3; 30- Branco; 31- Miúdo; 32- Marrom. 33
- Figura 9:** Método de agrupamento UPGMA- dissimilaridade entre genótipos. Definido ponto de corte, critério de Mojena (1977). 1- Vagem alessa; 2- Constanza; 3- Carioca; 4- Preto Fazendinha; 5- Anjo; 6- Iraí; 7- Bola; 8- Vagem Novirex; 9- Vermelho; 10- Rajado; 11- Preto; 12- Vermelho Escuro; 13- Vermelho 2; 14- Mulato; 15- Carioca Variado; 16- Vermelho 3; 17- Carioca rosa; 18- Feijão jalo; 19- Feijão manteiga; 20- Sangerê toro, 21- Esplendido; 22- Rajado roxo; 23- Bolinha crioulo; 24- Rosinha crioulo; 25- Jalo crioulo; 26- Manteigão; 27- Vermelho 4; 28- Carioca 2; 29- Carioca 3; 30- Branco; 31- Miúdo; 32- Marrom. 36
- Figura 10:** Perfis de bandas com marcador SCoT 13 para acessos de feijão- comum. 38
- Figura 11:** Método de agrupamento UPGMA- dissimilaridade entre genótipos. Definido ponto de corte, critério de Mojena (1977). 1- Vagem alessa; 2- Constanza; 3- Carioca; 4- Preto Fazendinha; 5- Anjo; 6- Iraí; 7- Bola; 8- Vagem Novirex; 9- Vermelho; 10- Rajado; 11- Preto; 12- Vermelho Escuro; 13- Vermelho 2; 14- Mulato; 15- Carioca Variado; 16- Vermelho 3; 17- Carioca rosa; 18- Feijão jalo; 19- Feijão manteiga; 20- Sangerê toro, 21- Esplendido; 22- Rajado roxo; 23- Bolinha crioulo; 24- Rosinha crioulo; 25- Jalo crioulo; 26- Manteigão; 27- Vermelho 4; 28- Carioca 2; 29- Carioca 3; 30- Branco; 31- Miúdo; 32- Marrom. 43

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
2.1. Objetivo geral.....	3
2.2. Objetivos específicos	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1. Centro de origem e diversidade da espécie	4
3.2. A importância da cultura do feijoeiro.....	5
3.3. Divergência genética por meio de marcadores morfológicos e moleculares do tipo SCoT.....	5
3.4. Melhoramento genético e o sistema de cultivo orgânico	6
3.5. Manejo orgânico e adubação verde em feijoeiro- comum	7
3.6. Espécies crotalaria e gliricídia utilizadas como adubos verdes.....	8
4. MATERIAL E MÉTODOS	9
4.1. Experimentos	9
4.1.1. Experimento I	10
4.1.1.1. Características morfológicas	10
4.1.1.1.1. Delineamento experimental	14
4.1.1.2. Análise via marcadores moleculares	14
4.1.1.2.1. Extração de DNA	14
4.1.1.2.2. Amplificação do DNA e análise por eletroforese	15
4.1.1.3. Análises estatísticas da divergência genética	15
4.1.2. Experimento II	16
4.1.2.1. Condições edafoclimáticas	16
4.1.2.2. Plantio e condução experimental	16
4.1.2.3. Delineamento experimental e análises estatísticas	18
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	19
5.1. Comparação de descritores quantitativos e qualitativos.....	19
5.2. Avaliação da divergência genética via marcadores	30

morfológicos.	
5.3. Avaliação da divergência genética via marcadores moleculares.....	37
5.4. Avaliação de genótipos em dois tipos de adubação verde	44
6. CONCLUSÕES.....	47
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	48

1. INTRODUÇÃO

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das fabáceas mais relevantes para a alimentação humana, especialmente no Brasil, onde compõe a base da dieta e contribui de forma significativa para a segurança nutricional e alimentar. Além de ser fonte expressiva de proteínas, fornece carboidratos, fibras e minerais essenciais, desempenhando papel fundamental na saúde da população. O consumo médio per capita é de 12,7 kg/hab/ano, variando conforme a região e a preferência por tipos de grãos (EMBRAPA, 2023a). Essa diversidade varietal reflete a ampla variabilidade genética da espécie, que garante adaptação a diferentes ambientes, estabilidade produtiva e manutenção da qualidade nutricional, consolidando o feijão como alimento de importância cultural e socioeconômica (OLIVEIRA et al. 2023).

A espécie apresenta ampla diversidade genética, com origem em dois centros principais de domesticação, Mesoamérica e Andes e significativa variabilidade morfológica e agrônômica entre os genótipos cultivados. Essa diversidade constitui base essencial para programas de melhoramento genético, permitindo a seleção de cultivares mais produtivas, resistentes a doenças e adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras (BORÉM 2005).

O avanço da agricultura orgânica tem ampliado a demanda por cultivares adaptadas a sistemas sustentáveis, que excluem insumos sintéticos e valorizam práticas como a adubação verde. (ROSSET e ALTIERI, 2022). Fabáceas como *Crotalaria juncea* L. e *Gliciridia sepium* (Jacq.) Steud. destacam-se por melhorar a fertilidade do solo, controlar nematoides e estimular a microbiota benéfica, em alinhamento com princípios agroecológicos

A adubação verde aumenta a matéria orgânica, reduz a dependência de insumos químicos e favorece a ciclagem de nutrientes (ABRANCHES, 2021; BEVILAQUA, 2021; MIRANDA et al., 2024). A crotalaria se sobressai pela alta produção de biomassa e supressão de nematoides (PEREIRA et al., 2005), enquanto a gliricídia contribui com biomassa contínua por meio de podas regulares (ARAÚJO et al., 2024; FREITAS et al., 2020). Essas espécies fortalecem o manejo sustentável, reduzem custos e aumentam a eficiência agrícola (LIMA FILHO et al., 2023).

As análises multivariadas têm se mostrado fundamentais na avaliação da divergência genética do feijoeiro-comum, permitindo identificar padrões de variação entre genótipos e subsidiar estratégias de conservação e uso da diversidade (HERIQUE et al. 2020). A caracterização da diversidade por meio dessas análises é essencial para a formação e manutenção de bancos de germoplasma, garantindo a preservação da variabilidade genética e ampliando as possibilidades de utilização em programas de melhoramento (LEITE et al. 2019).

A aplicação eficiente dessa diversidade depende da integração de dados fenotípicos e agronômicos, que orientam cruzamentos direcionados e aumentam a probabilidade de obtenção de genótipos superiores, com maior estabilidade produtiva e qualidade nutricional. Nesse contexto, o melhoramento participativo tem ganhado relevância ao envolver agricultores familiares na seleção e validação de cultivares, promovendo maior adaptação às condições locais e fortalecendo a agricultura sustentável. Essa abordagem contribui para democratizar o acesso às tecnologias de melhoramento e valorizar o conhecimento tradicional, ampliando o impacto social e econômico da cultura do feijão (LIMA et al. 2025).

Complementando a avaliação fenotípica tradicional e acelerando o desenvolvimento de cultivares adaptadas e resistentes, os marcadores moleculares constituem ferramentas essenciais para o avanço da genética vegetal, pois permitem identificar regiões específicas do genoma associadas a características de interesse agrônômico (NAIR e PANDEY, 2024). Técnicas como SSR (*Simple Sequence Repeat*) também chamados microssatélites, SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) e

marcadores baseados em PCR (*Polymerase Chain Reaction*) têm sido amplamente utilizadas em estudos de diversidade genética, mapeamento de genes e seleção assistida (COLLARD e MACKILL, 2009; RAI, 2023; YEKEN et al. 2022). Esses recursos ampliam a eficiência dos programas de melhoramento, fornecendo dados precisos sobre a variabilidade genética e as relações evolutivas entre diferentes genótipos (SILVEIRA et al. 2019).

Apesar dos avanços no melhoramento genético do feijoeiro-comum e da crescente adoção de práticas agroecológicas, ainda são escassas as informações sobre o desempenho agrônomo e a diversidade genética de genótipos de *P. vulgaris* em sistemas de cultivo associados à adubação verde, especialmente com espécies como *C. juncea* e *G. sepium*. Essa lacuna limita a seleção de materiais mais responsivos e adaptados a sistemas sustentáveis, dificultando a integração entre variabilidade genética, práticas de manejo e demandas da agricultura orgânica. Assim, torna-se necessário investigar como diferentes genótipos se comportam sob essas condições, de modo a orientar estratégias de melhoramento e ampliar a base genética disponível para cultivares adaptadas a sistemas sustentáveis.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

A partir de análises de divergência genética utilizando marcadores morfológicos e moleculares em trinta e dois genótipos de feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), este estudo tem como objetivo identificar genótipos promissores e submetê-los a diferentes condições de adubação verde com *Crotalaria juncea* L. e *Gliricidia. Sepium* (Jacq Steud). visando à avaliação da eficiência produtiva em ambiente de campo sob manejo orgânico.

2.2. Objetivos específicos

- i Caracterizar morfolologicamente os 32 genótipos de feijoeiro-comum, com base nos descritores definidos pelo *International Plant Genetic Resources Institute* (IPGRI);
- ii Estimar a divergência genética entre os genótipos por meio de marcadores moleculares do tipo amplificador de DNA, utilizando o primer SCoT (*Start Codon Targeted*);
- iii Selecionar genótipos com elevado potencial agrônômico e adaptativo, para utilização em sistemas de cultivo orgânico;
- iv Relacionar os dados obtidos por meio dos marcadores morfológicos e moleculares com as características agrônômicas dos genótipos avaliados;
- v Avaliar a eficiência da adubação verde sobre o desempenho produtivo dos genótipos selecionados, considerando parâmetros como número de vagens por planta, número de sementes por vagem, peso de 100 sementes e produtividade total;
- vi Identificar os genótipos mais responsivos às práticas de adubação verde, por meio de análise integrada dos dados morfológicos, moleculares e agrônômicos, contribuindo para o avanço dos programas de melhoramento genético voltados à agricultura orgânica da região.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Centro de origem e diversidade da espécie

A domesticação do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) teve origem em dois centros principais localizados no continente americano: o Centro Mesoamericano e o Centro Andino. Evidências obtidas por meio de estudos genéticos demonstram que essas regiões foram responsáveis pelo surgimento de linhagens distintas da espécie, refletindo uma expressiva diversidade genética entre os grupos populacionais cultivados em cada área. A domesticação ocorreu em dois pools genéticos independentes: Mesoamérica e Andes (VAVILOV, 1931, citado por DEBOUCK, 1991; GEPTS; DEBOUCK, 1991).

Segundo Borém et al. (2021), a origem americana do *P. vulgaris* é inequívoca, sendo a América Central considerada o principal centro de origem. Formas silvestres da espécie ainda são encontradas nas Américas e são reconhecidas como ancestrais das variedades cultivadas atuais. No Brasil, ambas as origens estão presentes, com predominância da mesoamericana. Estima-se que quatro em cada cinco variedades cultivadas no país sejam de origem mesoamericana.

O Brasil é considerado um dos centros de diversidade secundário do feijão, abrigando diversas variedades tradicionais (BURLE et al 2010). Vale ressaltar que há uma relação entre o tamanho dos grãos e a origem genética dos feijões, grãos pequenos estão associados ao mesoamericano, enquanto os de grãos maiores pertencem ao grupo andino (BORÉM et al., 2005).

O feijão-comum apresenta ampla variabilidade genética, refletida na diversidade de cultivares desenvolvidas por instituições de pesquisa como a EMBRAPA (2023b) e universidades brasileiras. Essas cultivares são adaptadas às distintas condições edafoclimáticas do território nacional, visando otimizar o desempenho agrônomo e a estabilidade produtiva (CÔELHO, 2021). De forma geral, classificam-se em três principais grupos comerciais, com base na coloração e padrão dos grãos: carioca, preto e os denominados tipos especiais. Os tipos carioca e preto predominam no mercado formal, enquanto os especiais são comercializados em feiras populares e circuitos alternativos (DIDONET; ALCÂNTARA, 2021).

Nesse sentido, o reconhecimento e a utilização das variedades locais de feijão desempenham papel estratégico na conservação dos recursos genéticos, contribuindo para a ampliação e renovação dos bancos de germoplasma. Além disso, essa prática se mostra fundamental para mitigar a erosão genética das cultivares, assegurando a manutenção da variabilidade necessária ao desenvolvimento sustentável da cultura.

O feijoeiro pertence à família Fabaceae, ordem Fabales e gênero *Phaseolus* L. Trata-se de uma planta autógama, cujas flores abrigam os órgãos reprodutivos masculinos e femininos, favorecendo a autofecundação (BORÉM, 2005). A espécie apresenta ampla variabilidade morfológica, refletida na coloração, forma e tamanho dos grãos, bem como nas características das flores e vagens (RODRIGUES, 2023).

A cor do tegumento dos grãos pode variar entre tons uniformes e padrões com estrias, pontuações ou manchas, com aspecto brilhante, opaco ou intermediário. Essa diversidade é utilizada para classificação comercial em tipos como carioca, preto, mulatinho, roxo, entre outros (EMBRAPA, 2023c).

As flores do feijoeiro apresentam variações de cor, brancas, rosadas ou violáceas e as vagens podem ser retas, arqueadas ou recurvadas, com hábito de crescimento determinado ou

indeterminado. Essa diversidade morfológica é relevante para a seleção de cultivares adaptadas a diferentes ambientes e sistemas de produção (PAULA, 2023).

3. 2. A importância da cultura do feijoeiro comum

O *P. vulgaris*, conhecido como feijoeiro-comum, é uma das fabáceas de maior expressão na agricultura mundial, destacando-se por sua ampla adaptabilidade, valor nutricional e importância socioeconômica. No Brasil, essa cultura é cultivada em todas as regiões, por agricultores que operam desde sistemas altamente tecnificados até práticas tradicionais de agricultura familiar (SILVA, 2022).

Sua composição nutricional é notável, sendo rica em proteínas de origem vegetal, fibras alimentares, ferro, zinco, potássio e vitaminas do complexo B. Por essas características, e valor de mercado acessível o feijão constitui um alimento básico na dieta de milhões de pessoas, especialmente em países da América Latina, África e Ásia, onde desempenha papel estratégico na segurança alimentar e nutricional. (SANTOS, 2020).

A produção mundial de feijão-comum é estimada em cerca de 12 milhões de toneladas anuais, destinadas ao consumo de aproximadamente 400 milhões de pessoas. A América Latina concentra grande parte dessa produção, com o Brasil ocupando posição de destaque como terceiro maior produtor global e principal consumidor da fabácea (CONAB, 2025). Segundo dados da Companhia Nacional de Abastecimento, em 2025 o Brasil produziu 3.073,4 mil toneladas de feijão, com produtividade média de 1.139 kg ha⁻¹, em uma área cultivada de 2.697,7 mil hectares.

O cultivo do feijoeiro- comum no Brasil é realizado em três épocas distintas ao longo do ano, o que permite uma oferta contínua do produto no mercado interno. A primeira safra, conhecida como safra das águas, tem sua semeadura entre os meses de agosto e dezembro. A segunda safra, ou safra da seca, ocorre entre janeiro e abril. Já a terceira safra, denominada de inverno ou terceira época, é semeada entre maio e julho (CONAB, 2024).

Apesar da ampla adaptabilidade da cultura a diferentes tipos de solo, condições climáticas e sistemas de produção, a produtividade média nacional ainda apresenta restrições. Entre os principais entraves estão o desempenho limitado dos genótipos em condições de campo, a variabilidade climática e as práticas de manejo empregadas (SILVA, 2022). Soma-se a esses fatores a predominância da colheita manual, realizada por arranquio ou com auxílio de pequenas máquinas, geralmente na fase de maturação fisiológica, momento em que ocorre a alteração da coloração das vagens e os grãos atingem sua tonalidade definitiva.

Para garantir a qualidade comercial e nutricional dos grãos durante o armazenamento, é necessário manter condições adequadas de temperatura e umidade, preservando a viabilidade fisiológica e o valor nutricional por até um ano (DIDONET; ALCÂNTARA, 2021).

3.3. Divergência genética por meio de marcadores morfológicos e moleculares do tipo SCoT.

A análise da divergência genética entre genótipos constitui etapa essencial nos programas de melhoramento de plantas, uma vez que possibilita a identificação de variabilidade útil para a seleção de cultivares superiores. Essa caracterização pode ser realizada por meio de marcadores morfológicos e moleculares, que diferem quanto ao nível de precisão, aplicabilidade e sensibilidade às condições ambientais (DIAS et al., 2015).

A utilização eficiente dessa diversidade depende da análise integrada de dados moleculares e fenotípicos. A partir dessas informações, é possível realizar cruzamentos direcionados, aumentando a probabilidade de obtenção de genótipos superiores, com maior estabilidade produtiva e qualidade nutricional.

Os marcadores morfológicos baseiam-se em atributos fenotípicos visíveis e mensuráveis, como coloração, forma, tamanho de grãos e hábito de crescimento. Tais características refletem a interação entre genótipo e ambiente, sendo expressas em diferentes condições de cultivo (BORÉM; MIRANDA, 2009). Entre as principais vantagens dessa abordagem destacam-se a facilidade de observação, o baixo custo operacional e a aplicabilidade em experimentos de campo. Entretanto, a forte influência ambiental sobre os caracteres fenotípicos representa uma limitação significativa, podendo comprometer a precisão da análise genética. Dessa forma, torna-se imprescindível o rigor metodológico na condução dos experimentos, com controle de variáveis ambientais e utilização de delineamentos estatísticos adequados para assegurar confiabilidade nos resultados (DIAS et al., 2015).

Estudos baseados em marcadores moleculares têm possibilitado o agrupamento de genótipos segundo sua similaridade genética, revelando a estrutura populacional e as relações evolutivas entre os acessos (DIAS et al., 2015). Os marcadores moleculares são ferramentas fundamentais na genética vegetal, pois permitem identificar regiões específicas do genoma associadas a características de interesse agrônomo (NAIR; PANDEY, 2024). Essa caracterização é fundamental para a formação de bancos de germoplasma e para a conservação da variabilidade genética. Técnicas como SSR (microssatélites), SNP (polimorfismos de nucleotídeo único), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) e marcadores baseados em PCR têm sido amplamente aplicadas em estudos de diversidade genética, mapeamento de genes e seleção assistida (COLLARD; MACKILL, 2009; RAI, 2023; YEKEN et al., 2022).

A incorporação desses marcadores aos programas de melhoramento promove avanços significativos na obtenção de cultivares adaptadas às condições ambientais e às demandas do mercado. No contexto da seleção assistida por DNA, destacam-se pela capacidade de identificar alelos associados a características agrônomicas relevantes (BORÉM; MIRANDA, 2009). Essa abordagem acelera o desenvolvimento de novas linhagens, otimiza a escolha de genitores, reduz custos com ensaios de campo e contribui para a conservação da variabilidade genética por meio da formação de bancos de germoplasma e da identificação de genótipos promissores (SILVA et al., 2019). Esses recursos aumentam a eficiência dos programas de melhoramento, fornecendo dados precisos sobre variabilidade genética e relações evolutivas entre genótipos (SILVEIRA et al., 2019).

Entre os diferentes tipos de marcadores, os SCoT (*Start Codon Targeted*) têm se destacado pela simplicidade metodológica, elevada reprodutibilidade e por não exigirem conhecimento prévio do genoma. Baseados em regiões conservadas próximas ao códon de iniciação da tradução, permitem amplificar sequências codificantes e detectar variações com relevância funcional, sendo especialmente úteis em germoplasmas diversos, como os de *Phaseolus vulgaris*. A utilização dos primers SCoT favorece a integração de dados moleculares e fenotípicos, fornecendo informações estratégicas para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, resistentes e adaptadas a diferentes condições ambientais, reforçando o papel da diversidade genética como base para a sustentabilidade agrícola (RAI, 2023).

3.4. Melhoramento genético e o sistema de cultivo orgânico

A seleção de genótipos adaptados ao cultivo orgânico é essencial para garantir que essas variedades tenham desempenho competitivo frente às cultivares convencionais. Esse aspecto é particularmente relevante para pequenos produtores, que encontram no sistema orgânico uma alternativa viável e economicamente sustentável (BELTRAME et al., 2020). A integração entre práticas como o uso de adubos verdes e o melhoramento genético favorece a

identificação de materiais que respondem positivamente a essas condições, resultando em ganhos de produtividade aliados à sustentabilidade.

Apesar dos avanços, o melhoramento genético voltado ao sistema orgânico ainda enfrenta desafios significativos. Entre eles destacam-se a escassez de sementes certificadas, a limitada oferta de cultivares específicas, a insuficiência de investimentos em pesquisa agroecológica e as barreiras de acesso às tecnologias por parte dos agricultores familiares (LIMA et al., 2025).

O melhoramento genético e o cultivo orgânico compartilham objetivos complementares na busca por uma agricultura eficiente e ambientalmente equilibrada. Enquanto o melhoramento busca desenvolver variedades resistentes a doenças, produtivas e adaptadas a condições adversas, o cultivo orgânico valoriza práticas que respeitam os princípios ecológicos e promovem a saúde do solo. A combinação dessas abordagens permite selecionar genótipos altamente adaptáveis ao sistema orgânico, otimizando a produção sem comprometer os fundamentos da agroecologia. No caso do feijoeiro, por exemplo, os programas de melhoramento têm priorizado o aumento da produtividade e da resistência a pragas e doenças, conciliando atributos agronômicos e comerciais com as preferências regionais quanto ao tipo de grão (SILVA, 2022).

Nesse cenário, o melhoramento de plantas, processo sistemático de alteração da composição genética das espécies vegetais, por meio de técnicas como seleção, cruzamentos controlados e, mais recentemente, biotecnologia e edição gênica para atender às necessidades humanas, animais e ambientais, configura-se como uma estratégia essencial para promover a produtividade de forma sustentável e equilibrada (BORÉM; MIRANDA, 2020).

3.5. Manejo orgânico e adubação verde em feijoeiro comum

A adubação verde consiste no cultivo de espécies vegetais para produção de biomassa e enriquecimento do solo, promovendo fertilidade e estímulo à microbiota benéfica, além de atuar como prática conservacionista ao preservar a estrutura e a biodiversidade (ROSSET; ALTIERI, 2022; LIMA FILHO et al., 2023). Nascimento et al. (2008) demonstraram que o uso de espécies de cobertura em sistemas de plantio direto e convencional favorece a estabilidade de agregados, a infiltração de água e, conseqüentemente, o rendimento do feijoeiro comum. Já a agricultura orgânica caracteriza-se pela exclusão de insumos sintéticos e pela adoção de práticas integradas, como rotação de culturas, compostagem e cobertura vegetal, que visam manter os ciclos naturais e garantir sustentabilidade social, ambiental e econômica (SILVA; LIMA, 2022).

O feijoeiro-comum, cultivado em todas as regiões do Brasil, apresenta elevada exigência em macronutrientes como nitrogênio, fósforo e potássio, fundamentais para crescimento, enraizamento e resistência a estresses. Nesse contexto, a adubação verde reduz a dependência de fertilizantes químicos, melhora a disponibilidade de nutrientes e fortalece a resiliência da cultura frente a pragas e doenças. Espécies como crotalária e gliricídia têm mostrado respostas diferenciadas: a crotalária destaca-se pela alta fixação de nitrogênio e impacto positivo na produtividade do feijão (ARAÚJO, 2024), enquanto a gliricídia fornece biomassa abundante e nutrientes de liberação gradual, favorecendo a conservação da umidade e a atividade microbiana (ARAÚJO et al., 2024).

Assim, a integração entre manejo orgânico e adubação verde não apenas supre as necessidades nutricionais do feijoeiro, mas também fortalece a autonomia dos agricultores e contribui para sistemas produtivos mais sustentáveis. A perspectiva da agricultura orgânica depende da seleção de genótipos adaptados, do fortalecimento de programas de melhoramento participativo e da valorização dos conhecimentos tradicionais, assegurando maior eficiência e resiliência frente às demandas por alimentos saudáveis.

3.6. Espécies crotalária e gliricídia utilizadas como adubos verdes

Espécies da família Fabaceae, como a crotalária (*Crotalaria juncea* L.) e a gliricídia (*Gliricidia sepium* (Jacq.) Steud.), são amplamente utilizadas em sistemas de adubação verde devido à elevada produção de biomassa e à capacidade de fixação biológica de nitrogênio (LIMA FILHO et al., 2023).

A crotalária apresenta parâmetros agronômicos relevantes: densidade de semeadura entre 27 e 35 kg/ha, produção de 40 a 60 t/ha de massa verde e 10 a 15 t/ha de massa seca, com fixação estimada de 300 a 450 kg/ha de nitrogênio. Seu cultivo em rotação ou sucessão ao feijoeiro contribui para a fertilidade do solo, para a melhoria da qualidade das sementes, controle de nematoides além de favorecer a estrutura física do solo e a ciclagem de nutrientes (PEREIRA et al. 2005). Estudos demonstram que cultivares de feijão submetidos à adubação verde com crotalária apresentaram ganhos significativos na produtividade de grãos e na qualidade fisiológica das sementes (ARAÚJO, 2024).

A gliricídia, por sua vez, é uma fabácea arbórea com produção de biomassa variando de 10 a 40 Mg ha⁻¹, utilizada principalmente como cobertura morta. Sua decomposição gradual promove liberação lenta de nutrientes, conservação da umidade e estímulo à microbiota do solo. Além do nitrogênio, fornece cálcio e magnésio, atuando na supressão de plantas espontâneas e na sustentabilidade dos sistemas produtivos (ARAÚJO, 2024; ARAÚJO et al., 2024).

Comparativamente, a crotalária é mais indicada para cultivos anuais e práticas de rotação, com impacto direto na produtividade do feijão, enquanto a gliricídia se destaca em sistemas agroflorestais e perenes, pela capacidade de fornecer biomassa contínua e nutrientes de liberação progressiva.

Estudos como os de Garé et al. (2020) reforçam que a integração de diferentes espécies de adubos verdes potencializa a ciclagem de nutrientes e a sustentabilidade dos sistemas orgânicos, evidenciando que a escolha da espécie deve ser orientada pelos objetivos agronômicos. (fixação de nitrogênio, aporte de biomassa ou cobertura do solo), condições edafoclimáticas, ciclo de desenvolvimento e pela resposta da cultura principal. Aspectos como disponibilidade de sementes e viabilidade econômica também são determinantes para a eficiência do manejo.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Experimentos:

Para avaliar a divergência genética e o desempenho agrônomo de genótipos de feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) foram realizados dois experimentos (Experimento I e Experimento II). Os genótipos avaliados estão listados na Tabela 1.

Tabela 1: Código, nome comum e origem dos trinta e dois genótipos de feijoeiro-comum (Seropédica, RJ, 2024).

Cód.	Nome comum	Origem
1	Vagem alessa	Pesagro, Seropédica, RJ
2	Constanza	Fazendinha Agroecológica, Seropédica, RJ
3	Carioca	Fazendinha Agroecológica, Seropédica, RJ
4	Preto fazendinha	Fazendinha Agroecológica, Seropédica, RJ
5	Anjo	Pesagro, Seropédica, RJ
6	Iraí	Pesagro, Seropédica, RJ
7	Bola	Pesagro, Seropédica, RJ
8	Vagem novirex	Pesagro, Seropédica, RJ
9	Vermelho	Pesagro, Seropédica, RJ
10	Rajado	UFRRJ, Seropédica, RJ
11	Preto	UFRRJ, Seropédica, RJ
12	Vermelho escuro	UFRRJ, Seropédica, RJ
13	Vermelho 2	UFRRJ, Seropédica, RJ
14	Mulato	UFRRJ, Seropédica, RJ
15	Carioca variado	UFRRJ, Seropédica, RJ
16	Vermelho 3	UFRRJ, Seropédica, RJ
17	Carioca rosa	UFRRJ, Seropédica, RJ
18	Feijão jalo	UFRRJ, Seropédica, RJ
19	Feijão manteiga	UFRRJ, Seropédica, RJ
20	Sangerê toro	UFRRJ, Seropédica, RJ
21	Esplêndido	UFRRJ, Seropédica, RJ
22	Rajado roxo	Lençóis Paulista, SP
23	Bolinha crioulo	Lençóis Paulista, SP
24	Rosinha crioulo	Lençóis Paulista, SP
25	Jalo crioulo	Lençóis Paulista, SP
26	Manteigão	UFRRJ, Seropédica, RJ
27	Vermelho 4	UFRRJ, Seropédica, RJ
28	Carioca 2	UFRRJ, Seropédica, RJ
29	Carioca 3	UFRRJ, Seropédica, RJ
30	Branco	UFRRJ, Seropédica, RJ
31	Miúdo	UFRRJ, Seropédica, RJ
32	Marrom	UFRRJ, Seropédica, RJ

4.1.1. Experimento I

O Experimento I foi realizado para estimar a divergência genética entre 32 genótipos de *P. vulgaris* L. por meio de descritores morfológicos estabelecidos pelo IPGRI e pela análise molecular utilizando o marcador SCoT. Ele foi conduzido em casa-de-vegetação no Departamento de Entomologia e Fitopatologia do Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde (ICBS), da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ).

O plantio inicial foi realizado em copos plásticos com capacidade de 250 mL, preenchidos com substrato orgânico. Posteriormente, procedeu-se ao plantio definitivo em vasos de 11 litros, no mês de maio de 2024. Cada vaso recebeu cinco sementes e, após o desbaste, foram mantidas duas plantas por unidade experimental. A irrigação por aspersão assegurou a uniformidade no desenvolvimento das plantas e nas avaliações subsequentes. A análise morfológica teve início imediatamente após o florescimento.

4.1.1.1. Características morfológicas

Os descritores morfológicos avaliados foram de acordo com IPGRI (*International Plant Genetic Resources Institute*, 2001): (Figuras 1, 2 e 3).

- a) Cor do estandarte (CE): observação efetuada em flores recém-abertas, as cores das pétalas são altamente variáveis após a abertura, podendo ser: 1 Branco; 2 Verde; 3 Lilás; 4 Branco com margens lilás; 5 Branco raiado de vermelho; 6 Lilás escuro com margens roxas; 7 Lilás escuro com manchas arroxeadas; 8 Vermelho carmim; 9 Roxo; (Figura 4).
- b) Cor da vagem (COV): observação sobre a vagem imatura, mas completamente desenvolvida, variando entre: 1 Roxo escuro; 2 Vermelho carmim; 3 Verde raiado de roxo; 4 Verde raiado carmim; 5 Verde raiado vermelho claro; 6 Rosa escuro; 7 Verde normal; 8 Verde brilhante; 9 Verde baço a cinzento prateado; 10 Amarelo dourado ou amarelo; 11 Amarelo claro a branco;
- c) Comprimento da vagem (CV): média (cm) medida do comprimento das maiores vagens imaturas, mas completamente desenvolvidas;
- d) Curvatura da vagem (CUV): observada em vagem imatura, mas completamente desenvolvida. Podendo apresentar quatro formas: 3 Direita; 5 Ligeiramente curva; 7 Curva; 9 Duplamente curva;
- e) Cor da vagem à maturação fisiológica (CVMF): 1 Roxo escuro; 2 Vermelho; 3 Rosa; 4 Amarelo; 5 Amarelo claro com manchas ou raiada; 6 Verde persistente;
- f) Lóculos por vagem (NLV): número de lóculos observados na vagem mais longa de 10 plantas normais ao acaso;
- g) Forma da semente (FS): a semente foi retirada da parte média da vagem, podendo ser: 1 Redonda; 2 Oval; 3 Cuboide; 4 Reniforme; 5 Alongada truncada;
- h) Altura da planta (ALT): foi calculado a média(cm), à maturação, medida realizada desde a cicatriz cotiledonar até à extremidade da planta;
- i) Diâmetro do caule (DC): medido (mm), à maturação, em plantas à densidade de cultura;
- j) Largura da vagem (LV): foi feito a média (mm), medida da largura das maiores vagens imaturas, mas completamente desenvolvidas;
- k) Comprimento do ápice da vagem (CAV): medido em milímetros, desde o fim do último lóculo;
- l) Posição do ápice da vagem (PAV): 1 Marginal; 2 Não marginal;

- m) Orientação do ápice da vagem (OAV): o ápice da vagem pode curvar-se: 3 Para cima (no sentido dorsal); 5 Direito; 7 Para baixo (no sentido ventral);
- n) Dimensões da semente x) média, em milímetros, de 10 sementes em cada uma das plantas. X.1. Comprimento (CS): medido paralelamente ao hilo. X.2. Largura (LS);
- o) Hábito de Crescimento (HC) Os genótipos foram classificados em quatro tipos: 1 determinada arbustiva; 2 indeterminada arbustiva, com guia central; 3 indeterminada semi- trepadeira ou prostada, com muitas guias laterais; 4 indeterminada trepadeira.
- p) Tipo de grão (TG): os grãos foram classificados em seis tipos: 1 Carioca, grãos bege com estrias marrons; 2 Marrom; 3 Branco; 4 Branco e vermelho; 5 Vermelho; 6 Rajado, grãos com coloração variada, como branco com manchas marrons, ou preto com manchas brancas etc.; 7 Verde; 8 Preto.
- q) Produção de sementes por planta (PS): foi feita a pesagem, em gramas, de todas as sementes de cada planta.



Figura 1: Imagem dos grãos de dezesseis genótipos de feijoeiro-comum de 1 a 16. (Seropédica, RJ,2024). **Fonte:** Autoral, 2024.

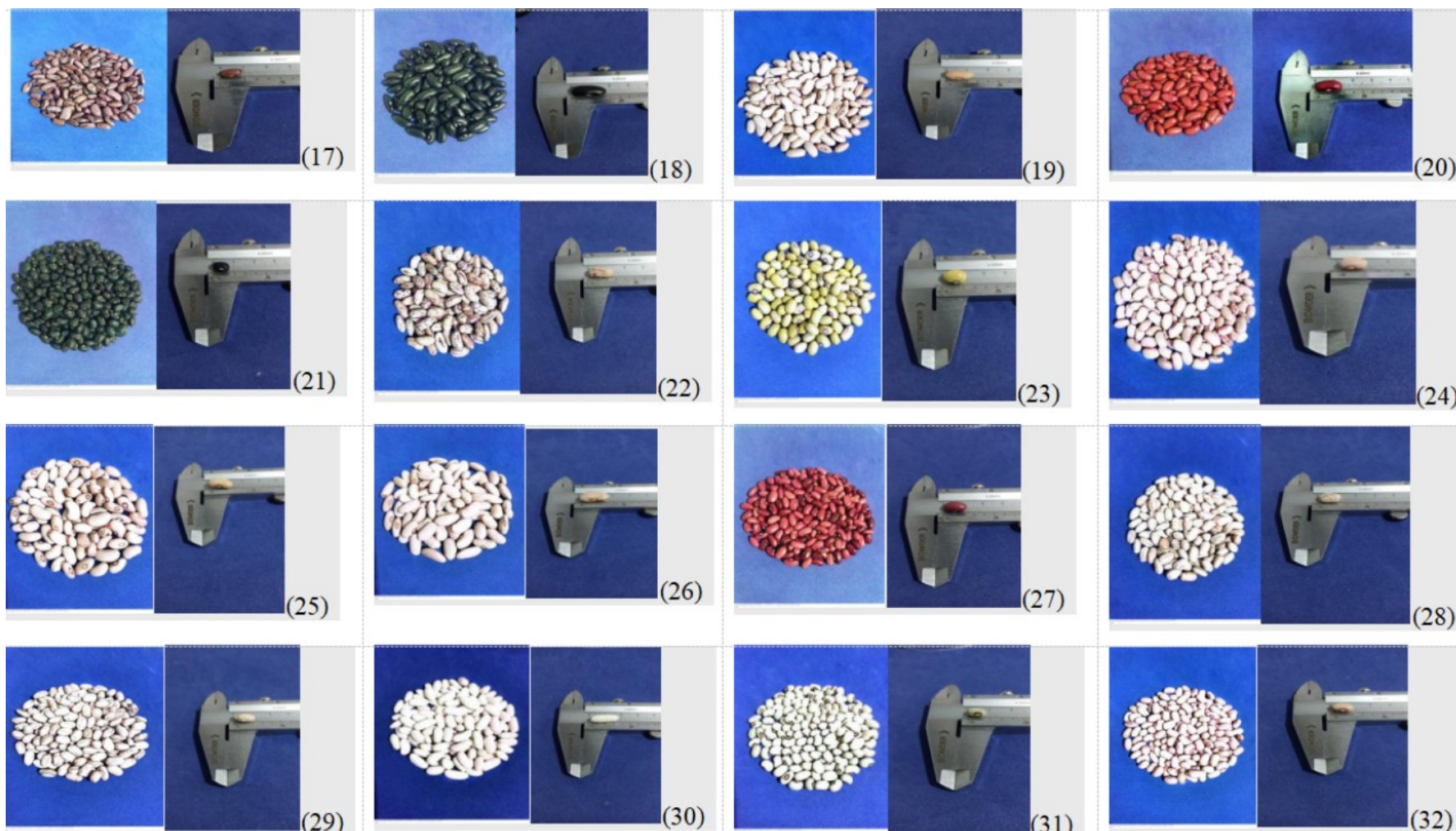


Figura 2: Imagem dos grãos de dezesseis genótipos de feijoeiro-comum de 17 a 32. (Seropédica, RJ,2024). **Fonte:** Autoral, 2024.

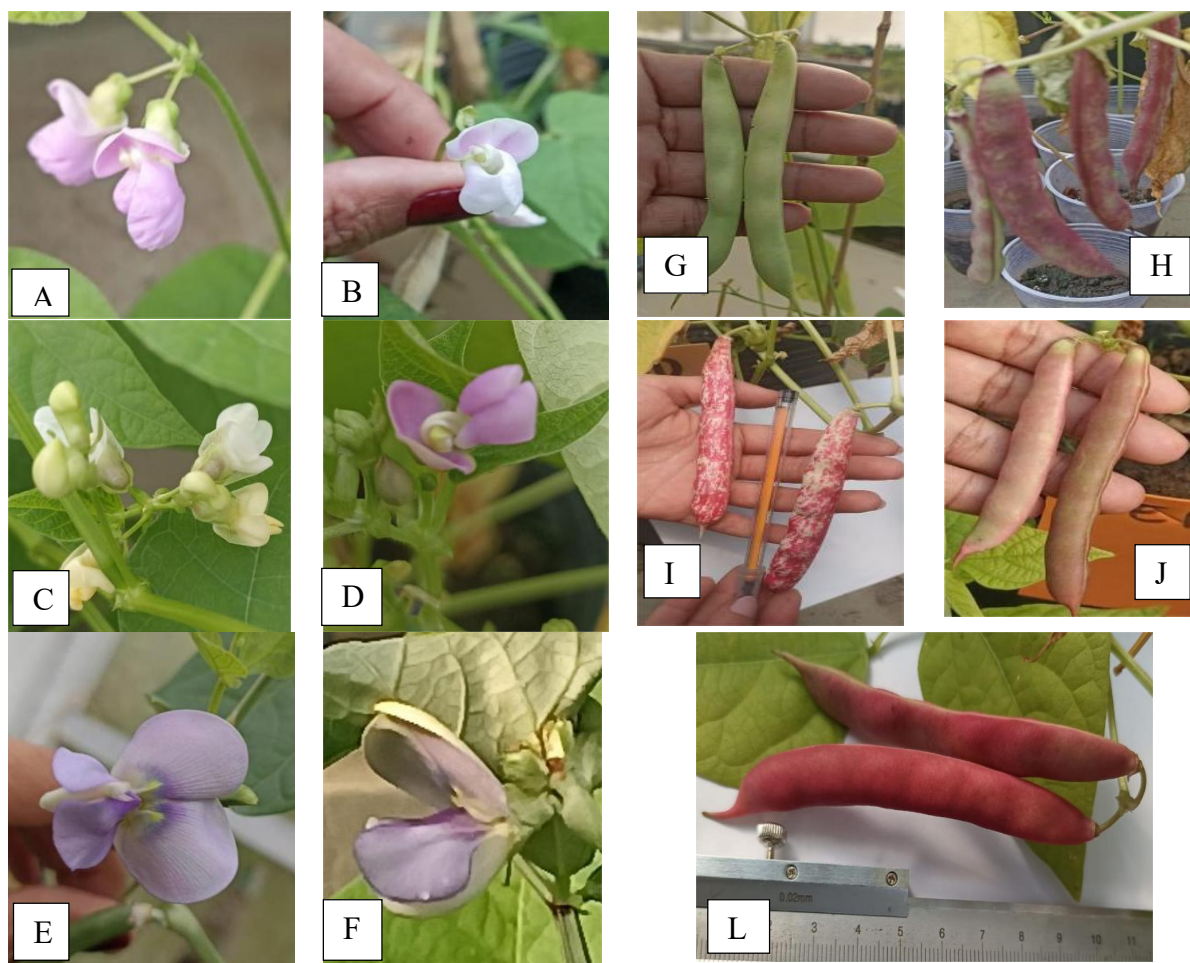


Figura 3: Cor do estandarte: lilás (A, B); branco (C); Roxo (D, E, F). Cor da vagem: verde (G); Roxo escuro (H); verde raiado de vermelho (I); rosa escuro (J e L). **Fonte:** Autoral, 2024.

4.1.1.1.1. Delineamento experimental

O experimento foi estruturado em um delineamento inteiramente casualizado, com três repetições por tratamento. Após a confirmação da homogeneidade das variâncias residuais das variáveis quantitativas, procedeu-se à análise de variância (ANOVA). As médias dos tratamentos foram comparadas utilizando o teste de Scott-Knott, adotando-se um nível de significância de 5%.

4.1.1.2. Análise via marcadores moleculares

4.1.1.2.1. Extração de DNA

As extrações de DNA e análises de PCR foram realizadas no Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal, do Departamento de Genética, do Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.

Em casa-de-vegetação, as sementes de cada genótipo foram semeadas em copos plásticos de 250mL contendo substrato comercial orgânico. Logo após a germinação, foram coletados dois folíolos recém-expandidos de cada genótipo para as análises. As extrações de DNA foram realizadas de acordo com o protocolo modificado de Edwards et al (1991).

Após as extrações, a qualidade do DNA extraído foi verificada em gel de agarose 1,5% e a quantificação foi realizada em espectrofotômetro NanoDrop 1000. Após a

quantificação, as amostras de DNA foram diluídas para a concentração de 10 ng/μL e armazenadas em freezer a -20 °C.

4.1.1.2.2. Amplificação do DNA e análise por eletroforese

A amplificação dos fragmentos de DNA foi realizada por meio da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), conduzida em termociclador modelo Veriti 96 Well Thermal Cycler (Applied Biosystems). As condições da reação foram padronizadas da seguinte forma: desnaturação inicial a 94 °C por 3 minutos, seguida por 40 ciclos de desnaturação a 94 °C por 1 minuto, anelamento (temperatura específica para cada primer) por 1 minuto e extensão a 72 °C por 3 minutos. Após os ciclos, foi realizada uma extensão final a 72 °C por 7 minutos, encerrando com resfriamento a 4 °C.

Os produtos amplificados foram submetidos à separação por eletroforese em gel de agarose a 1,5%, preparado com tampão TBE 1X. O gel foi corado com brometo de etídio e posteriormente fotodocumentado sob luz ultravioleta. As bandas geradas foram avaliadas quanto à intensidade e reprodutibilidade, sendo consideradas para análise aquelas que apresentaram maior nitidez e consistência nos perfis de amplificação.

Os *primers* SCoT baseiam-se em regiões conservadas ao redor do códon de iniciação da tradução (ATG). São dominantes, semelhantes aos RAPD, mas com maior reprodutibilidade. Permitem gerar perfis genéticos sem necessidade de informações prévias sobre o genoma da espécie (Tabela 2).

Tabela 2: Lista dos iniciadores SCoT utilizados em trinta e dois genótipos de feijoeiro comum.

<i>Primer</i>	<i>Sequência (5'-3')</i>
SCoT 1	5'-CAACA <u>AT</u> GGCTACCACCA-3'
SCoT 2	5'-CAACA <u>AT</u> GGCTACCACCC-3'
SCoT 5	5'-CAACA <u>AT</u> GGCTACCACGA-3'
SCoT 7	5'-CAACA <u>AT</u> GGCTACCACGG-3'
SCoT 12	5'-ACGAC <u>AT</u> GGCGACCAACG-3'
SCoT 13	5'-ACGAC <u>AT</u> GGCGACCATCG-3'
SCoT 16	5'-ACC <u>AT</u> GGCTACCACCGAC-3'
SCoT 17	5'-ACC <u>AT</u> GGCTACCACCGAG-3'
SCoT 25	5'-ACC <u>AT</u> GGCTACCACCGGG-3'
SCoT 30	5'-CC <u>AT</u> GGCTACCACCGGCG-3'

Fonte: Adaptada de COLLARD e MACKILL (2009).

4.1.1.3. Análises estatísticas da divergência genética

A análise da divergência genética foi realizada com base em atributos qualitativos e quantitativos, empregando o algoritmo de Gower para o cálculo das distâncias genéticas. Para os dados provenientes de marcadores moleculares, utilizou-se o coeficiente de similaridade de Sokal. Os agrupamentos genéticos foram obtidos por meio dos métodos de Otimização de Tocher e do agrupamento hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*).

Todas as análises estatísticas foram conduzidas com o auxílio do software Genes (CRUZ, 2013).

4.1.2. Experimento II

O Experimento II foi realizado na Fazendinha Agroecológica no *campus* da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), em Seropédica, RJ.

Foram avaliados três genótipos previamente selecionados no Experimento I, com base no desempenho produtivo e hábito de crescimento. Os genótipos foram cultivados sob três condições de adubação verde: crotalária (*Crotalaria juncea* L.), gliricídia (*Gliricidia sepium* (Jacq) Steud. e um tratamento controle (sem adubação verde).

4.1.2.1. Condições edafoclimáticas

O município de Seropédica está situado nas coordenadas 22° 44' 38" de latitude sul e 43° 42' 28" de longitude oeste, a uma altitude de 26 metros acima do nível do mar. O clima da região, segundo a classificação de Köppen, é caracterizado como tropical com estação seca (Aw), apresentando temperatura média anual de 24 °C e precipitação média de 1.260 mm. As temperaturas (°C) mínimas, médias e máximas e precipitação (mm) durante a execução do experimento II estão na Figura 4.

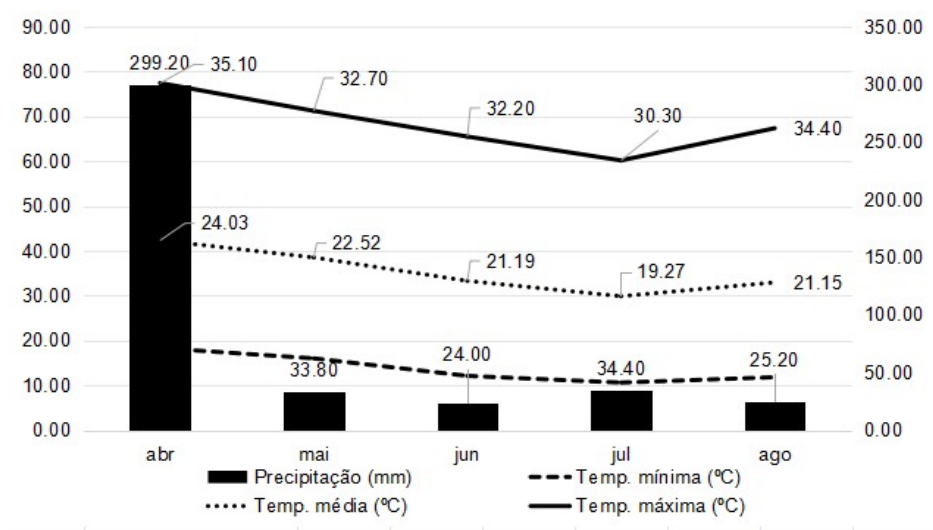


Figura 4: Dados de precipitação (mm), temperaturas mínima, média e máxima obtidas da Estação Meteorológica Ecologia Agrícola. Seropédica, RJ (INMET, Instituto Nacional de Meteorologia). 2025.

4.1.2.2. Plantio e condução experimental

Os resultados da análise de solo coletado de 0 a 20 cm, realizada no Laboratório de Solos do CEPAO/PESAGRO – RIO estão na Tabela 3.

Tabela 3: Análise de solo da área experimental.

Prof.	Textura	pH	M.O.	K	Ca	Mg	Al	H ⁺	Na	SB	P	K
cm	(Expedida)	Em água	g.Kg ⁻¹				cmol _c .dm ⁻³	Al			Mg.dm ⁻³	
0-20	Arenosa	5,72	66,57	0,24	2,04	0,80	0	2,15	0,03	3,11	188	93

(*) Extrator Mehlich; SB – soma de bases trocáveis. Textura arenosa: baixa retenção de água e nutrientes. O pH 5,72 é adequado para feijão, mas pode limitar a disponibilidade de alguns nutrientes. Matéria orgânica (M.O.): moderada, mas pode ser melhorada. Baixos teores de K, Ca e Mg: indicam necessidade de reposição via fontes orgânicas. Ausência de alumínio tóxico (Al = 0): excelente para o desenvolvimento radicular. Fósforo (P = 188 mg/dm³): muito elevado, não requer suplementação. Potássio disponível (K = 93 mg/dm³): moderado, mas pode ser rapidamente lixiviado.

Foram avaliados três genótipos de feijão-comum, Genótipo 2 (Constanza); Genótipo 3 (Carioca); Genótipo 5 (Anjo), em dois tipos de adubação verde (gliricídia e crotalária) (Figuras 5 e 6) e um controle. Foram avaliados nove tratamentos (Fatorial 3 x 3). No controle foram realizadas capinas de acordo com o crescimento de plantas espontâneas.



Figura 5: Gliricídia do banco de fabáceas da Fazendinha Agroecológica. **Fonte:** Autoral, 2025.

Para a avaliação dos genótipos sob diferentes tipos de adubação verde em condições de campo, o plantio da crotalária foi efetuado em dezembro de 2024, enquanto a gliricídia foi obtida já preparada no banco de podas de fabáceas da Fazendinha Agroecológica (Figura 5). A gliricídia foi utilizada a massa seca, 6 kg por parcela. Foi realizada irrigação por aspersão de forma complementar. Em abril de 2025, procedeu-se ao plantio dos genótipos de feijão no campo para avaliação do desempenho agrônômico.

A crotalária para adubação verde foi semeada durante a estação das chuvas, logo após seu desenvolvimento, antes da floração foi incorporada ao solo para a realização do cultivo do feijoeiro-comum. (Figura 6).



Figura 6: Crotalária em desenvolvimento para posterior porte e utilização como adubo verde. **Fonte:** Autoral, 2024.

Foram avaliadas as seguintes características morfológicas e de produção de acordo com os descritores propostos pelo IPGRI (2001) para *P. vulgaris*:

a) Altura da planta (ALT): Média, em centímetros, à maturação, de 5 plantas, medida desde a cicatriz cotiledonar até à extremidade da planta;

b) Largura da vagem (LV): Média, em milímetros, da largura das 10 maiores vagens imaturas, mas completamente desenvolvidas (em torno de 50 a 60 dias após a semeadura); de 10 plantas normais, ao acaso.

c) Comprimento da vagem (CV): Média, em centímetros, do comprimento das 10 maiores vagens imaturas, mas completamente desenvolvidas, de 10 plantas normais, ao acaso.

d) Número de vagens por planta (NVP): Número médio de sementes por vagem, determinado pela contagem de uma vagem de cada uma das 10 plantas avaliadas.

f) Peso da semente (P100): Peso de 100 sementes, em miligramas, até à primeira casa decimal, à unidade de 12-14%.

i) Produtividade (PROD): pesado a massa total da parcela e extrapolada para um hectare.

4.1.2.3. Delineamento experimental e análises estatísticas

O delineamento experimental foi em blocos casualizados, em arranjo fatorial 3×3 , totalizando nove tratamentos, cada um com quatro repetições, resultando em 36 parcelas de 2×2 m (área total de 14×34 m). As parcelas foram compostas por quatro linhas de 2,0 m de comprimento, sendo as avaliações realizadas em duas linhas centrais, considerando 1,0 m útil e desconsiderando 0,5 m nas extremidades. A semeadura foi realizada com densidade de 10 sementes por metro linear, adotando espaçamento de 0,5 m entre linhas, como mostra a Figura 7.

Após a verificação da homogeneidade das variâncias residuais e a realização da análise de variância (ANOVA), as médias dos tratamentos foram comparadas pelo teste de Tukey, ao nível de 5% de probabilidade.



Figura 7: Área experimental. **Fonte:** Autoral, 2024.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Comparação de descritores quantitativos e qualitativos

A avaliação dos caracteres morfológicos revelou ampla variabilidade entre os genótipos analisados, destacando atributos importantes para diferenciação varietal e potencial de valorização comercial (Tabelas 4, 5, 6 e 7). Houve diferenças significativas a 5% de probabilidade entre as médias dos genótipos para todas as características quantitativas avaliadas, confirmando a ampla variabilidade genética existente no feijoeiro.

Em relação ao comprimento da vagem (CV), os genótipos foram classificados em dois grupos. O primeiro grupo foi constituído por todos os genótipos com valores superiores a 13,4 cm, entre os quais se encontram ‘Esplêndido’, ‘Miúdo’, ‘Vagem novirex’, ‘Rosinha crioulo’, ‘Vagem alessa’ e ‘Feijão jalo’, com comprimentos de 18,3; 17,9; 16,6; 16,0; 14,6 e 14,0 cm, respectivamente (Tabela 4). O segundo grupo, por sua vez, reuniu os genótipos de menor comprimento de vagem dentre eles os genótipos ‘Mulato’ e ‘Marrom’, ambos com 8,5 cm.

A largura da vagem (LV) apresentou coeficiente de variação de apenas 6,3%, indicando boa precisão experimental. Para esta característica pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade houve a formação de quatro grupos distintos de genótipos (Tabela 4). O genótipo de maior LV foi o ‘Rajado’, e o genótipo de menor LV foi o ‘Vagem novirex’ com 15,2 e 9,0 mm respectivamente. A formação de grupos distintos para CV e LV confirma que essas variáveis são descritores morfológicos relevantes para a diferenciação entre genótipos (SILVA, 2005).

Em relação ao número de lóculos por vagem (NLV), foi possível identificar a formação de quatro grupos distintos entre os genótipos avaliados. O genótipo ‘Esplêndido’ apresentou desempenho marcadamente superior, com valor acima de 14,7, constituindo um grupo isolado. O genótipo ‘Miúdo’, com 12 lóculos, formou um segundo agrupamento. A maioria dos genótipos, com valores superiores a 5,3, reuniu-se em um terceiro grupo.

O grupo com menor número de lóculos por vagem (NLV) foi composto por 12 genótipos, todos com valores inferiores a 5,3. Pesquisas como a de Ferro Bisneto et al. (2022) têm destacado o NLV como um descritor morfológico relevante para a identificação da divergência genética entre acessos de feijão. Além disso, essa característica apresenta relação direta com o potencial produtivo, uma vez que maior número de lóculos implica em maior quantidade de sementes por vagem e, consequentemente, em maior rendimento por planta.

Na característica altura da planta (ALT) foram identificados quatro grupos. O primeiro incluiu os genótipos com alturas superiores a 150 cm. O segundo reuniu plantas acima de 98 cm. O terceiro grupo foi formado por genótipos com alturas entre 65 e 98 cm. Os genótipos com alturas entre 45 e 65 cm, constituíram o quarto grupo (Tabela 4). Para Leite et al. (2019) a altura das plantas, apresenta relação com rendimento de grãos.

No que diz respeito ao diâmetro do caule (DC), apenas o genótipo ‘Esplêndido’ (G 21) apresentou o maior valor registrado (9,3 mm), destacando-se dos demais. Os outros genótipos, que exibiram diâmetros inferiores a 6,7 mm, foram agrupados em um segundo conjunto (Tabela 4), resultando na formação de dois grupos distintos. Embora porte elevado e caule robusto possam indicar maior potencial produtivo, também acarretam desafios de manejo, sobretudo em sistemas orgânicos, evidenciando a necessidade de práticas agronômicas adequadas, como o tutoramento. Ademais, plântulas mais longas tendem a apresentar melhor estabelecimento, pois absorvem maior quantidade de nutrientes e luz solar, favorecendo o desenvolvimento de plantas vigorosas e menos suscetíveis à competição com espécies espontâneas (COSTA et al., 2024a).

Tabela 4: Médias de cinco características morfológicas avaliadas em 32 genótipos de feijoeiro- comum (Seropédica, 2024).

Genótipo	CV	LV	NLV	ALT	DC
1 Vagem alessa	14,6a	11,7c	5,4c	74,0c	5,2b
2 Constanza	11,4b	12,7c	4,0d	45,2d	6,3b
3 Carioca	9,4b	10,2d	4,7d	86,7c	5,3b
4 Preto fazendinha	9,5b	10,5d	5,7c	81,7c	4,8b
5 Anjo	12,0b	12,5c	3,9d	51,8d	4,5b
6 Iraí	11,8b	11,8c	4,4d	117,5b	5,8b
7 Bola	9,9b	10,5d	4,5d	57,0d	5,2b
8 Vagem Novirex	16,6a	9,0d	5,3c	56,7d	4,5b
9 Vermelho	9,5b	10,1d	5,7c	117,5b	4,3b
10 Rajado	13,0b	15,2a	5,5c	48,3d	5,2b
11 Preto	9,2b	9,4d	4,9d	57,2d	5,2b
12 Vermelho escuro	9,4b	9,9d	4,7d	81,5c	5,2b
13 Vermelho 2	9,4b	10,1d	5,3c	73,6c	5,5b
14 Mulato	8,5b	10,2d	5,3c	110,5b	4,2b
15 Carioca variado	10,1b	10,9d	6,3c	135,2b	5,2b
16 Vermelho 3	8,7b	10,1d	5,9c	87,7c	4,3b
17 Carioca rosa	9,5b	9,5d	6,1c	150,3a	4,8b
18 Feijão jalo	14,0a	13,2b	5,7c	75,0c	5,7b
19 Feijão manteiga	12,0b	11,9c	5,1d	54,7d	5,0b
20 Sangerê toro	11,7b	11,5c	4,9d	118,0b	4,8b
21 Esplendido	18,3a	10,0d	14,8a	172,3a	9,3a
22 Rajado rosa	13,4b	11,2d	5,4c	70,7c	6,0b
23 Bolinha Crioulo	9,7b	11,7c	4,8d	77,2c	5,2b
24 Rosinha Crioulo	16,0a	10,3d	5,8c	104,5b	4,7b
25 Jalo crioulo	11,7b	12,5c	5,0d	108,8b	5,0b
26 Manteigão	12,8b	13,9b	4,2d	65,7c	5,0b
27 Vermelho 4	9,9b	10,3d	6,1c	105,0b	5,2b
28 Carioca 2	11,0b	10,8d	5,7c	98,8b	4,7b
29 Carioca 3	9,6b	10,8d	6,3c	115,3b	4,3b
30 Branco	12,7b	11,9c	5,7c	98,2b	5,0b
31 Miúdo	17,9a	9,4d	12,0b	179,7a	6,7b
32 Marrom	8,5b	10,4d	6,1c	101,5b	4,0b
Média	11,59	11,08	5,8	90,9	5,2
CV (%)	20,21	6,3	11,5	18,2	15,0

CV: Comprimento da vagem, cm; LV: Largura da vagem, mm; NLV: Número de lóculos por vagem; ALT: Altura da planta cm; DC: Diâmetro do caule, mm. *Médias Seguidas de mesma letra não se diferem entre si pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Foram identificados quatro grupos distintos para o comprimento do ápice da vagem (CAV), Tabela 5. O genótipo ‘Vagem novirex’ destacou-se estatisticamente, apresentando comprimento médio de 23,4 mm e formando grupo isolado pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$). O maior comprimento do ápice pode contribuir para a diferenciação varietal e valorização comercial, reforçando o potencial desse genótipo em programas de melhoramento voltados ao mercado de hortaliças, considerando que, neste caso, a parte consumida é a própria vagem (EMBRAPA, 2022). Os demais genótipos se distribuíram em agrupamentos intermediários e de menor desempenho.

Para o comprimento da semente (CS) (Tabela 5) foram observados dois grupos principais: um formado pelos genótipos ‘Branco’, ‘Manteigão’, ‘Jalo’, ‘Anjo’ e ‘Constanza’ com os maiores valores 15,3; 16; 16,2; 19,7 e 20,3 mm, respectivamente e outro formado pelos genótipos ‘Vermelho’, ‘Miúdo’ e ‘Esplêndido’ com os menores comprimentos, o que pode indicar menor valor comercial (EMBRAPA, 2021). No estudo de Silveira et al. (2019), o maior valor para comprimento de semente foi observado no acesso vermelho (8,9 mm), confirmando a expressiva diversidade morfológica.

A largura da semente (LS) também formou quatro grupos (Tabela 5), sendo o grupo de maior média composto pelos genótipos ‘Vermelho escuro’ (5,0 mm), ‘Iraí’ (5,0 mm), ‘Branco’ (5,1 mm), ‘Anjo’ (5,3 mm), ‘Constanza’ (5,4 mm), ‘Rajado’ (6,3 mm) e ‘Manteigão’ (6,4 mm), exibindo as sementes mais largas. Essa característica é relevante, pois sementes maiores e mais largas tendem a ser mais valorizadas comercialmente (CERUTTI et al., 2021).

A produção medida pelo peso de sementes por planta (PS) apresentou média geral de 5,7 g e coeficiente de variação ($CV = 30,2\%$). Foram identificados dois grupos principais, como demonstra a tabela 5, um com desempenho superior, com peso entre 5,9 e 9,1 g, destacando genótipos como ‘Feijão jalo’ (9,1 g), ‘Vermelho escuro’ (7,2 g), ‘Marrom’ (7,1 g), ‘Feijão manteiga’ (7,0 g), ‘Carioca variado’ (7,0 g) e ‘Carioca 2’ (7,0 g) e outro de menor desempenho com valores entre 3 e 5,33 g. Segundo Cerutti et al. (2021) o peso de sementes é um dos principais componentes do rendimento em feijão-comum, refletindo tanto o potencial produtivo quanto a qualidade comercial do grão. Esses resultados sugerem que tais genótipos possuem elevado potencial comercial e agrônômico, sendo candidatos promissores para programas de melhoramento genético e sistemas de cultivo que valorizem tanto a produtividade quanto a qualidade do grão.

Tabela 5: Médias de quatro características avaliadas em trinta e dois genótipos de feijoeiro-comum (Seropédica, 2024).

Genótipo	CAV	CS	LS	PS
1 Vagem alessa	19,1b	12,0b	4,5b	3,8b
2 Constanza	20,3b	14,4a	5,4a	6,7a
3 Carioca	9,8d	9,5c	4,5b	5,0b
4 Preto fazendinha	9,8d	8,9c	4,5b	4,5b
5 Anjo	19,7b	13,6a	5,1a	5,0b
6 Iraí	14,4c	11,9b	5,0a	3,7b
7 Bola	13,4c	9,1c	4,5b	3,9b
8 Vagem Novirex	23,4a	12,8b	3,6d	6,7a
9 Vermelho	11,3d	8,2d	3,2d	4,5b
10 Rajado	14,9c	13,b	5,9a	6,3a
11 Preto	9,0d	9,4c	3,2d	3,0b
12 Vermelho escuro	10,3d	10,1c	5,3a	7,2a
13 Vermelho 2	9,5d	9,6c	4,2c	6,4a
14 Mulato	8,3d	8,9c	3,3d	4,8b
15 Carioca variado	8,8d	9,3c	4,3b	7,0a
16 Vermelho 3	9,0d	9,3c	3,6d	5,9a
17 Carioca rosa	7,0d	9,0c	3,3d	4,9b
18 Feijão jalo	16,2c	14,2a	4,9b	9,1a
19 Feijão manteiga	16,5c	12,5b	4,4b	7,0a
20 Sangerê toro	16,9c	11,3b	4,3b	4,7b
21 Esplendido	5,9d	7,4d	4,1c	6,5a
22 Rajado rosa	13,1c	12,0b	4,5b	4,5b
23 Bolinha Crioulo	14,1c	9,3c	4,7b	5,3b
24 Rosinha Crioulo	6,3d	9,1c	3,8c	6,1a
25 Jalo crioulo	16,4c	10,7c	4,6b	5,0b
26 Manteigão	16,0c	14,7a	5,2a	6,4a
27 Vermelho 4	8,3d	9,7c	3,9c	6,3a
28 Carioca 2	11,4d	9,7c	4,2c	7,0a
29 Carioca 3	9,8d	9,3c	4,2c	5,6a
30 Branco	15,3c	13,5a	5,0a	6,9a
31 Miúdo	11,2d	7,4d	3,8c	4,2b
32 Marrom	8,2d	8,9c	3,9c	7,1a
Média	12,6	10,6	4,3	5,7
CV (%)	16,1	8,2	11,2	30,2

CAV: Comprimento do ápice da vagem, mm; CS: Comprimento da semente, mm; LS: Largura da semente, mm; PS: Peso de semente por planta, g. *Médias Seguidas de mesma letra não se diferem entre si pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

A análise da cor do estandarte evidenciou diversidade cromática restrita, com 50% dos genótipos de estandartes brancos e menor frequência de lilás e roxo (Tabela 6). Esses resultados corroboram os achados de Olímpio et al. (2023) e Zambom et al. (2023), que observaram baixa variação dessa característica e concluíram que a cor do estandarte não se configura como descritor eficiente para indicar dissimilaridade. Dessa forma, confirma-se que essa variável apresenta baixa contribuição para a caracterização da variabilidade genética em feijoeiro-comum.

A cor da vagem (COV) (Tabela 6) também apresentou ampla variação, incluindo verde normal, verde brilhante, verde raiado de roxo, verde raiado de vermelho claro, além de tonalidades raras como rosa escuro e roxo escuro. A maioria dos genótipos exibiu vagens verdes normais, mas alguns, como ‘Constanza’, ‘Esplêndido’ e ‘Miúdo’, destacaram-se pelo verde brilhante acima do normal. Outros mostraram raiados em roxo ou vermelho claro, enquanto os genótipos ‘Vermelho 2’ e ‘Rosinha Crioulo’ exibiram rosa escuro e os genótipos ‘Mulato’ e ‘Carioca rosa’ apresentaram roxo escuro (Tabela 6), características incomuns que podem agregar valor em nichos de mercado. (COSTA et al., 2024b).

Para a característica curvatura da vagem (CUV) houve predominância de vagens ligeiramente curvas corresponde ao padrão típico em feijões do tipo vagem, indicando estabilidade morfológica dentro do grupo. Entretanto, a presença de genótipos com vagens retas (‘Feijão manteiga’ e ‘Carioca 2’) ou acentuadamente curvas (‘Branco’ e ‘Miúdo’) revela variabilidade genética. Essa diversidade pode ser explorada em programas de melhoramento, seja para atender preferências de mercado (vagens mais uniformes e retas) ou para identificar genótipos com maior adaptação a determinadas condições de cultivo. (Tabela 6).

Na maturação fisiológica, a cor da vagem (CVMF) houve ampla variabilidade observada desde tons amarelos claros até rosa, roxo escuro e verde persistente, demonstra a riqueza genética da coleção avaliada. Esse fenótipo é relevante porque a cor da vagem pode estar associada à aceitação comercial, à identificação varietal e até a mecanismos de defesa da planta (como maior resistência a estresses ou pragas em genótipos de coloração mais intensa). Por exemplo, genótipos como ‘Vermelho’, ‘Bolinha crioulo’ e ‘Rosinha crioulo’ exibiram coloração rosa, enquanto ‘Preto’, ‘Vermelho escuro’, ‘Mulato’ e ‘Miúdo’ apresentaram vagens roxas, o que pode indicar maior concentração de pigmentos fenólicos. Já o ‘Carioca variado’ manteve vagens verdes, fenótipo que pode estar ligado a maior persistência da clorofila (Tabela 6).

A forma da semente (FS) mostrou-se um atributo relevante para classificação comercial e rendimento de beneficiamento. As formas predominantes foram cuboides e reniformes. O genótipo ‘Bola’ apresentou sementes ovais, enquanto os genótipos ‘Sangêre toro’ e ‘Vermelho 4’ exibiram sementes alongadas truncadas, características menos comuns que podem ser valorizadas em determinados mercados (EMBRAPA, 2021) O genótipo ‘Miúdo’ apresentou sementes redondas (Tabela 6), conferindo diversidade adicional ao conjunto e reforçando o potencial de diferenciação varietal. No estudo de Olímpio et al (2023), a predominância observada foi da forma alongada e truncada, presente em maior parte das 67 variedades analisadas. Em seguida, se destacaram as formas cuboide e oval, que representaram proporções intermediárias da população. Já as formas reniforme e redonda foram menos frequentes, aparecendo em menor número de acessos, sendo a última restrita a poucos indivíduos específicos. Vital et al. (2024) integraram dados fenotípicos e análises de diversidade, evidenciando a relação entre divergência genética e contrastes morfológicos, sobretudo em características de sementes e vagens com diferentes padrões de coloração e forma.

Tabela 6: Características qualitativas avaliadas em 32 genótipos de feijão- comum (Seropédica, 2024).

Genótipo	CE	COV	CUV	CVMF	FS
1 Vagem alessa	Branco	Verde normal	Ligeiramente curva	Amarelo	Reniforme
2 Constanza	Branco	Verde brilhante acima do normal	Ligeiramente curva	Amarelo	Reniforme
3 Carioca	Branco	Verde normal	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
4 Preto fazendinha	Roxo	Verde raiado de roxo	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
5 Anjo	Branco	Verde normal	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Reniforme
6 Iraí	Lilás	Verde raiado de vermelho claro	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
7 Bola	Lilás	Verde raiado de roxo	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Oval
8 Vagem Novirex	Roxo	Verde raiado de roxo	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
9 Vermelho	Branco	Verde raiado de vermelho claro	Ligeiramente curva	Rosa	Cuboide
10 Rajado	Lilás	Verde raiado de vermelho claro	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
11 Preto	Roxo	Verde raiado de roxo	Ligeiramente curva	Roxo escuro	Reniforme
12 Vermelho	Branco	Verde normal	Ligeiramente curva	Roxo escuro	Cuboide
13 Vermelho 2	Branco	Rosa escuro	Ligeiramente curva	Amarelo	Cuboide
14 Mulato	Roxo	Roxo escuro	Ligeiramente curva	Roxo escuro	Cuboide
15 Carioca variado	Branco	Verde normal	Ligeiramente curva	Verde persistente	Cuboide
16 Vermelho 3	Branco	Verde raiado de vermelho claro	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Reniforme

17 Carioca rosa	Roxo	Roxo escuro	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
18 Feijão jalo	Roxo	Verde normal	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
19 Feijão manteiga	Lilás	Verde normal	Direita	Amarelo	Cuboide
20 Sangerê toro	Lilás	Verde normal	Ligeiramente curva	Amarelo	Alongada
21 Esplendido	Roxo	Verde brilhante acima do normal	Ligeiramente curva	Amarelo	Reniforme
22 Rajado rosa	Lilás	Verde raiado de roxo	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
23 Bolinha Crioulo	Lilás	Verde normal	Ligeiramente curva	Rosa	Cuboide
24 Rosinha	Branco	Rosa escuro	Ligeiramente curva	Rosa	Reniforme
25 Jalo crioulo	Lilás	Verde normal	Ligeiramente curva	Amarelo	Reniforme
26 Manteigão	Lilás	Verde normal	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Reniforme
27 Vermelho 4	Branco	Verde normal	Ligeiramente curva	Amarelo	Alongada
28 Carioca 2	Branco	Verde normal	Direita	Rosa	Cuboide
29 Carioca 3	Branco	Verde normal	Ligeiramente curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
30 Branco	Branco	Verde raiado de roxo	Curva	Amarelo claro com manchas ou raiada	Cuboide
31 Miúdo	Branco	Verde brilhante acima do normal	Curva	Roxo escuro	Redonda
32 Marrom	Branco	Verde raiado de roxo	Ligeiramente curva	Rosa	Cuboide

CE: Cor do estandarte; COV: Cor da vagem; CUV: curvatura da vagem; CVMF: Cor da vagem à maturação fisiológica; FS: Forma da semente.

A posição do ápice da vagem (PAV) mostrou-se predominantemente marginal na maioria dos genótipos avaliados, padrão característico que contribui para a uniformidade da arquitetura da planta. Apenas os genótipos ‘Constanza’ e ‘Carioca 2’ apresentaram ápice não marginal, configurando exceções dentro do conjunto (Tabela 7). Essa variação pode influenciar diretamente a facilidade de colheita, sobretudo em sistemas mecanizados ou de cultivo orgânico, nos quais o manejo simplificado é desejável (SILVA, 2005).

A orientação do ápice da vagem (OAV) variou entre ventral, dorsal e direito, sendo o tipo ventral o mais frequente, especialmente entre genótipos de hábito arbustivo e semi-trepadeira. Já as orientações dorsais e direita ocorreram com maior frequência nos genótipos de hábito trepador, sugerindo uma possível relação entre o porte da planta e a posição do ápice da vagem. (Tabela 7). Essa diversidade morfológica reforça a importância do caráter como indicador de adaptação ao sistema de cultivo conforme observado em estudos de caracterização morfofisiológica do feijoeiro (COSTA et al., 2024a).

O hábito de crescimento (HC) apresentou ampla variação, abrangendo os tipos indeterminado arbustivo, indeterminado semi-trepadeira, e indeterminado trepadeira. Os genótipos indeterminados arbustivos, como ‘Vagem alessa’, ‘Carioca’, ‘Anjo’ e ‘Carioca variado’, mostraram-se mais adequados para cultivos com menor necessidade de suporte, sendo especialmente indicados para sistemas orgânicos ou mecanizados. Já os genótipos semi-trepadeiras, como ‘Constanza’, ‘Preto fazendinha’, ‘Iraí’, ‘Bola’, ‘Vagem novirex’, ‘Rajado’, ‘Mulato’, ‘Vermelho 3’, ‘Carioca rosa’, ‘Jalo’, ‘Feijão manteiga’, ‘Rajado roxo’, ‘Rosinha crioulo’, ‘Vermelho 4’, ‘Carioca 2’ e ‘Branco’, apresentaram crescimento indeterminado com muitas guias laterais, exigindo maior atenção ao manejo, mas oferecendo flexibilidade em diferentes sistemas de cultivo. Por sua vez, os genótipos trepadores, como ‘Vermelho’, ‘Preto’, ‘Vermelho escuro’, ‘Vermelho 2’, ‘Sangerê toro’, ‘Esplêndido’, ‘Bolinha crioulo’, ‘Jalo crioulo’, ‘Manteigão’, ‘Carioca 3’, ‘Miúdo’ e ‘Marrom’ (Tabela 7), necessitam de tutoramento ou consórcios com culturas de suporte, mas podem proporcionar vantagens como maior cobertura do solo e melhor aproveitamento vertical do espaço.

Em relação ao TG (Tabela 7), houve uma ampla variação de (cor, forma, tamanho) de tegumento observado, com predominância dos cariocas, rajado, preto, vermelho e marrom. Isso reforça que o padrão e a cor das sementes são determinantes tanto para a classificação comercial quanto para a preferência dos consumidores, corroborando os achados de Costa et al. (2024a). Esse resultado está em consonância com os achados de Henrique et al. (2020) e Silveira et al. (2019), que destacaram ampla variabilidade genética em acessos de feijão-comum com diferentes padrões de coloração e morfologia de sementes.

Genótipos como ‘Constanza’, ‘Iraí’, ‘Rajado’ e ‘Rajado roxo’ exibiram grãos do tipo rajados, enquanto ‘Carioca’, ‘Carioca variado’, ‘Carioca rosa’, ‘Carioca 2’ e ‘Carioca 3’ foram classificados como tipo carioca, um dos mais populares no Brasil (Tabela 7). Os genótipos ‘Preto fazendinha’, ‘Vagem novirex’, ‘Preto’, ‘Jalo’ e ‘Esplêndido’ apresentaram grãos pretos, e os genótipos ‘Vermelho’, ‘Vermelho escuro’, ‘Vermelho 2’, ‘Vermelho 3’, ‘Sangerê toro’, ‘Rosinha crioulo’ e ‘Vermelho 4’ mostraram grãos vermelhos, ambos com potencial para atender nichos específicos de mercado. Além disso, foram observados grãos verdes, brancos e bicolores, como o branco e vermelho do genótipo ‘Anjo’, ampliando ainda mais o espectro de uso e comercialização desses materiais. A diversidade de tipos de grão é amplamente reconhecida como fator de valorização comercial e de aceitação pelo consumidor (CARBONELL et al, 2021).

A análise de atributos como morfologia da vagem, hábito de crescimento e tipo de grão revelou uma diversidade expressiva entre os genótipos avaliados. Ao caracterizar os genótipos com base em seus traços morfológicos e agronômicos, permite identificar características desejáveis e direcionar os esforços para o desenvolvimento de variedades com atributos específicos, visando melhorar suas qualidades agronômicas, adaptabilidade às

condições ambientais e valor comercial (COSTA et al., 2024b). Além disso, pesquisas apontam que o hábito de crescimento e o tipo de grão influenciam diretamente a adaptação ao ambiente e a preferência do consumidor, reforçando a importância da diversidade genética para atender diferentes demandas de mercado (LEITE et al., 2019).

Em síntese, as características qualitativas analisadas reforçam a ampla variabilidade genética presente entre os genótipos, o que é altamente desejável em programas de melhoramento e na seleção de cultivares adaptadas a diferentes sistemas de produção. A escolha de genótipos com hábito de crescimento compatível com o sistema de cultivo, orientação de vagem favorável ao manejo e tipos de grão com boa aceitação comercial pode contribuir significativamente para o sucesso agrônomo e econômico da cultura (COSTA et al., 2024b; FERRO BISNETO et al., 2022).

Tabela 7: Características qualitativas avaliadas em 32 genótipos de feijão- comum (Seropédica, 2024).

Genótipo	PAV	OAV	HC	TG
1 Vagem alessa	Marginal	Ventral	Indeterminada arbustiva	Branco
2 Constanza	Não Marginal	Ventral	Indeterminado semi- trepadeira	Rajado
3 Carioca	Marginal	Ventral	Indeterminado arbustivo	Carioca
4 Preto fazendinha	Marginal	Dorçal	Indeterminado semi- trepadeira	Preto
5 Anjo	Marginal	Dorçal	Indeterminado arbustivo	Branco e vermelho
6 Iraí	Marginal	Direito	Indeterminado semi- trepadeira	Rajado
7 Bola	Marginal	Direito	Indeterminado semi- trepadeira	Verde
8 Vagem Novirex	Marginal	Direito	Indeterminado semi- trepadeira	Preto
9 Vermelho	Marginal	Dorçal	Indeterminado trepadeira	Vermelho
10 Rajado	Marginal	Ventral	Indeterminado semi- trepadeira	Rajado
11 Preto	Marginal	Direito	Indeterminado trepadeira	Preto
12 Vermelho escuro	Marginal	Direito	Indeterminado trepadeira	Vermelho
13 Vermelho 2	Marginal	Direito	Indeterminado trepadeira	Vermelho
14 Mulato	Marginal	Direito	Indeterminado semi- trepadeira	Marrom
15 Carioca variado	Marginal	Ventral	Indeterminado arbustivo	Carioca
16 Vermelho 3	Marginal	Direito	Indeterminado semi- trepadeira	Vermelho
17 Carioca rosa	Marginal	ventral	Indeterminado semi- trepadeira	Carioca
18 Feijão jalo	Marginal	Direito	Indeterminado semi- trepadeira	Preto
19 Feijão manteiga	Marginal	Dorçal	Indeterminado semi- trepadeira	Marrom
20 Sangerê toro	Marginal	Ventral	Indeterminado trepadeira	Vermelho

21 Esplendido	Marginal	Ventral	Indeterminado trepadeira	Preto
22 Rajado rosa	Marginal	Direito	Indeterminado semi- trepadeira	Rajado
23 Bolinha Crioulo	Marginal	Direito	Indeterminado trepadeira	Verde
24 Rosinha Crioulo	Marginal	Direito	Indeterminado semi- trepadeira	Vermelho
25 Jalo crioulo	Marginal	Direito	Indeterminado trepadeira	Marrom
26 Manteigão	Marginal	Direito	Indeterminado trepadeira	Marrom
27 Vermelho 4	Marginal	Direito	Indeterminado semi- trepadeira	Vermelho
28 Carioca 2	Não Marginal	Dorçal	Indeterminado semi- trepadeira	Carioca
29 Carioca 3	Marginal	Ventral	Indeterminado trepadeira	Carioca
30 Branco	Marginal	Dorçal	Indeterminado semi- trepadeira	Branco
31 Miúdo	Marginal	Ventral	Indeterminado trepadeira	Verde
32 Marrom	Marginal	Dorçal	Indeterminado trepadeira	Marrom

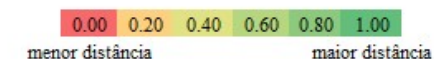
PAV: Posição do ápice da vagem; OAV: Orientação do ápice da vagem; HC: Hábito de crescimento; TG: Tipo do grão.

5.2. Avaliação da divergência genética via marcadores morfológicos

A maior distância genética observada foi de 0,56 entre os genótipos ‘Mulato’ e ‘Constanza’. Enquanto ‘Constanza’ pertence ao grupo dos maiores grãos, ‘Mulato’ está associado aos menores comprimentos e larguras, refletindo diferenças marcantes nos descritores relacionados ao tamanho e formato do grão (Tabela 8). Em contraste, as menores distâncias genéticas foram registradas entre pares de genótipos dentro dos grupos Carioca, Rajado Roxo e Vermelho: 0,08 entre ‘Carioca variado’ e ‘Carioca’; 0,08 entre ‘Íraí’ e ‘Rajado roxo’; 0,09 entre ‘Vermelho 3’ e ‘Rosinha crioulo’; e 0,09 entre ‘Vermelho escuro’ e ‘Vermelho 2’. Apesar da elevada proximidade genética, esses últimos se diferenciam pela coloração da vagem e pela cor da vagem à maturação fisiológica (CVMF), sendo verde normal e roxo escuro em ‘Vermelho escuro’, e rosa escuro e amarelo em ‘Vermelho 2’. Esses resultados evidenciam, por um lado, a existência de genótipos altamente divergentes, como ‘Mulato’ e ‘Constanza’, que podem ser explorados em programas de melhoramento para ampliar a variabilidade genética. Por outro lado, a elevada similaridade entre genótipos de um mesmo grupo confirma a consistência da classificação varietal, mas também alerta para a necessidade de evitar redundância em cruzamentos. Além disso, a presença de diferenças morfológicas em genótipos geneticamente próximos reforça a importância de integrar descritores fenotípicos e moleculares na caracterização, garantindo tanto a diversidade genética quanto a adequação às demandas comerciais e de mercado.

Tabela 8: Distâncias genéticas entre 32 genótipos de feijoeiro-comum obtidas por meio do Algoritmo de Gower.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32
1	0.00																															
2	0.24	0.00																														
3	0.18	0.30	0.00																													
4	0.31	0.46	0.25	0.00																												
5	0.19	0.20	0.23	0.30	0.00																											
6	0.17	0.27	0.23	0.21	0.18	0.00																										
7	0.23	0.36	0.21	0.13	0.27	0.11	0.00																									
8	0.30	0.40	0.40	0.23	0.34	0.26	0.25	0.00																								
9	0.30	0.46	0.24	0.18	0.28	0.24	0.21	0.35	0.00																							
10	0.21	0.25	0.28	0.29	0.24	0.14	0.21	0.28	0.34	0.00																						
11	0.36	0.50	0.36	0.19	0.43	0.29	0.22	0.23	0.26	0.39	0.00																					
12	0.23	0.31	0.18	0.25	0.26	0.19	0.20	0.32	0.17	0.25	0.27	0.00																				
13	0.25	0.37	0.20	0.25	0.31	0.22	0.21	0.31	0.17	0.30	0.19	0.09	0.00																			
14	0.37	0.56	0.27	0.14	0.36	0.31	0.25	0.31	0.18	0.39	0.26	0.32	0.31	0.00																		
15	0.23	0.33	0.08	0.28	0.29	0.26	0.24	0.39	0.23	0.27	0.39	0.22	0.22	0.28	0.00																	
16	0.23	0.36	0.17	0.19	0.25	0.19	0.17	0.28	0.12	0.27	0.24	0.15	0.14	0.20	0.17	0.00																
17	0.35	0.54	0.24	0.18	0.41	0.30	0.24	0.29	0.23	0.37	0.24	0.30	0.29	0.10	0.22	0.20	0.00															
18	0.27	0.33	0.37	0.21	0.25	0.23	0.30	0.23	0.36	0.25	0.36	0.28	0.33	0.35	0.39	0.34	0.38	0.00														
19	0.14	0.26	0.20	0.33	0.24	0.19	0.25	0.29	0.34	0.18	0.40	0.23	0.26	0.36	0.22	0.27	0.34	0.26	0.00													
20	0.14	0.29	0.23	0.31	0.25	0.20	0.24	0.34	0.23	0.24	0.31	0.19	0.22	0.36	0.25	0.23	0.34	0.31	0.17	0.00												
21	0.42	0.52	0.42	0.37	0.54	0.45	0.44	0.41	0.40	0.46	0.39	0.39	0.39	0.44	0.39	0.39	0.38	0.42	0.46	0.35	0.00											
22	0.16	0.30	0.23	0.17	0.24	0.08	0.10	0.21	0.23	0.16	0.26	0.19	0.19	0.27	0.25	0.19	0.26	0.23	0.19	0.19	0.43	0.00										
23	0.21	0.33	0.21	0.21	0.26	0.15	0.14	0.28	0.20	0.24	0.22	0.11	0.12	0.32	0.26	0.19	0.31	0.25	0.22	0.15	0.38	0.15	0.00									
24	0.19	0.36	0.22	0.25	0.27	0.23	0.22	0.26	0.19	0.28	0.29	0.17	0.16	0.27	0.21	0.09	0.24	0.31	0.26	0.21	0.32	0.19	0.21	0.00								
25	0.16	0.32	0.20	0.28	0.19	0.17	0.21	0.35	0.21	0.25	0.31	0.17	0.21	0.29	0.24	0.21	0.27	0.28	0.18	0.10	0.39	0.19	0.14	0.21	0.00							
26	0.19	0.26	0.28	0.36	0.19	0.20	0.28	0.33	0.32	0.19	0.36	0.18	0.24	0.40	0.32	0.28	0.38	0.23	0.17	0.18	0.46	0.21	0.18	0.26	0.11	0.00						
27	0.25	0.27	0.23	0.29	0.32	0.28	0.25	0.37	0.24	0.34	0.33	0.18	0.19	0.32	0.24	0.14	0.30	0.36	0.29	0.22	0.42	0.25	0.23	0.13	0.25	0.30	0.00					
28	0.23	0.39	0.18	0.24	0.25	0.26	0.26	0.35	0.20	0.33	0.39	0.18	0.20	0.25	0.18	0.19	0.27	0.28	0.16	0.26	0.47	0.23	0.23	0.18	0.21	0.26	0.21	0.00				
29	0.21	0.38	0.11	0.27	0.31	0.27	0.24	0.40	0.16	0.29	0.33	0.16	0.16	0.26	0.11	0.16	0.23	0.39	0.21	0.17	0.34	0.26	0.18	0.19	0.15	0.25	0.22	0.17	0.00			
30	0.23	0.35	0.28	0.25	0.19	0.20	0.24	0.31	0.25	0.21	0.42	0.24	0.29	0.28	0.25	0.24	0.32	0.23	0.23	0.29	0.53	0.18	0.27	0.25	0.22	0.22	0.31	0.19	0.28	0.00		
31	0.38	0.53	0.40	0.47	0.54	0.43	0.39	0.46	0.35	0.48	0.40	0.37	0.31	0.53	0.40	0.40	0.47	0.52	0.46	0.35	0.27	0.40	0.34	0.34	0.41	0.48	0.43	0.44	0.33	0.47	0.00	
32	0.32	0.47	0.25	0.22	0.33	0.32	0.25	0.33	0.14	0.36	0.27	0.18	0.16	0.18	0.21	0.17	0.24	0.36	0.30	0.29	0.45	0.25	0.22	0.20	0.24	0.29	0.24	0.16	0.16	0.22	0.41	0.00



1- Vagem alessa; 2- Constanza; 3- Carioca; 4- Preto Fazendinha; 5- Anjo; 6- Iraí; 7- Bola; 8- Vagem Novirex; 9- Vermelho; 10- Rajado; 11- Preto; 12- Vermelho Escuro; 13- Vermelho 2; 14- Mulato; 15- Carioca Variado; 16- Vermelho 3; 17- Carioca rosa; 18- Feijão jalo; 19- Feijão manteiga; 20- Sangerê toro, 21- Esplendido; 22- Rajado roxo; 23- Bolinha crioulo; 24- Rosinha crioulo; 25- Jalo crioulo; 26- Manteigão; 27- Vermelho 4; 28- Carioca 2; 29- Carioca 3; 30- Branco; 31- Miúdo; 32- Marrom.

Foram formados cinco grupos (Figura 8) por meio do método de Otimização de Tocher, fundamentado em matriz de dissimilaridade. Esse procedimento busca minimizar a dissimilaridade intragrupos e, simultaneamente, maximizar a divergência intergrupos, permitindo uma compreensão mais precisa da variabilidade genética entre indivíduos ou populações. Tal abordagem possibilita identificar agrupamentos distintos e avaliar a consistência da variabilidade dentro e entre os grupos (CRUZ et al., 2014).

A maior distância genética entre grupos (0,53) foi observada entre o Grupo 2, formado pelos genótipos 'Preto', 'Mulato' e 'Carioca rosa', e o Grupo 5, composto exclusivamente por 'Constanza', caracterizado por grãos grandes e rajados. Essa separação reflete a divergência entre tipos comerciais distintos e indica elevado potencial para cruzamentos capazes de ampliar a variabilidade genética. Por outro lado, a maior divergência intragrupo (0,27) ocorreu no Grupo 4, que reúne genótipos com vagens maiores. Embora compartilhem esse traço, apresentam diferenças expressivas em outros descritores morfológicos e produtivos, como número de lóculos por vagem, diâmetro do caule, peso e forma da semente, além de atributos qualitativos como coloração da vagem e tipo de grão. Essa heterogeneidade interna reforça que a variabilidade genética não se restringe a um único caráter, mas resulta da interação de múltiplos descritores, justificando a maior distância dentro do grupo. Os resultados corroboram observações anteriores de Coêlho (2021), que identificaram ampla variabilidade genética entre acessos de feijão-comum, e de Ferro Bisneto et al. (2022), que destacaram diversidade tanto entre variedades quanto dentro de grupos aparentados.

A análise das distâncias médias intra e intergrupos pelo método de Tocher demonstra que os agrupamentos coincidem em grande parte com os tipos comerciais de feijão (carioca, preto, branco, rajado e vermelho), reforçando a aplicabilidade dos resultados em programas de melhoramento. As maiores distâncias intergrupos indicam elevado potencial para cruzamentos entre genótipos de diferentes tipos comerciais, enquanto a variabilidade intragrupo evidencia oportunidades de seleção dentro de cada grupo. Os descritores quantitativos, peso e comprimento da semente, número de lóculos por vagem, comprimento da vagem e diâmetro do caule, e qualitativos, curvatura e coloração da vagem, forma da semente, tipo de grão e cor do estandarte, foram os principais responsáveis pela dissimilaridade, confirmando que a análise multivariada é capaz de captar tanto atributos de mercado quanto diferenças estruturais relevantes para o melhoramento genético.

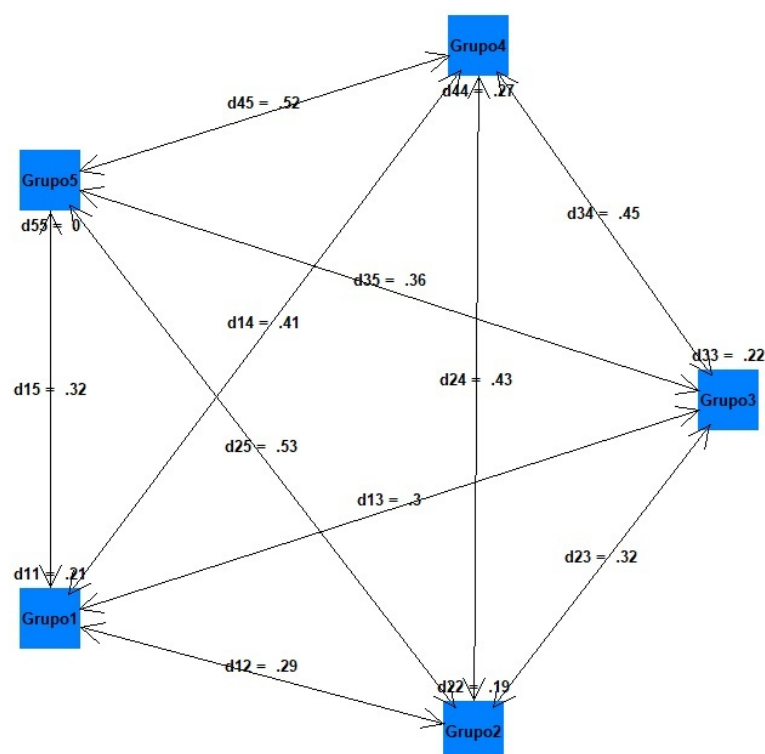


Figura 8: Distâncias médias intra e intergrupos estimados pelo método de Otimização de Tocher. 1- Vagem alessa; 2- Constanza; 3- Carioca; 4- Preto Fazendinha; 5- Anjo; 6- Iraí; 7- Bola; 8- Vagem Novirex; 9- Vermelho; 10- Rajado; 11- Preto; 12- Vermelho Escuro; 13- Vermelho 2; 14- Mulato; 15- Carioca Variado; 16- Vermelho 3; 17- Carioca rosa; 18- Feijão jalo; 19- Feijão manteiga; 20- Sangerê toro; 21- Esplendido; 22- Rajado roxo; 23- Bolinha crioulo; 24- Rosinha crioulo; 25- Jalo crioulo; 26- Manteigão; 27- Vermelho 4; 28- Carioca 2; 29- Carioca 3; 30- Branco; 31- Miúdo; 32- Marrom.

A análise multivariada dos cinco grupos evidencia padrões distintos de agrupamento entre os genótipos avaliados. Na tabela 9 encontram-se os grupos formados pelo método de Otimização de Tocher.

O Grupo 1, que concentrou a maior parte dos genótipos (75%), apresentou baixa variabilidade em altura da planta e número de lóculos por vagem, sugerindo que tais descritores não foram determinantes para a formação dos grupos. A ampla diversidade morfológica observada em forma e cor das sementes e coloração do estandarte, embora relevante para caracterização, não foi suficiente para promover separação, indicando que atributos qualitativos tiveram menor peso na divergência genética.

O Grupo 2, formado por ‘Mulato’, ‘Carioca rosa’ e ‘Preto’, destacou-se por sementes de menor largura, mas diferenciou-se principalmente por descritores qualitativos, como coloração da vagem, forma da semente, hábito de crescimento e tipo de grão. Nesse caso, observa-se que a divergência foi explicada por variáveis morfológicas de maior contraste visual, reforçando o papel dos descritores qualitativos na diferenciação quando os quantitativos se mostram homogêneos.

O Grupo 3, representado por ‘Vagem novirex’ e ‘Jalo’, apresentou maior peso de sementes, além de vagens longas e flores roxas. Apesar do porte baixo, esses genótipos se destacaram por atributos produtivos, sugerindo que variáveis relacionadas ao rendimento tiveram maior influência no agrupamento do que características morfológicas de cor ou forma.

O Grupo 4, composto por ‘Esplêndido’ e ‘Miúdo’, reuniu plantas de porte elevado (superior a 150 cm) e vagens longas de coloração verde brilhante. O agrupamento foi fortemente influenciado por descritores de tamanho das estruturas reprodutivas, como comprimento da vagem e dimensões da semente, indicando que esses atributos foram determinantes para a separação.

O Grupo 5, representado exclusivamente por ‘Constanza’, destacou-se como o grupo dos maiores grãos, isolando-se devido ao comprimento, largura e peso superiores das sementes. Essa singularidade evidencia que os descritores de tamanho e peso da semente exerceram forte influência na divergência genética, diferenciando-o dos demais grupos.

Tabela 9: Agrupamento dos 32 genótipos de feijão- comum obtido pelo método de Otimização de Tocher, baseado em caracteres morfológicos.

Grupo	Genótipos	(%)
I	6-Iraí, 22-Rajado roxo, 7-Bola, 23-Bolinha Crioulo, 12-Vermelho escuro, 13-Vermelho 2, 16-Vermelho 3, 24-Rosinha crioulo, 25-Jalo crioulo, 20-Sangerê toro, 29-Carioca 3, 9-Vermelho, 3-Carioca, 1-Vagem alessa, 28-Carioca 2, 15-Carioca variado, 19-Feijão manteiga, 27-Vermelho 4, 32-Marrom, 26-Manteigão, 30-Branco, 4-Preto fazendinha, 5-Anjo, 10-Rajado.	75,00
II	14-Mulato, 17-Carioca rosa, 11-Preto	9,40
III	8-Vagem novirex, 18-Feijão jalo	6,25
IV	21-Esplendido, 31-Miúdo	6,25
V	2-Constanza	3,10

Os agrupamentos iniciais obtidos pelo método de Otimização de Tocher (Figura 9) apresentaram coeficiente de correlação cofenética (CCC) de 0,82, indicando boa representatividade da matriz de dissimilaridade. Já o método hierárquico UPGMA, aplicado com o critério de corte de Mojena, resultou na formação de seis grupos. A comparação entre os dois métodos permite avaliar a concordância e discordância dos agrupamentos, destacando quais genótipos se mantiveram estáveis e quais sofreram reestruturação.

O Grupo 1 no UPGMA reuniu a maior parte dos genótipos (‘Iraí’, ‘Rajado roxo’, ‘Bola’, ‘Rajado’, ‘Vagem alessa’, ‘Feijão manteiga’, ‘Sangerê toro’, ‘Jalo crioulo’, ‘Manteigão’, ‘Anjo’, ‘Branco’, ‘Carioca’, ‘Carioca variado’, ‘Carioca 2’, ‘Carioca 3’, ‘Vermelho’, ‘Marrom’, ‘Vermelho escuro’, ‘Vermelho 2’, ‘Bolinha crioulo’, ‘Vermelho 3’, ‘Rosinha crioulo’ e ‘Vermelho 4’). Trata-se do conjunto mais numeroso e heterogêneo, mas sem a presença de genótipos de tipo de grão preto. Esse padrão reforça que descritores como cor e tipo de grão tiveram papel relevante na separação, já que os pretos foram deslocados para outro agrupamento.

O Grupo 2, formado por ‘Mulato’, ‘Carioca rosa’, ‘Preto fazendinha’ e ‘Preto’, destacou-se por reunir genótipos com estandarte roxo, sugerindo que esse descritor contribuiu de forma significativa para a divergência. É importante notar que o ‘Preto fazendinha’, anteriormente não associado ao grupo dos pretos, foi incluído aqui, mostrando uma reestruturação em relação ao método de Tocher.

O Grupo 3, composto por ‘Vagem novirex’ e ‘Jalo’, manteve a proximidade observada no método de Tocher. Ambos apresentam sementes pretas de forma cuboide e flores roxas, diferenciando-se apenas pela coloração da vagem. A manutenção desse agrupamento em ambos os métodos reforça a forte similaridade morfológica entre esses genótipos.

O Grupo 4 restrito ao genótipo ‘Constanza’, representante dos rajados de grãos grandes. O isolamento desse material em ambos os métodos evidencia sua elevada divergência genética, especialmente quanto ao tamanho das sementes, confirmando tratar-se de um genótipo distinto dentro do conjunto avaliado.

O Grupo 5 Incluiu exclusivamente o genótipo ‘Esplêndido’, caracterizado por plantas mais altas, maior número de lóculos e diâmetro de caule superior. A separação individual reforça que atributos estruturais, como porte e robustez, tiveram peso relevante na divergência.

O Grupo 6 pelo método UPGMA isolou o genótipo ‘Miúdo’, também associado ao tipo vagem. Sua separação individual em relação ao genótipo ‘Esplêndido’ foi explicada por diferenças em descritores morfológicos quantitativos, como número de lóculos por vagem, diâmetro do caule, peso e comprimento da semente, e curvatura da vagem, além de descritores qualitativos como coloração da vagem na maturação fisiológica, forma da semente e tipo de grão. Essas características conferem ao ‘Miúdo’ singularidade morfológica e produtiva, evidenciando que o método hierárquico foi mais sensível às variações estruturais e qualitativas entre os genótipos.

De forma geral, os descritores quantitativos de sementes e vagens foram os principais responsáveis pela divergência genética observada, enquanto os caracteres qualitativos de cor e porte atuaram como complementares, sendo mais bem captados pelo método hierárquico UPGMA.

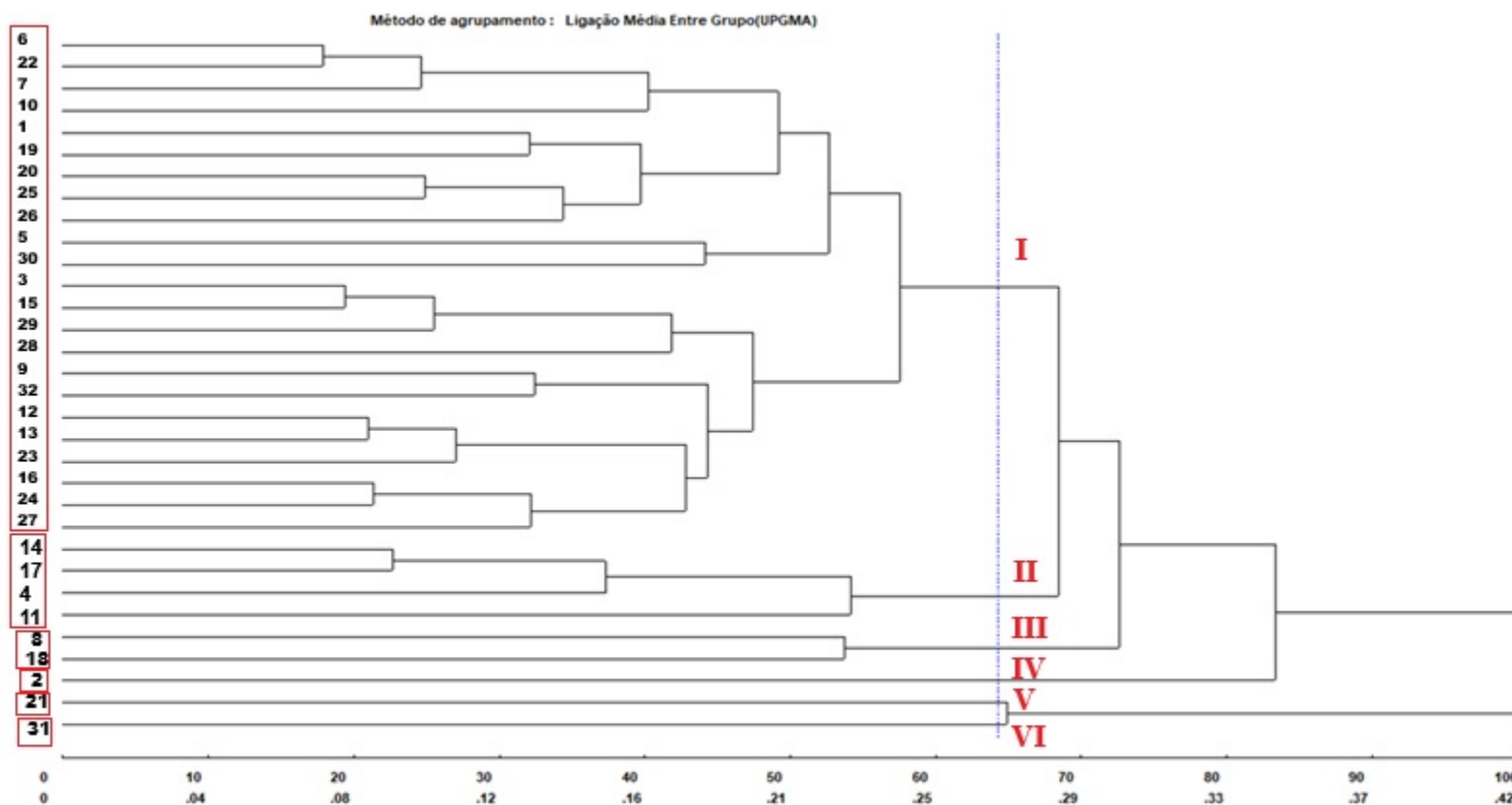


Figura 9: Método de agrupamento UPGMA- dissimilaridade entre genótipos. Definido ponto de corte, critério de Mojena (1977). 1- Vagem alessa; 2- Constanza; 3- Carioca; 4- Preto Fazendinha; 5- Anjo; 6- Iraí; 7- Bola; 8- Vagem Novirex; 9- Vermelho; 10- Rajado; 11- Preto; 12- Vermelho Escuro; 13- Vermelho 2; 14- Mulato; 15- Carioca Variado; 16- Vermelho 3; 17- Carioca rosa; 18- Feijão jalo; 19- Feijão manteiga; 20- Sangerê toro, 21- Esplendido; 22- Rajado roxo; 23- Bolinha crioulo; 24- Rosinha crioulo; 25- Jalo crioulo; 26- Manteigão; 27- Vermelho 4; 28- Carioca 2; 29- Carioca 3; 30- Branco; 31- Miúdo; 32- Marrom.

5.3 Avaliação da divergência genética via marcadores moleculares.

A análise de polimorfismo e distância genética por meio de *primers* SCoT constitui uma estratégia relevante para a caracterização da variabilidade genética em populações de feijoeiro-comum. Os polimorfismos detectados refletem diferenças nas regiões conservadas próximas ao códon de iniciação, possibilitando a identificação de padrões distintos entre genótipos e a estimativa da distância genética entre acessos (YEKEN et al., 2022; CABRAL et al., 2018).

A utilização dos dez *primers* SCoT resultou na amplificação de 86 bandas, das quais 72 foram polimórficas, correspondendo a um percentual médio de polimorfismo de 84,27%. A média de bandas por *primer* foi de 8,6 (Tabela 10), confirmando a eficiência da técnica na caracterização genética. Os marcadores apresentaram diferentes níveis de informatividade: SCoT 02 e SCoT 07 revelaram elevada diversidade (85,7% de polimorfismo), enquanto SCoT 12, 16, 17, 25 e 30 atingiram 87,5%. O SCoT 13 destacou-se com 91,6% de polimorfismo, sugerindo forte variabilidade genética, embora tenha registrado uma banda monomórfica presente em todos os genótipos, indicando região conservada.

De modo geral, os resultados confirmam que os marcadores SCoT são altamente informativos, com a maioria dos percentuais superiores a 85%, corroborando com estudos anteriores. Esses valores ampliam a evidência de robustez já destacada por Collard e Mackill (2009), que estabeleceram os fundamentos metodológicos da técnica. No estudo conduzido por Hromadová et al. (2023), cinco *primers* SCoT foram aplicados em 34 genótipos de feijão-comum, resultando na amplificação de 82 fragmentos de DNA, dos quais 66 foram polimórficos ($\approx 67,3\%$). Os autores compararam a eficiência dos marcadores RAPD e SCoT no germoplasma avaliado e confirmaram a capacidade dos SCoT em revelar diversidade genética mesmo com número reduzido de *primers*, embora com percentuais inferiores aos observados neste trabalho. Já Yeken et al. (2022) avaliaram 87 acessos de feijão-comum com oito *primers* SCoT e obtiveram 118 fragmentos, dos quais 105 foram polimórficos, correspondendo a 88,98% de polimorfismo valores próximos aos observados no presente estudo. O percentual variou de 71,43% a 94,74% entre os diferentes *primers* e Rai (2023) demonstrou a aplicação da técnica cDNA-SCoT em estudos de expressão gênica diferencial, reforçando seu potencial funcional.

Os percentuais de polimorfismo superiores aos relatados em alguns estudos podem ser atribuídos à maior diversidade genética do germoplasma avaliado, à origem geográfica distinta dos acessos, à escolha e número de *primers* utilizados, muitos deles altamente informativos, e às diferenças metodológicas na amplificação. Esses fatores, em conjunto, reforçam a robustez da técnica SCoT e explicam a elevada capacidade de discriminação observada neste trabalho.

Tabela 10: Número de bandas amplificadas e porcentagem de polimorfismo obtidos entre trinta e dois genótipos de feijoeiro comum a partir da amplificação de 10 primers SCoT (*Start Codon Targeted*).

Nome do primer	Nº total de bandas	Nº total de bandas polimórficas	Porcentagem de polimorfismo (%)
SCoT 01	6	5	83,3
SCoT 02	9	8	88,8
SCoT 05	11	6	54,5
SCoT 07	7	6	85,7
SCoT 12	8	7	87,5
SCoT 13	12	11	91,6
SCoT 16	8	7	87,5
SCoT 17	9	8	88,8
SCoT 25	8	7	87,5
SCoT 30	8	7	87,5
Total	86	72	842,7
Média	8,6	7,2	84,27

O *primer* SCoT 13 apresentou o maior número de bandas amplificadas, totalizando 12 (Figura 10), enquanto o menor número foi observado para o *primer* SCoT 01, com apenas 6 bandas registradas.

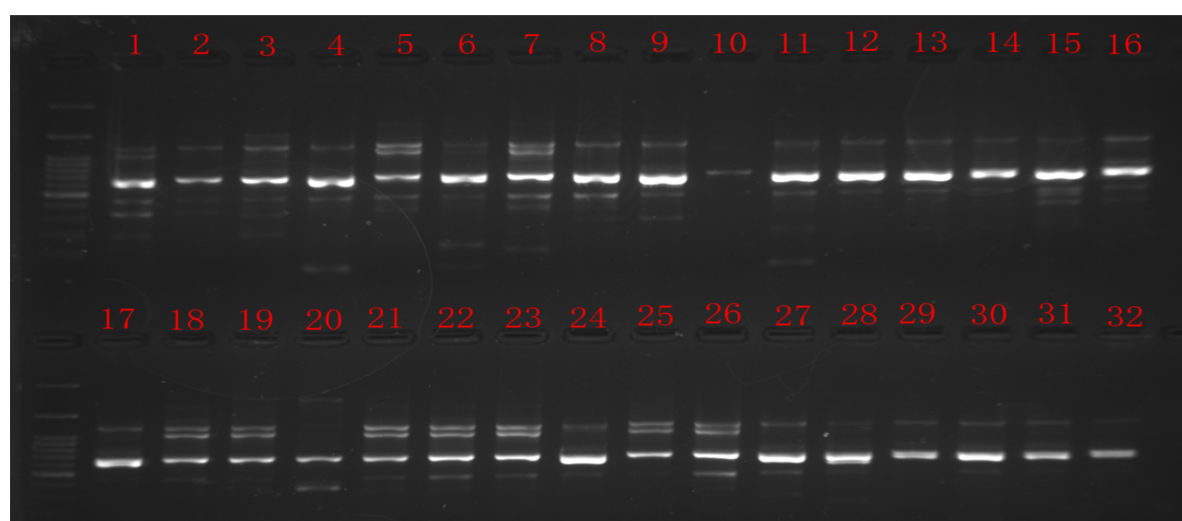


Figura 10: Perfis de bandas com marcador SCoT 13 para acessos de feijão- comum.

A análise da distância genética binária de Sokal (Tabela 11) evidenciou amplitudes entre 0,35 e 0,75, valores compatíveis com os relatados em diferentes estudos que utilizaram marcadores moleculares. Yeken et al. (2022), ao empregar marcadores SCoT em acessos de feijão-comum, observaram percentuais elevados de polimorfismo e amplitudes de distância genética semelhantes às encontradas neste trabalho. Cabral et al. (2018), utilizando RAPD e ISSR, também identificaram ampla variabilidade genética entre genótipos, com distâncias médias próximas às aqui registradas. Já Hromadová et al. (2023), ao comparar SCoT e RAPD em cultivares de feijão, confirmaram a capacidade desses marcadores em revelar divergência genética significativa, mesmo com número reduzido de *primers*. Esses resultados demonstram que a faixa de distâncias observada neste estudo é consistente com a literatura, reforçando a robustez da análise multivariada e a aplicabilidade dos diferentes tipos de marcadores moleculares na caracterização da diversidade genética em feijoeiro-comum.

A maior divergência (0,75) foi observada entre genótipos de grupos comerciais distintos, corroborando resultados moleculares que também identificaram maior distância entre acessos de diferentes tipos de grão. Em contraste, a menor distância (0,35) entre ‘Carioca’ e ‘Preto’ sugere proximidade genética, padrão igualmente descrito em análises com ISSR, nas quais genótipos de diferentes grupos comerciais compartilharam regiões conservadas. Esses achados reforçam que tanto os descritores morfológicos quanto os marcadores moleculares convergem na indicação de genitores contrastantes para ampliar a variabilidade genética e de genótipos próximos para seleção de linhagens superiores, confirmando a robustez da análise multivariada na caracterização da diversidade em feijoeiro-comum.

A comparação entre os resultados obtidos neste estudo e os de Zambom et al. (2023) evidencia a elevada eficiência dos marcadores moleculares na caracterização da diversidade genética em feijoeiro-comum. Enquanto os marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) amplificaram 23 *primers* resultando em 158 bandas, das quais 92,4% foram polimórficas, os SCoT utilizados neste trabalho geraram 86 bandas, com 84,27% de polimorfismo. Apesar da diferença percentual, ambos os métodos confirmam a robustez da análise molecular e a capacidade de revelar variabilidade genética entre acessos.

Tabela 11: Distâncias genéticas entre 32 genótipos de feijoeiro-comum obtidas pela Distância genética Binária de Sokal

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32
1	0.00																															
2	0.52	0.00																														
3	0.40	0.55	0.00																													
4	0.53	0.47	0.44	0.00																												
5	0.41	0.49	0.36	0.56	0.00																											
6	0.55	0.46	0.48	0.43	0.54	0.00																										
7	0.55	0.55	0.51	0.63	0.44	0.64	0.00																									
8	0.48	0.47	0.48	0.53	0.46	0.51	0.48	0.00																								
9	0.45	0.47	0.49	0.48	0.50	0.53	0.54	0.58	0.00																							
10	0.66	0.51	0.59	0.45	0.61	0.56	0.61	0.57	0.60	0.00																						
11	0.44	0.56	0.31	0.57	0.41	0.53	0.51	0.50	0.48	0.65	0.00																					
12	0.53	0.48	0.57	0.39	0.61	0.49	0.61	0.48	0.45	0.57	0.53	0.00																				
13	0.49	0.54	0.42	0.50	0.39	0.56	0.53	0.54	0.47	0.55	0.36	0.52	0.00																			
14	0.58	0.48	0.42	0.38	0.58	0.34	0.62	0.54	0.44	0.55	0.57	0.41	0.48	0.00																		
15	0.49	0.56	0.39	0.49	0.46	0.52	0.58	0.52	0.45	0.58	0.38	0.51	0.34	0.43	0.00																	
16	0.57	0.44	0.53	0.42	0.53	0.44	0.63	0.55	0.49	0.53	0.53	0.44	0.48	0.42	0.47	0.00																
17	0.52	0.56	0.52	0.50	0.54	0.55	0.58	0.58	0.54	0.57	0.50	0.54	0.48	0.55	0.53	0.56	0.00															
18	0.61	0.56	0.63	0.55	0.61	0.46	0.65	0.54	0.60	0.57	0.62	0.57	0.61	0.58	0.58	0.57	0.60	0.00														
19	0.63	0.68	0.65	0.75	0.63	0.65	0.65	0.65	0.66	0.60	0.60	0.67	0.65	0.69	0.66	0.71	0.55	0.51	0.00													
20	0.69	0.55	0.71	0.58	0.67	0.60	0.63	0.68	0.64	0.58	0.66	0.61	0.68	0.64	0.72	0.64	0.59	0.57	0.59	0.00												
21	0.54	0.60	0.55	0.59	0.58	0.56	0.69	0.58	0.59	0.66	0.56	0.60	0.55	0.65	0.49	0.62	0.53	0.57	0.58	0.71	0.00											
22	0.67	0.56	0.72	0.66	0.68	0.59	0.66	0.67	0.63	0.68	0.68	0.64	0.70	0.66	0.73	0.61	0.64	0.49	0.56	0.44	0.62	0.00										
23	0.61	0.68	0.61	0.65	0.63	0.57	0.63	0.66	0.61	0.61	0.61	0.67	0.60	0.64	0.62	0.68	0.52	0.51	0.49	0.44	0.51	0.50	0.00									
24	0.63	0.55	0.68	0.58	0.66	0.53	0.70	0.57	0.65	0.60	0.67	0.59	0.66	0.62	0.65	0.62	0.55	0.35	0.53	0.55	0.55	0.47	0.53	0.00								
25	0.55	0.65	0.55	0.67	0.56	0.65	0.61	0.64	0.62	0.66	0.62	0.75	0.66	0.72	0.66	0.69	0.56	0.65	0.57	0.69	0.57	0.58	0.51	0.63	0.00							
26	0.65	0.61	0.70	0.62	0.68	0.62	0.64	0.61	0.65	0.61	0.69	0.65	0.68	0.66	0.73	0.64	0.60	0.57	0.62	0.53	0.62	0.45	0.48	0.51	0.51	0.00						
27	0.58	0.62	0.60	0.69	0.60	0.68	0.60	0.60	0.64	0.68	0.59	0.72	0.63	0.70	0.59	0.71	0.57	0.54	0.49	0.62	0.51	0.50	0.52	0.47	0.49	0.57	0.00					
28	0.59	0.43	0.62	0.54	0.56	0.47	0.59	0.56	0.56	0.55	0.61	0.51	0.58	0.49	0.61	0.36	0.54	0.50	0.58	0.54	0.60	0.41	0.61	0.45	0.63	0.51	0.61	0.00				
29	0.57	0.67	0.55	0.67	0.55	0.65	0.62	0.67	0.63	0.64	0.54	0.73	0.58	0.69	0.63	0.69	0.47	0.63	0.53	0.59	0.58	0.58	0.49	0.60	0.51	0.55	0.42	0.58	0.00			
30	0.55	0.48	0.64	0.58	0.62	0.51	0.63	0.53	0.57	0.67	0.66	0.60	0.65	0.59	0.65	0.64	0.64	0.51	0.65	0.61	0.56	0.46	0.61	0.41	0.62	0.51	0.48	0.51	0.59	0.00		
31	0.60	0.74	0.58	0.72	0.58	0.67	0.66	0.66	0.64	0.68	0.58	0.72	0.61	0.69	0.64	0.68	0.60	0.60	0.45	0.63	0.59	0.57	0.50	0.56	0.50	0.58	0.46	0.61	0.45	0.56	0.00	
32	0.63	0.59	0.70	0.61	0.67	0.60	0.66	0.63	0.63	0.65	0.68	0.65	0.68	0.62	0.72	0.65	0.60	0.50	0.58	0.50	0.65	0.42	0.55	0.42	0.61	0.42	0.52	0.47	0.55	0.39	0.42	0.00

0.000.400.601.00

menor distância

maior distância

0.00 0.40 0.60 1.00
menor distância maior distância

1- Vagem Alessa; 2- Constanza; 3- Carioca; 4- Preto Fazendinha; 5- Anjo; 6- Iraí; 7- Bola; 8- Vagem Novirex; 9- Vermelho; 10- Rajado; 11- Preto; 12- Vermelho Escuro; 13- Vermelho 2; 14- Mulato; 15- Carioca Variado; 16- vermelho3; 17- Carioca Rosa; 18- Feijão Jalo; 19- Feijão Manteiga; 20- Sangerê Toro, 21- Esplêndido; 22- Rajado Roxo; 23- Bolinha Crioulo; 24- Rosinha Crioulo; 25- Jalo Crioulo; 26- Manteigão; 27- Vermelho 4; 28- Carioca 2; 29- Carioca 3; 30- Branco; 31- Miúdo; 32- Marrom.

A otimização de Tocher baseada em marcadores moleculares resultou na formação de 11 grupos (Tabela 12), em contraste com os 5 grupos obtidos a partir de descritores morfológicos, evidenciando maior poder discriminatório dos dados genéticos. Cinco genótipos se mostraram tão divergentes que se isolaram em grupos únicos, indicando elevado potencial para uso em programas de melhoramento. A diversidade morfológica observada dentro de alguns grupos sugere que genótipos fenotipicamente distintos podem apresentar proximidade genética, reforçando a importância de não inferir divergência apenas com base em caracteres visíveis. Esses resultados corroboram estudos anteriores com diferentes marcadores moleculares (SCoT, RAPD, ISSR e SSR), que também relataram maior número de grupos e maior amplitude de divergência genética em comparação às análises morfológicas. Assim, confirma-se que a integração entre descritores fenotípicos e marcadores moleculares é fundamental para uma caracterização abrangente da diversidade genética em feijoeiro-comum.

Tabela 12: Agrupamento dos 32 genótipos de feijão-comum obtido pelo método de Otimização de Tocher, baseado em caracteres moleculares.

Grupo	Genótipos	(%)
I	3-Carioca, 11-Preto, 5-Anjo, 13-Vermelho 2, 15-Carioca variado, 1-Vagem alessa, 9-Vermelho	21,9
II	6-Iraí, 14-Mulato, 4-Preto fazendinha, 16-Vermelho 3, 12-Vermelho escuro, 2-Constanza, 28-Carioca 2	21,9
III	18-Feijão jalo, 24-Rosinha crioulo, 32-Marrom, 30-Branco, 22-Rajado roxo	15,6
IV	27-Vermelho 4, 29-Carioca 3, 31-Miúdo, 19-Feijão manteiga	12,5
V	23-Bolinha crioulo, 26-Manteigão	6,3
VI	7-Bola, 8-Vagem novirex	6,3
VII	17-Carioca rosa	3,1
VIII	10-Rajado	3,1
IX	25-Jalo crioulo	3,1
X	21-Esplêndido	3,1
XI	20-Sangêre toro	3,1

A representatividade do dendrograma obtido pelo método UPGMA aplicado com o critério de corte de Mojena, foi confirmada pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC = 0,76), indicando ajuste moderado a satisfatório entre a matriz de dissimilaridade e a representação dendrogramática (Figura 11). Resultados semelhantes já haviam sido relatados por Yeken et al. (2022) e Hromadová et al. (2023), que também observaram agrupamentos consistentes com a origem genética e características fenotípicas dos acessos. De forma complementar, Collard e Mackill (2009) validaram a técnica SCoT em arroz, demonstrando que os agrupamentos obtidos por UPGMA refletiram informações taxonômicas e de pedigree conhecidas, confirmando a robustez do método e a aplicabilidade dos marcadores SCoT em estudos de diversidade genética.

A comparação entre os agrupamentos obtidos pelos métodos Tocher e UPGMA revelou diferenças importantes. Enquanto o Tocher na análise molecular formou 11 grupos, o UPGMA mostrou maior sensibilidade ao separar os acessos em 16 grupos. Alguns genótipos, como ‘Constanza’, ‘Bola’, ‘Vagem Novirex’ e ‘Bolinha Crioulo’, permaneceram isolados em grupos distintos, confirmando sua elevada divergência genética. Outros, como ‘Branco’,

‘Marrom’ e ‘Rajado Roxo’, mudaram de agrupamento em relação ao Tocher, evidenciando que a proximidade morfológica nem sempre corresponde à proximidade genética. Esses resultados reforçam que a integração entre descritores fenotípicos e marcadores moleculares é essencial para uma caracterização abrangente da diversidade genética em feijoeiro-comum.

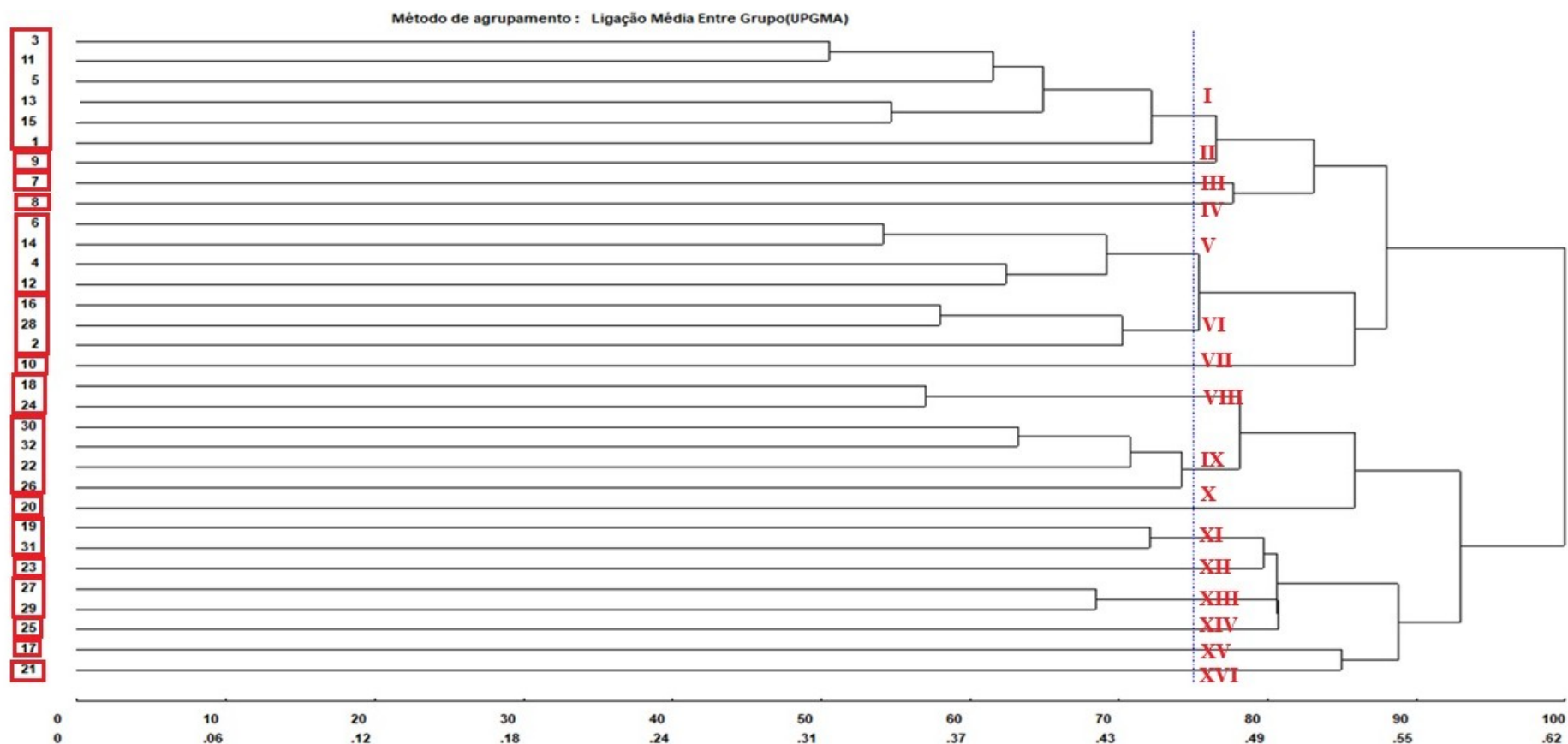


Figura 11: Método de agrupamento UPGMA- dissimilaridade entre genótipos. Definido ponto de corte, critério de Mojena (1977). 1- Vagem alessa; 2- Constanza; 3- Carioca; 4- Preto Fazendinha; 5- Anjo; 6- Iraí; 7- Bola; 8- Vagem Novirex; 9- Vermelho; 10- Rajado; 11- Preto; 12- Vermelho Escuro; 13- Vermelho 2; 14- Mulato; 15- Carioca Variado; 16- Vermelho 3; 17- Carioca rosa; 18- Feijão jalo; 19- Feijão manteiga; 20- Sangerê toro, 21- Esplendido; 22- Rajado roxo; 23- Bolinha crioulo; 24- Rosinha crioulo; 25- Jalo crioulo; 26- Manteigão; 27- Vermelho 4; 28- Carioca 2; 29- Carioca 3; 30- Branco; 31- Miúdo; 32- Marrom.

5.4. Avaliação de genótipos em dois tipos de adubação verde

A escolha dos três genótipos avaliados em campo foi resultado de uma análise inicial de 32 materiais de feijão-comum, caracterizados por descritores morfológicos do IPGRI. Essa triagem permitiu selecionar aqueles com melhor desempenho em componentes de produção e porte da planta, conciliando diversidade genética e viabilidade experimental. A redução para três genótipos foi necessária para adequar o delineamento em blocos casualizados, garantindo equilíbrio entre representatividade genética e limitações práticas de espaço, manejo e recursos. Dessa forma, os tratamentos refletiram genótipos promissores sem comprometer a robustez estatística e a execução do experimento.

Na análise de variância (Tabela 13) observou-se que algumas características apresentaram maior precisão experimental, enquanto outras mostraram maior sensibilidade às condições ambientais e ao manejo. O número de vagens por planta destacou-se como a variável mais instável, corroborando estudos anteriores que apontam sua maior suscetibilidade a fatores externos. Já variáveis como comprimento da vagem e peso de cem sementes apresentaram maior consistência, indicando menor influência de fatores não controlados.

Esses resultados reforçam a importância de considerar tanto a representatividade genética quanto a viabilidade experimental na condução de ensaios, assegurando que as conclusões sejam aplicáveis em sistemas de adubação verde e contribuam para práticas agrícolas mais sustentáveis.

Tabela 13: Resumo da análise de variância de sete características avaliadas em três genótipos de feijoeiro-comum em dois tipos de adubação verde e controle.

Característica	QMerro	Média geral	CV (%)
ALT	82,92	42,60	21,38
LV	0,46	12,12	5,59
CV	0,29	10,29	5,29
NVP	3,43	7,61	24,36
NSV	0,46	4,09	16,62
P100	17,12	40,09	10,32
PROD	7772,23	519,52	16,97

A avaliação dos parâmetros agrônômicos listados na (Tabela 14) revelou efeitos contrastantes entre os tratamentos de adubação verde e os genótipos analisados, corroborando estudos que destacam a influência de práticas de manejo sobre a expressão fenotípica em *Phaseolus vulgaris* L. (LEITE et al., 2019).

Na característica altura da planta (ALT), Com exceção do genótipo ‘Constanza’ no tratamento sem adubação, os genótipos ‘Anjo’ e ‘Carioca’ apresentaram maior altura sob adubação com gliricídia. No entanto, na comparação entre genótipos, não houve diferenças significativas no controle e na crotalária. Sob gliricídia, o genótipo ‘Constanza’ apresentou altura inferior em relação ao ‘Anjo’ e ‘Carioca’, que não diferiram entre si ($p < 0,05$) (Tabela 14).

Para a largura da vagem (LV), observou-se redução significativa sob gliricídia em todos os genótipos em relação ao tratamento sem adubação. Em relação ao tratamento com crotalária o genótipo ‘Anjo’ manteve valores semelhantes ($p > 0,05$) entre controle e crotalária. Na comparação entre genótipos, não houve diferenças nos tratamentos controle e com gliricídia, mas sob adubação com crotalária o genótipo ‘Constanza’ foi inferior ao ‘Anjo’ (Tabela 14).

No comprimento da vagem (CV), o genótipo ‘Carioca’ não apresentou diferenças entre tratamentos. Já o genótipo ‘Anjo’ apresentou maior comprimento sob crotalária em comparação ao controle e à gliricídia ($p < 0,05$). Entre genótipos, não foram observadas diferenças significativas em nenhum dos tratamentos ($p > 0,05$) (Tabela 14).

Quanto ao número de vagens por planta (NVP), ‘Constanza’ e ‘Anjo’ não diferiram entre os tratamentos com diferentes tipos de adubações ($p > 0,05$), enquanto ‘Carioca’ destacou-se sob gliricídia, com valores significativamente superiores ($p < 0,05$). Na comparação entre genótipos, no controle ‘Anjo’ e ‘Carioca’ foram superiores a ‘Constanza’ ($p < 0,05$); sob crotalária não houve diferenças ($p > 0,05$); e sob gliricídia ‘Carioca’ foi superior a ‘Constanza’ e ‘Anjo’ ($p < 0,05$) (Tabela 14).

Para o número de sementes por vagem (NSV), todos os genótipos apresentaram maior número sob gliricídia ($p < 0,05$). No controle não houve diferenças entre genótipos ($p > 0,05$). Sob crotalária, ‘Constanza’ foi inferior a ‘Anjo’ ($p < 0,05$), enquanto ‘Carioca’ não se diferiu estatisticamente dos genótipos ‘Constanza’ e ‘Anjo’ ($p > 0,05$). Sob gliricídia, o genótipo ‘Carioca’ foi superior ao ‘Constanza’, enquanto que o genótipo ‘Anjo’ não se diferiu significativamente dos genótipos ‘Constanza’ e ‘Carioca’ ($p > 0,05$) (Tabela 14).

Em relação ao peso de 100 sementes (P100), houve redução significativa sob gliricídia em todos os genótipos ($p < 0,05$). No controle e na gliricídia não houve diferenças entre genótipos ($p > 0,05$). Já sob crotalária, ‘Anjo’ apresentou maior peso, sendo superior a ‘Carioca’ e ‘Constanza’ ($p < 0,05$) (Tabela 14).

Na produtividade (PROD), ‘Constanza’ manteve baixos valores nos tratamentos controle e na adubação com crotalária, com ligeiro incremento sob gliricídia, onde houve diferença entre o tratamento controle e adubação com crotalária ($p < 0,05$) neste genótipo. O genótipo ‘Anjo’ apresentou maior produtividade no controle e na crotalária, enquanto ‘Carioca’ destacou-se expressivamente sob gliricídia, sendo significativamente superior aos demais genótipos ($p < 0,05$) (Tabela 14)..

De modo geral, a adubação verde com gliricídia promoveu incrementos expressivos em altura, número de sementes por vagem e produtividade, especialmente para o genótipo ‘Carioca’, que se mostrou o mais responsivo. O genótipo ‘Anjo’ apresentou bom desempenho sob controle e crotalária, enquanto ‘Constanza’ manteve valores inferiores em todas as variáveis, confirmando menor potencial produtivo. Esses resultados evidenciam que a escolha do genótipo e da adubação verde influencia diretamente o desempenho agrônômico do feijoeiro, destacando a gliricídia como alternativa promissora para incremento da produtividade.

Tabela 14: Teste de média entre os diferentes genótipos em diferentes tipos de adubação verde em feijoeiro-comum.

ALT (cm)				
	Controle	Crotalária	Gliricídia	Média
Constanza	35,90 A ab	24,80 A b	49,87 B a	36,86
Anjo	36,30 A b	25,90 A b	70,30 A a	44,17
Carioca	38,30 A b	32,60 A b	69,40 A a	46,77
Média	36,83	27,77	63,19	
LV (mm)				
	Controle	Crotalária	Gliricídia	Média
Constanza	12,85 A a	11,20 B b	11,02 A b	11,69
Anjo	12,65 A a	13,00 A a	11,17 A b	12,27
Carioca	13,50 A a	12,30 AB b	11,65 A b	12,48
Média	13,00	12,17	11,28	
CV (cm)				
	Controle	Crotalária	Gliricídia	Média
Constanza	10,23 A ab	10,95 A a	9,48 A b	10,22
Anjo	10,17 A b	11,20 A a	9,59 A b	10,32
Carioca	10,42 A a	10,50 A a	10,11 A a	10,34
Média	10,27	10,88	9,73	
NVP				
	Controle	Crotalária	Gliricídia	Média
Constanza	4,50 B a	4,90 A a	7,37 B a	5,59
Anjo	9,13 A a	5,90 A a	6,80 B a	7,28
Carioca	8,00 A b	6,00 A b	15,87 A a	9,96
Média	7,21	5,60	10,01	
NSV				
	Controle	Crotalária	Gliricídia	Média
Constanza	3,07 A b	2,40 B b	4,67 B a	3,38
Anjo	3,30 A b	4,40 A b	5,75 AB a	4,48
Carioca	3,47 A b	3,50 AB b	6,27 A a	4,41
Média	3,28	3,43	5,56	
P100 (gramas)				
	Controle	Crotalária	Gliricídia	Média
Constanza	48,67 A a	41,40 B a	24,22 A b	38,10
Anjo	45,92 A a	50,80 A a	27,37 A b	41,36
Carioca	50,52 A a	41,70 B b	30,25 A c	40,82
Média	48,37	44,63	27,28	
PROD (kg.ha ⁻¹)				
	Controle	Crotalária	Gliricídia	Média
Constanza	161,33 B b	207,00 B ab	341,00 B a	236,44
Anjo	558,00 A a	669,00 A a	312,25 B b	513,08
Carioca	665,77 A b	131,50 B c	1629,83 A a	809,03
Média	461,70	335,83	761,03	

ALT: Altura da planta; LV: Largura da vagem; CV: Comprimento da vagem; NVP: Número de vagem por planta; NSV: Número de sementes por vagem; P100: Peso de cem sementes; PROD: Produtividade. Médias seguidas por mesma letra maiúscula na coluna e minúscula na linha não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

6. CONCLUSÕES

O feijoeiro-comum apresenta ampla variabilidade genética e fenotípica, evidenciada por diferenças morfológicas e produtivas. Essa diversidade confirma o potencial dos descritores morfológicos e agronômicos para diferenciação varietal e valorização comercial. Os agrupamentos mostraram consistência da variabilidade, destacando genótipos singulares, enquanto a análise de variância reforçou a necessidade de múltiplos descritores para avaliação agrônoma. Para os ensaios de campo, foram selecionados ‘Carioca’, ‘Constanza’ e ‘Anjo’ por apresentarem médias favoráveis de produção e porte. Os marcadores SCoT demonstraram alta eficiência na caracterização genética. Nos sistemas de adubação verde, a *Gliricidia sepium* proporcionou maior produtividade, com destaque para o genótipo ‘Carioca’. A compreensão da diversidade e dinâmica genética do feijoeiro é essencial para conservação e uso sustentável, reforçando o papel estratégico do Brasil como centro secundário de diversidade e a importância de investir em pesquisa e valorização de variedades tradicionais para uma agricultura resiliente e sustentável.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABRANCHES, C. C. *Adubação verde: fundamentos e práticas*. Viçosa: UFV, 2021.
- ARAÚJO, E. S. et al. Sistema mecanizado de produção de biomassa de gliricídia. *Comunicado Técnico*, n. 152. Seropédica: Embrapa, 2024.
- ARAÚJO, R. S. Efeito da adubação verde com crotalária na produção e qualidade fisiológica de sementes de feijão. *Revista Brasileira de Agroecologia*, v. 19, n. 2, p. 45–58, 2024.
- BELTRAME, V.; SILVA, G.; HAGN, J.; KAFER, J.; VARGAS, T. O.; FINATTO, T. Desempenho de populações segregantes de feijão em sistema orgânico de produção. *Cadernos de Agroecologia*, v. 15, n. 2, 2020.
- BEVILAQUA, G. A. P.; ANTUNES, I. F.; EICHOLZ, E. D.; SCHWENGBER, J. E.; SCHIAVON, J. S.; LEITE, D. L. Recomendação de manejo ecológico e cultivares de feijão para certificação orgânica com elevado teor de zinco e ferro nos grãos. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2021. (Circular Técnica, 222). Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1136867/1/CIRCULAR-222.pdf> ([infoteca.cnptia.embrapa.br in Bing](https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1136867/1/CIRCULAR-222.pdf)). Acesso em: 30 set. 2025.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. (Org.). *Melhoramento de plantas*. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2020.
- BURLE, M. L.; FONSECA, J. R.; KAMI, J. A.; GEPTS, P. Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 121, n. 5, p. 801–813, 2010.
- CABRAL, P. D. S.; SOUZA, L. C.; COSTA, G. F.; SILVA, F. H. L.; SOARES, T. C. B. Investigation of the genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris*) cultivars using molecular markers. *Genetics and Molecular Research*, v. 17, n. 4, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18106>.
- CARBONELL, S. A. M. Diversidade genética em feijoeiro-comum com base em marcadores moleculares e características agronômicas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 56, e022001, 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/> ([scielo.br in Bing](https://www.scielo.br/j/pab/a/)). Acesso em: 29 set. 2025.
- CERUTTI, P. H.; CARBONARI, L. T. S.; BENATO, F. R.; SCHWARZER, P. A.; VELHO, H. S.; NASCIMENTO, M.; SOUZA, L. S. Potencial agronômico de linhagens de feijão para qualidade de sementes e rendimento de grãos. *Revista Ciência Agrária*, v. 44, n. 4, p. 41–52, 2021. DOI: <https://doi.org/10.19084/rca.24613>. http://www.inicepg.univap.br/cd/INIC_2017/anais/arquivos/RE_0869_1360_01.pdf ([inicepg.univap.br in Bing](http://www.inicepg.univap.br/cd/INIC_2017/anais/arquivos/RE_0869_1360_01.pdf)). Acesso em: 30 set. 2025.
- COELHO, J. D. *Feijão: produção e mercado*. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 2021. (Caderno Setorial ETENE, ano 6, n. 197).

COLLARD, B. C. Y.; MACKILL, D. J. Start Codon Targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant Molecular Biology Reporter*, v. 27, p. 86–93, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11105-008-0060-5> ([doi.org in Bing](#)).

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. *Boletim de Monitoramento Agrícola*. Brasília, v. 13, n. 12, dez. 2024, p. 1–13. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/>. Acesso em: 17 jan. 2025.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. *Acompanhamento da safra brasileira de grãos*. v. 12 – Safra 2024/25, n. 12 – Décimo segundo levantamento. Disponível em: https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/12o-levantamento-safra-2024-25/e-book_boletim-de-safras-12o-levantamento_2025.pdf ([gov.br in Bing](#)). Acesso em: 26 set. 2025.

COSTA, G. A. P.; SOUZA, L. F. S.; RAMALHO, P. A. A. M.; COSTA, A. F.; BENVENUTO, E. A. S.; OLIVEIRA, F. I. C. Diversidade morfofisiológica entre acessos de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista DELOS*, v. 17, n. 59, p. 1–18, 2024a. DOI: <https://doi.org/10.55905/rdelosv17.n59-011> ([doi.org in Bing](#)).

COSTA, G. A. P.; SOUZA, L. F. D. S.; RAMALHO, P. A. A. M.; ARAÚJO, S. C. A.; BARBOSA, R. K. F.; COSTA, A. F. D.; CARVALHO FILHO, J. L. S. D.; CARVALHO, R. R. D. C. E. Melhoramento genético do feijão comum: origem, diversidade e qualidade das sementes. *Caderno Pedagógico*, v. 21, n. 10, e8659, 2024b. DOI: <https://doi.org/10.54033/cadpedv21n10-050> ([doi.org in Bing](#)).

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.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed., v. 2. Viçosa: Editora UFV, 2014.

DEBOUCK, D. G. Systematics and morphology. In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Ed.). *Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT, 1991. p. 55–118.

DIAS, F. T. C.; BERTINI, C. H. C. M.; SILVA, A. P. M.; CAVALCANTI, J. J. V. Variabilidade genética de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce analisada por marcadores RAPD e ISSR. *Revista Ciência Agronômica*, v. 46, n. 3, p. 563–572, 2015.

DIDONET, A. D.; ALCÂNTARA, F. A. *Produção agroecológica de feijão: sistema de produção e práticas de manejo*. Documentos 318. Embrapa, 2021.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. *Feijão-caupi: produção – grãos*. Brasília, DF: Embrapa, 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao-caupi/producao/graos>. Acesso em: 28 maio 2026.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. *Feijão-vagem*. Brasília, DF: Embrapa, 2022. Disponível em: <https://www.embrapa.br/hortalica-nao-e-so-salada/feijao-vagem>. Acesso em: 28 maio 2026.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. *Feijão*. In: Agência Embrapa de Informação Tecnológica – AGEITEC. Brasília, DF: Embrapa, 2023a. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao>. Acesso em: 28 maio 2026.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. *Feijão: pré-produção*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2023b. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/pre-producao>. Acesso em: 28 maio 2026.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. *Feijão*. In: Agência Embrapa de Informação Tecnológica – AGEITEC. Brasília, DF: Embrapa, 2023c. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/pre-producao/morfologia>. Acesso em: 28 maio 2026.

EDWARDS, K.; JOHNSTONE, C.; THOMPSON, C. A simple and rapid method for the preparation of genomic DNA for PCR analysis. *Nucleic Acids Research*, v. 19, n. 6, p. 1349, 1991.

FERRO BISNETO, J. A.; TEIXEIRA, D. B.; PEREIRA, R. G.; CAVALCANTE, M.; SILVA JÚNIOR, J. B. Caracterização e divergência genética de variedades crioulas de feijão. *Diversitas Journal*, v. 7, n. 3, 2022. DOI: <https://doi.org/10.48017/dj.v7i3.2314> ([doi.org in Bing](#)).

FREITAS, B. B.; PAULETTO, D.; SOUSA, I. R. L. Crescimento inicial e biomassa de espécies utilizadas como adubação verde em sistema de aleias. *Revista Verde*, v. 15, p. 20–27, 2020. DOI: <https://doi.org/10.18378/rvads.v15i1.6458> ([doi.org in Bing](#)).

GARÉ, A. et al. Adubação verde como estratégia para o cultivo orgânico do feijoeiro. *Revista Agroecologia Hoje*, v. 12, n. 1, p. 22–35, 2020.

GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: SCHOONHOVEN, A.; VOYSEST, O. (Ed.). *Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT, 1991. p. 7–53.

HENRIQUE, L. A. V.; POLETINE, J. P.; BRONDANI, S. T.; BARELLI, M. A. A.; SILVA, V. P. Caracterização morfoagronômica e divergência genética de acessos de feijão-comum. *Journal of Agronomic Sciences*, v. 9, edição especial, p. 128–148, 2020.

HROMADOVÁ, Z.; MIKOLÁŠOVÁ, L.; BALÁŽOVÁ, Z.; VIVODÍK, M.; CHNÁPEK, M.; GALOVÁ, Z. Genetic diversity analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes using SCoT polymorphism. *Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences*, v. 12, n. 1, e5919, 2022. DOI: <https://doi.org/10.55251/jmbfs.5919>.

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. *Análise do tempo e clima*. Brasília: INMET. Disponível em: <https://portal.inmet.gov.br/dadoshistoricos>. Acesso em: 9 out. 2025.

IPGRI – International Plant Genetic Resources Institute. *Descriptors for Phaseolus vulgaris L.* Rome: IPGRI, 2001.

LEITE, P. H. M. P.; SILVA, V. P.; GILIO, T. A. S.; AZEVEDO, R. F.; OLIVEIRA, T. C. et al. Diversidade genética em cultivares e linhagens de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) utilizando análises multivariadas. *Revista Cultura Agronômica*, v. 28, n. 3, p. 268–279, 2019. DOI: <http://doi.org/10.32929/2446-8355.2019v28n3p268-279>.

LIMA, E. B.; ANDRADE, H. M. L. S.; ANDRADE, L. P. Desafios e estratégias utilizadas na conservação *on farm* de variedades crioulas de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) por agricultores familiares do Agreste Meridional de Pernambuco. *Revista Brasileira de Agroecologia*, v. 20, n. 4, 2025. DOI: <https://doi.org/10.33240/rba.v20i4.57555>.

LIMA FILHO, O. F.; AMBROSANO, E. J.; WUTKE, E. B.; ROSSI, F.; CARLOS, J. A. D. *Adubação verde e plantas de cobertura no Brasil: fundamentos e prática*. 2. ed. rev. e atual. Brasília: Embrapa, 2023. 586 p. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1153241>.

NAIR, J. R.; PANDEY, M. M. K. Role of molecular markers in crop breeding: a review. *Agricultural Reviews*, v. 45, n. 1, p. 52–59, 2024. DOI: <https://doi.org/10.18805/ag.R-2322>.

OLÍMPIO, S. O. et al. Caracterização fenotípica de acessos de feijão-comum no Espírito Santo através de descritores qualitativos. In: *Anais de Congresso*, 2023.

OLIVEIRA, T. C.; BARELLI, M. A. A.; SANTOS, A. A. C.; SIQUEIRA, T. A.; OLIVEIRA, A. J.; GALBIATI, C. Divergência genética em acessos de feijão comum através de características morfológicas. *Cuadernos de Educación y Desarrollo*, v. 15, n. 4, p. 3540–3555, 2023. DOI: <https://doi.org/10.55905/cuadv15n4-030>.

PAULA, E. de. *Segurança alimentar, conservação e caracterização morfoagronômica de germoplasma de feijão-comum no estado do Espírito Santo*. 2023. 79 f. Dissertação (Mestrado em Agroecologia) – Instituto Federal do Espírito Santo, Campus Alegre, ES, 2023.

PEREIRA, A. J.; GUERRA, J. G. M.; MOREIRA, V. F.; TEIXEIRA, M. G.; URQUIAGA, S.; POLIDORO, J. C.; ESPINDOLA, J. A. A. Desempenho agrônomo de *Crotalaria juncea* em diferentes arranjos populacionais e épocas do ano. *Comunicado Técnico*, n. 82. Seropédica: Embrapa Agrobiologia, 2005.

RAI, M. K. Start codon targeted (SCoT) polymorphism marker in plant genome analysis: current status and prospects. *Planta*, v. 257, p. 34, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00425-023-04067-6>.

RODRIGUES, J. V. O. Caracterização da diversidade genética do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do Rio de Janeiro utilizando a faseolina como marcador molecular. 2023. 23 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Ciências Biológicas) – Universidade Federal Fluminense, Niterói, RJ, 2023.

ROSSET, P. M.; ALTIERI, M. A. *Agroecologia: ciência e política para uma agricultura sustentável*. São Paulo: Expressão Popular, 2022.

SANTOS, G. G. Divergência genética e seleção de variedades locais e cultivares de feijão com base em descritores morfológicos, agronômicos, tecnológicos e minerais. 2020. 141 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, 2020.

SILVA, H. T. *Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (Phaseolus vulgaris L.)*. Documentos 184. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005.

SILVA, É. M.; SOUZA, R. S.; TORGA, P. P.; SOUZA, T. L. P. O.; RESENDE, M. P. M. Diversidade genética entre acessos de feijão-comum estimada com base em caracteres agronômicos. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2019. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/1122709/1/CNPAF-2019-jt-p.74>. Acesso em: 14 nov. 2024.

SILVA, P. C. Divergência genética, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na região Centro-Sul de Mato Grosso do Sul. 2022. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, MS, 2022.

SILVA, M. A.; LIMA, R. F. Biofertilizantes e adubação orgânica no cultivo do feijão. *Revista Brasileira de Agricultura Orgânica*, v. 10, n. 2, p. 55–66, 2022.

SILVEIRA, D. C.; MACHADO, J. M.; FACCIOLI, M. W. F.; TOLFO, A. M.; EICH, C. Diversidade genética de acessos de feijão crioulo na região Noroeste do Rio Grande do Sul. *Pesquisa Agropecuária Gaúcha*, v. 25, n. 1/2, p. 133–146, 2019. DOI: <https://doi.org/10.36812/pag.2019251/2133-146>.

VAVILOV, N. I. *The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants*. Chronica Botanica, v. 13, p. 1–366, 1931. Citado por DEBOUCK, 1991

VITAL, R.; ARAÚJO, M. A.; SILVA, G. D.; OLIVEIRA, L. G. S.; MENEZES, B. R. S.; SANTOS, M. H.; ARAÚJO, M. S. B.; PINTO, T. O. Variabilidade fenotípica em genótipos de feijoeiro-comum. Seropédica: Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, 2024. Disponível em: <https://cursos.ufrj.br/posgraduacao/ppgao/files/2025/03/Variabilidade-fenotipica-em-genotipos-de-feijoeiro-comum.pdf>. Acesso em: 15 jan. 2026.

YEKEN, M. Z.; EMIRALIOĞLU, O.; ÇIFTÇI, V.; BAYRAKTAR, H.; PALACIOĞLU, G.; ÖZER, G. Analysis of genetic diversity among common bean germplasm by start codon targeted (SCoT) markers. *Molecular Biology Reports*, v. 49, p. 3839–3847, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11033-022-07229-z>.

ZAMBOM, A. F.; OLÍMPIO, S. O.; CARVALHO, T. A.; FERREIRA, B. C.; CAMPOS, J. P. M. A.; RODRIGUES, V. A. P.; CANSIAN, J. C. J.; NUNES, R. A.; SOUZA NETO, J. D.; MOULIN, M. M. Estimativa da diversidade morfoagronômica de feijão (*Phaseolus vulgaris*) oriundos de diferentes regiões do Espírito Santo. *Revista Científica Multidisciplinar Núcleo do Conhecimento*, v. 10, p. 37885, 2023. DOI: <https://doi.org/10.37885/231014885>